



VIVIAN DAGNESI TIMPANI

**ARQUITETURA GENÉTICA DE
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E
REPRODUÇÃO EM BOVINOS DA RAÇA
NELORE**

LAVRAS - MG

2011

VIVIAN DAGNESI TIMPANI

**ARQUITETURA GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE
CRESCIMENTO E REPRODUÇÃO EM BOVINOS DA RAÇA NELORE**

Tese 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 Doutor.

Orientador

Dr. Tarcisio de Moraes Gonçalves

LAVRAS - MG

2011

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

Timpani, Vivian Dagnesi.

Arquitetura genética de características de crescimento e
reprodução em bovinos da raça Nelore / Vivian Dagnesi Timpani. –
Lavras : UFLA, 2011.

93 p. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2011.

Orientador: Tarcísio de Moraes Gonçalves.

Bibliografia.

1. Gado de corte. 2. Herdabilidade. 3. Genes de efeito principal.
4. Estatística bayesiana. I. Universidade Federal de Lavras. II.
Título.

CDD – 636.291

VIVIAN DAGNESI TIMPANI

**ARQUITETURA GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE
CRESCIMENTO E REPRODUÇÃO EM BOVINOS DA RAÇA NELORE**

Tese 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 Doutor.

APROVADA em 16 de agosto de 2010.

Dr. Antonio Ilson Gomes de Oliveira	UFLA
Dra. Thelma Safadi	UFLA
Dr. Julio Cesar de Carvalho Balieiro	FZEA/USP
Dr. Gerson Barreto Mourão	ESALQ/USP

Dr. Tarcisio de Moraes Gonçalves
Orientador

LAVRAS - MG

2011

*Aos meus pais, **Marlene Franci Dagnesi e Sergio Timpani** (in memoriam), por sempre estarem presentes em minha vida, iluminando e guiando meus caminhos.*

*Aos meus irmãos, **Karina e Mauricio**, pelo amor, apoio, incentivo, carinho e por sempre estarem ao meu lado, mesmo distante alguns quilômetros.*

DEDICO

*Aos meus amigos animais, **Pink, Stuart Little e Gegeu**, por estarem juntos de mim nas horas mais difíceis, aguentando meu mau humor ou me livrando dele.*

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

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

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Tarcisio de Moraes Gonçalves, pela ajuda neste trabalho.

Aos professores Joanir Pereira Eler e Jose Bento S. Ferraz, por proporcionarem as ferramentas necessárias à realização deste trabalho e por me mostrarem como o melhoramento genético animal é algo fascinante.

Ao pesquisador Marco Bink, por ter proporcionado as ferramentas computacionais necessárias para a realização deste trabalho.

Aos professores Julio César de Carvalho Balieiro, Antonio Ilson Gomes de Oliveira, Thelma Safadi e Gerson Barreto Mourão, pelas sugestões que tornaram melhor este trabalho.

Aos professores Priscila e Camisão, pelo apoio, quando necessário.

A minha avó Maria Aparecida e aos meus tios Guiomar e Mario, pelo amor que recebi nos grandes momentos da minha vida.

Ao meu cunhado Sergio e as minhas primas Deise, Marcela e Marise, pelos momentos de descontração e amizade.

Aos meus primos Douglas e Kátia, pelo apoio e amizade em Lavras, sempre que precisei.

À dona Helena, pelo carinho e cuidado que sempre teve comigo, com as minhas coisas e com Pink, Stuart e Gegeu.

Aos meus amigos Fernando, Luzia, Melissa, Carla, Raquel, Athayde, Rafael, Moacir, Beta, Fabrício e Fabio, que sempre me ouviram quando precisava desabafar, reclamar ou contar alguma coisa sobre mim ou simplesmente sair para balada nas noites de sexta-feira.

Aos colegas do Melhoramento Animal, Ana Luisa, Mary Ana, Julimar, Jairo, Marco Aurélio e Jose Rodolfo, pelos momentos de alegria e boas risadas, viagens, estudo e grandes aventuras vividas juntos.

*"Bom mesmo é ir à luta com determinação,
abraçar a vida com paixão,
perder com classe
e vencer com ousadia,
porque o mundo pertence a quem se atreve
e a vida é muito para ser insignificante"
(Charles Chaplin)*

RESUMO

Para estudar a arquitetura genética de características de crescimento e reprodução em bovinos da raça Nelore foram ajustados modelos genéticos alternativos para as características idade ao primeiro parto, ganho de peso em 345 dias, perímetro escrotal ao sobreano, peso ao desmame e musculosidade ao sobreano. Os dados são provenientes dos registros de animais da Agropecuária CFM Ltda. Adotou-se, para cada característica, um modelo específico com base nos efeitos que compunham as fontes de variação destas características. Os modelos ajustados aos dados foram: poligênico infinitesimal (MPI), poligênico finito (MPF) e combinado (MPF + MPI). Utilizou-se a 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)*, usando o pacote computacional FlexQTLTM. Observaram-se, para as características GP345 e PE18, no modelo combinado, boa convergência da cadeia e menores erros residuais, possibilitando análise genética confiável das características GP345 e PE18. Para as características MUSC18 e IPP, o modelo MPF foi o que apresentou o melhor ajuste. O mesmo não ocorreu para PD, tendo o modelo MPI sido o único a apresentar convergência da cadeia, indicando, neste caso, que a característica deve ser analisada de forma poligênica. Por meio das estimativas *a posteriori*, das probabilidades a posteriori e do fator de Bayes, detectou-se a presença de um gene de efeito principal (GEP) controlando a expressão da característica IPP, GP345 e PE18 e 15 GEPs para MUSC18. As herdabilidades, quando ajustado o modelo combinado para a característica GP345, foram de 0,04 para a fração poligênica e 0,07 para a oligogênica. A herdabilidade de 0,12 foi observada para PD quando ajustado o modelo MPI. Para IPP e MUSC18, as herdabilidades, quando ajustado o modelo MPF, foram de 0,14 e 0,68, respectivamente. Conclui-se que a análise genética da característica GP345 deve ser realizada ajustando-se, simultaneamente, efeitos oligogênicos e poligênicos (MPF+MPI); a característica PD deve ser analisada sob modelo poligênico infinitesimal (MPI) e existem genes de efeito principal segregando na população estudada para as características IPP, MUSC18, PE18 e GP345.

Palavras-chave: Gado de corte. Genes de efeito principal. Herdabilidade. Inferência bayesiana. Modelo poligênico finito.

ABSTRACT

With the objective of assessing the genetic architecture of growth and reproductive traits in Nellore cattle, alternative models were tested for genetic characteristics age at first calving, weight gain in 345 days, yearling scrotal circumference, weaning weight and yearling muscling. Data came from the records of 8,600 animals belonging to CFM Agropecuária Ltda. For each trait, a specific model was adopted based on the effects that made up the sources of variation of those characteristics. The models Finite Polygenic Model (FPM), Infinitesimal Polygenic Model (IPM) and Combined Model (FPM + PIM) were tested using Bayesian inference by using Markov Chain, Monte Carlo algorithms via Gibbs sampling and Reversible Jump sampler (Metropolis-Hastings), using the FlexQTLTM computational package to estimate variance components, heritability, existence and number of major genes. It was concluded that: for muscling traits and yearling age at first calving, the model fit and the finite polygenic model for weight gain in 345 days, the selected model was agreed. Evidence of major genes was found in these traits, and estimates of heritability for them should take into account the effect of MJs present. In the feature weight at weaning and yearling scrotal circumference, no evidence of major genes was found, indicating that the trait is polygenic. The results obtained with the fit of the proposed models suggest that there is evidence of major genes in the characteristics age at first calving, muscle gain and yearling weight in 345 days, and estimates of heritability of these characteristics should take into account the effect of MJs present.

Keywords: Beef cattle. Major genes. Heritability. Bayesian inference. Polygenic finitemodel.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

CAPÍTULO 1

- Figura 1 Representação gráfica do fluxo do gene (alelo A e alelo a) no pedigree de cinco indivíduos24

CAPÍTULO 3

- Gráfico 1 Distribuições marginais a posteriori para as herdabilidades estimadas com o modelo poligênico infinitesimal (MPI) para as características IPP, GP345, MUSC, PE e PD, em animais da raça Nelore94
- Gráfico 2 Distribuições marginais a posteriori para as herdabilidades estimadas para as características GP345 e PE18, em animais da raça Nelore, considerando os efeitos genético poligênico (à direita) e gene de efeito principal (à esquerda), quando ajustado o modelo combinado (MPI e MPF).....96

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 2

Tabela 1	Estatística descritiva das características estudadas na raça Nelore....	49
Tabela 2	Estimativas de componentes de variância e da herdabilidade para as características estudadas na raça Nelore.....	51

CAPÍTULO 3

Tabela 1	Interpretação dos fatores de Bayes (KASS; RAFTERY, 1995).....	82
Tabela 2	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) às observações das características estudadas em animais da raça Nelore.....	83
Tabela 3	Estimativas a posteriori do número de genes de efeito principal (NGEP) e respectivos tamanhos efetivos das cadeias (TECNGEP), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características PE18 e GP345 em animais da raça Nelore.....	85
Tabela 4	Probabilidades a posteriori para o número de GEPs, quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características PE18 e GP345 em animais da raça Nelore.....	87
Tabela 5	Fator de Bayes1 obtido quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características PE18 e GP345 em animais da raça Nelore.....	87
Tabela 6	Médias a posteriori para o efeito aditivo (a) e de dominância (d), e componentes de variância genética (σ_G^2), genética aditiva (σ_a^2), genética devido ao desvio de dominância (σ_d^2) quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características PE18 e GP345 em animais da raça Nelore.....	88
Tabela 7	Estimativas médias a posteriori das variâncias genética aditiva (σ_a^2) e de dominância (σ_d^2) analisadas por loco, sendo cada loco considerado com a presença de um gene de efeito principal (GEPs) afetando as características PE18 e GP345, quando ajustado o modelo combinado (MPF+MPI) às observações das características PE18 e GP345 em animais da raça Nelore.....	89
Tabela 8	Médias a posteriori para os componentes de variância poligênica (σ_{MPI}^2), oligogênica (σ_{MPF}^2), fenotípica (σ_P^2) e herdabilidades	

poligênica (h^2_{MPI}) e oligogênica (h^2_{MPF}), quando ajustados o modelo poligênico infinitesimal (MPI) e o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características estudadas em animais da raça Nelore.....92

SUMÁRIO

	CAPITULO 1 Considerações iniciais e revisão de literatura	15
1	INTRODUÇÃO GERAL	15
1.1	Características de crescimento em bovinos de corte	16
1.1.1	Peso ao desmame (PD)	16
1.1.2	Ganho de peso em 345 dias (GP345)	17
1.1.3	Musculosidade ao sobreano	18
1.2	Características de reprodução em bovinos de corte	19
1.2.1	Idade ao primeiro parto (IPP)	19
1.2.2	Perímetro escrotal ao sobreano (PE18)	20
1.3	Modelos genéticos alternativos	21
1.4	Genes de efeito principal	22
1.5	Análise de segregação	23
1.6	Modo de ação gênica	24
1.7	Metodologia clássica versus metodologia bayesiana	25
1.8	Software FlexqtlTM	27
	REFERÊNCIAS	30
	CAPITULO 2 Herdabilidade de características de crescimento e reprodução em bovinos da raça nelore	38
1	INTRODUÇÃO	40
2	MATERIAL E MÉTODOS	42
2.1	Dados	42
2.2	Manejo dos animais	42
2.3	Características analisadas	43
2.3.1	Características de desempenho	43
2.3.2	Características reprodutivas	44
2.3.3	Análises estatísticas	44
2.3.4	Arquivo de dados utilizado	45
2.3.5	Grupos de contemporâneos	45
2.3.6	Modelos estatísticos	46
2.3.7	Método estatístico	47
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	49
	CONCLUSÕES	56
	REFERÊNCIAS	57
	CAPITULO 3 Modelos genéticos alternativos para o estudo de características de crescimento e reprodução de bovinos da raça nelore	61
1	INTRODUÇÃO	64
2	MATERIAL E MÉTODOS	66
2.1	Dados	66

2.2	Manejo dos animais.....	66
2.3	Características analisadas	67
2.3.1	Características de desempenho	67
2.3.2	Características reprodutivas	68
2.3.3	Análises estatísticas	68
2.3.4	Arquivo de dados utilizado	69
2.3.5	Grupos de contemporâneos	69
2.3.6	Modelos ajustados	70
2.3.7	Estimação da herdabilidade	73
2.3.8	Distribuições adotadas a priori	75
2.3.9	Distribuição conjunta a posteriori	76
2.3.10	Estimação dos parâmetros estudados por inferência bayesiana	77
2.3.11	Análises computacionais a posteriori.....	78
2.3.12	Amostragem dos genótipos dos genes no MPF	79
2.3.13	Diagnóstico de convergência e seleção de modelos	80
2.3.14	Número de genes de efeito principal.....	81
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	83
3.1	Seleção de modelo	83
3.3.1	Genes de efeito principal (GEPS).....	85
3.3.2	Modo de ação gênica dos GEPS	88
3.3.3	Herdabilidades.....	90
4	CONCLUSÕES	98
	REFERÊNCIAS	99
	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	103

CAPITULO 1

Considerações iniciais e revisão de literatura

1 INTRODUÇÃO GERAL

As características de crescimento e reprodução, em bovinos de corte, estão diretamente ligadas aos custos de produção da atividade pecuária. A seleção, com base nas características de crescimento, é comum nos programas atuais de melhoramento genético.

As características reprodutivas, que são um dos principais fatores limitantes da eficiência produtiva dos rebanhos bovinos brasileiros (ELER et al., 1995; PEREIRA; ELER; FERRAZ, 2000) e as de escore visual devem ser incorporadas, mesmo que tardiamente, ao conjunto de características avaliadas no programa de seleção (BOLIGON; RORATO; ALBUQUERQUE, 2007a; OLIVEIRA, 2003).

As características ligadas ao desempenho produtivo e reprodutivo de bovinos são consideradas, atualmente, poligênicas, ou seja, são influenciadas por muitos genes com um pequeno efeito individual. Por esse motivo, a maioria das estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos encontrados na literatura é obtida por meio do ajuste do modelo poligênico infinitesimal, sob modelo animal

Outros modelos genéticos alternativos têm sido sugeridos por alguns pesquisadores (ASSIS et al., 2007; COSTA, 2008; GONÇALVES et al., 2005; LANDE, 1981; ROCHA et al., 2006; SANCHEZ et al., 2003). Ao ajustar o modelo poligênico finito, estes autores sugerem que poucos genes, chamados de genes de efeito principal (GEP), podem ser responsáveis por grande parte da variação fenotípica da característica. Esses genes de efeito principal, se

identificados, podem auxiliar na compreensão dos mecanismos de herança genética das características de interesse econômico em bovinos de corte e devem ser levados em consideração na estimação dos parâmetros genéticos.

Este trabalho foi dividido em quatro capítulos, de acordo com objetivos específicos. No primeiro capítulo são apresentadas uma revisão sobre as características estudadas e as metodologias empregadas na estimação dos componentes de variância e herdabilidade para estas características.

No capítulo II, foram estimadas as herdabilidades das características peso ao desmame, ganho de peso em 345 dias, musculosidade ao sobreano, idade ao primeiro parto e perímetro escrotal ao sobreano, empregando a metodologia clássica sob modelo animal.

No capítulo III, são estudados os ajustes de modelos genéticos para as características citadas além de se fazer a verificação da possibilidade da existência de genes de efeito principal (GEPs), a descrição do tipo de ação gênica dos GEPs e a estimação das herdabilidades das características estudadas, empregando-se metodologia bayesiana.

No capítulo IV, são apresentadas as considerações finais e as implicações deste trabalho.

1.1 Características de crescimento em bovinos de corte

1.1.1 Peso ao desmame (PD)

As características de crescimento, principalmente as medidas nas fases iniciais do desenvolvimento do animal, como peso ao desmame, podem ser bons critérios de seleção para o aumento da eficiência produtiva (FERRAZ FILHO et al., 2002).

Esta característica, medida em torno dos 205 dias de idade do animal, é determinada pela sua genética e pelos efeitos maternos, tais como ambiente materno intrauterino, produção de leite e habilidade materna da vaca, a que o bezerro foi submetido na primeira fase de vida (EVERLING et al., 2001; MARCONDES et al., 2000; MEYER, 1992; OLIVEIRA et al., 2002; PIMENTA FILHO et al., 2001).

Entre os fatores que determinam a expressão fenotípica de PD, a idade da mãe ao parto aparece como efeito significativo. Vacas com idade entre quatro e oito anos produzem bezerros com peso ao desmame maior que aquelas com idade abaixo de quatro anos e acima de oito anos, o que está associado à maior produção de leite nesta faixa de idade da vaca (FRIES, 2009; KIPPERT et al., 2003; OLIVEIRA et al., 2002; PIMENTA FILHO et al., 2001; SOUZA et al., 2002).

Na literatura, encontram-se estimativas de herdabilidade direta entre 0,14 a 0,35 e materna entre 0,06 e 0,39, nas raças zebuínas (ELER et al., 1995; FERRAZ FILHO et al., 2002; GARNERO et al., 2001; KARSBURG et al., 2004; KOURY FILHO, 2001; KOURY FILHO et al., 2002; PIMENTA FILHO et al., 2001; SOUZA et al., 2002; SPLAN et al., 2002).

Assim, as inclusões dos efeitos diretos e maternos, simultaneamente, podem, em longo prazo, gerar uma resposta maior, quando comparadas à seleção apenas para o efeito direto na característica peso ao desmame (ELER et al., 1995; EVERLING et al., 2001).

1.1.2 Ganho de peso em 345 dias (GP345)

Tradicionalmente, características de crescimento ponderal, que mostram o potencial e a velocidade de crescimento do animal, são incluídas nas avaliações genéticas no Brasil, possibilitando a seleção de animais mais

precoces. O período de pós-desmame é considerado, por muitos pesquisadores, uma fase importante para a avaliação genética dessas características em bovinos de corte, pois ele corresponde à fase próxima ao abate e não recebe influência direta dos efeitos maternos (BOLIGON et al., 2006, 2009; CARDOSO; CARDELLINO; CAMPOS, 2004; CUCCO et al., 2008).

O ganho de peso é uma característica que pode sofrer grande influência ambiental, dependendo da estação do ano em que ocorre a desmama, em relação à quantidade e à qualidade da pastagem disponível para alimentação (MASCIONI et al., 2000; PANETO et al., 2002).

Na literatura nacional, a herdabilidade para a característica ganho de peso em 345 dias encontra-se entre 0,16 e 0,25, para as raças zebuínas (BOLIGON et al., 2006, 2009; MARCONDES et al., 2000; MASCIONI et al., 2000; PANETO et al., 2002).

1.1.3 Musculosidade ao sobreano

A musculosidade (MUSC18) é uma característica que avalia o desenvolvimento da massa muscular do animal e mostra a composição do crescimento corporal e de acabamento do animal, relacionado à estrutura óssea e muscular, à forma do corpo e ao teor de gordura na musculatura do animal (CARDOSO; CARDELLINO; CAMPOS, 2004; WEBER et al., 2008).

Esta característica é obtida pela observação de alguns pontos do corpo do animal, tais como o antebraço, a paleta, o lombo, a garupa e o traseiro (KOURY FILHO, 2001), por meio do escore avaliação visual (FARIA et al., 2007b).

A avaliação do escore de musculosidade é uma medida subjetiva e mais efetiva em animais adultos (CARDOSO; CARDELLINO; CAMPOS, 2001; FARIA et al., 2007a; KOURY FILHO, 2005). O sistema de avaliação pelo

escore visual, que foi modificado recentemente, consiste na pontuação que varia de 1 a 6, em que cada animal avaliado é incluído em uma das seis categorias, levando em conta a cobertura muscular e a gordura (FARIA et al., 2007a).

Valores de herdabilidade encontrados na literatura para musculosidade ao sobreano estão entre 0,12 e 0,35, na raça Nelore (FORNI; FEDERICI; ALBUQUERQUE, 2007; KOURY FILHO, 2001; PEDROSA et al., 2008).

A inclusão da característica de escore de musculosidade ao sobreano pode ser uma alternativa para a identificação de animais com biótipo adequado para o mercado, levando a uma melhoria da qualidade, do rendimento de carcaça e da precocidade na terminação dos rebanhos bovinos de corte (KIPPERT et al., 2003; WEBER et al., 2008).

1.2 Características de reprodução em bovinos de corte

1.2.1 Idade ao primeiro parto (IPP)

A idade ao primeiro parto (IPP) é a característica reprodutiva medida nas fêmeas mais utilizada na avaliação da precocidade sexual de bovinos de corte. Esta característica é reflexo da idade à puberdade que, por sua vez, está relacionada com a velocidade de crescimento da fêmea.

Esta característica é obtida pela diferença entre a data do primeiro parto e a data de nascimento da fêmea que, nos rebanhos comerciais brasileiros, fica em torno de 35 a 47 meses (AZEVEDO et al., 2006; DIAS; EL FARO; ALBUQUERQUE, 2004; GUNSKI et al., 2001).

Porém, a seleção desta característica não é fácil e o efeito ambiental deve ser levado em consideração. A IPP é altamente dependente: da nutrição (quando inadequada, as vacas tendem a usar suas reservas corporais, afetando a eficiência reprodutiva), do sexo da cria (a gestação de crias do sexo masculino é

mais longa), da idade na qual as fêmeas são incorporadas à reprodução (a primeira exposição ao touro ou inseminação deve ser a partir dos 12 meses) e do manejo reprodutivo utilizado na fazenda (AZEVEDO et al., 2006; BOLIGON et al., 2009; DIAS; EL FARO; ALBUQUERQUE, 2004; GRESSLER et al., 2000; MERCADANTE; LÔBO; OLIVEIRA, 2000; PEREIRA et al., 2001).

As herdabilidades relatadas na literatura nacional, na raça Nelore, para esta característica, estão entre 0,08 e 0,21 (AZEVEDO et al., 2006; BOLIGON; ALBUQUERQUE; RORATO, 2008a; DIAS; EL FARO; ALBUQUERQUE, 2004; GRESSLER et al., 2005; PEREIRA et al., 2000).

A baixa herdabilidade dessa herdabilidade pode estar relacionada ao fato de que apenas as fêmeas que pariram na estação de monta e que foram expostas pela primeira vez em uma idade ou peso pré-determinado ou as que são consideradas férteis são utilizadas como fonte de informação nas avaliações. Por isso, parte da variabilidade existente na população é perdida ou mascarada nas estimativas de herdabilidade (AZEVEDO et al., 2006; BOLIGON et al., 2008; DIAS; EL FARO; ALBUQUERQUE, 2004; GRESSLER et al., 2000; PEREIRA et al., 2000b).

1.2.2 Perímetro escrotal ao sobreano (PE18)

Apesar de a seleção para perímetro escrotal não proporcionar benefícios econômicos diretos, sua correlação genética favorável com algumas características reprodutivas e de crescimento de importância econômica pode levar a ganhos, em longo prazo, na produtividade do rebanho (GIANLORENÇO et al., 2003; GRESSLER et al., 2000; PEREIRA; ELER; FERRAZ, 2000).

Na maioria dos trabalhos da literatura nacional, o perímetro escrotal é medido aos 18 meses, variando de 25 a 28 cm, com herdabilidade entre 0,31 a 0,52, para a raça Nelore (BOLIGON et al., 2006; BOLIGON; RORATO;

ALBUQUERQUE, 2007b; DIAS; EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003; GRESSLER et al., 2000; PANETO et al., 2002; PEREIRA; ELER; FERRAZ, 2000). No entanto, a seleção para perímetro escrotal resulta em animais com maior peso adulto, em consequência da correlação genética positiva existente entre essas duas características.

Por este motivo, Boligon et al. (2006), Dias, El Faro e Albuquerque (2003) e Everling et al. (2001) sugerem que o perímetro escrotal ao sobreano deve ser ajustado para idade ou peso do animal quando usado como critério de seleção, pois seria possível obter ganhos na precocidade sexual sem aumentar exageradamente o tamanho dos animais.

A seleção conjunta da precocidade sexual das fêmeas e o perímetro escrotal em machos podem ser alternativas eficientes para se obter progressos razoáveis na eficiência do sistema produtivo como um todo, pelo aumento do desempenho reprodutivo.

1.3 Modelos genéticos alternativos

A teoria predominante na genética quantitativa, chamada de modelo poligênico infinitesimal (MPI), diz que a expressão do fenótipo nas características de importância econômica deve-se a fatores genéticos ligados à expressão de muitos genes com efeito individual pequeno, chamados de poligenes e não genéticos (LANDE, 1981; MONTALDO; MEZA-HERRERA, 1998).

Como alternativa ao modelo MPI, tem sido proposto, por vários pesquisadores, um modelo genético alternativo, chamado de modelo poligênico finito (MPF). Nesse modelo, a característica possui poucos genes com o efeito individual grande sobre a expressão do fenótipo, chamados de genes de efeito principal (GEP) (ASSIS et al., 2007; BINK, 1998; COSTA, 2008;

GONÇALVES et al., 2005; LANDE, 1981; MONTALDO; MEZA-HERRERA, 1998; SANCHEZ et al., 2003).

Uma desvantagem do modelo poligênico infinitesimal, que tem motivado as pesquisas com o modelo poligênico finito (MPF), está relacionada à inclusão dos efeitos genéticos não-aditivos de dominância e epistasia na análise, que podem contribuir com a identificação e a utilização de genótipos específicos nos programas de seleção (DU; HOESCHELE, 2000).

Recentemente, o modelo poligênico finito (MPF) tem sido explorado, no melhoramento genético animal, para a estimação dos componentes de variância de populações em seleção (DU; HOESCHELE, 2000).

Assim, é importante verificar como a estimação dos componentes de variância é afetada quando a característica apresenta genes de efeito principal (ASSIS et al., 2007) e metodologias estatísticas para a detecção do GEPs baseadas na análise de segregação tem sido desenvolvidas no melhoramento animal (GONÇALVES et al., 2005).

1.4 Genes de efeito principal

A resposta à seleção, em curto prazo, nos genes de efeito principal, é maior nas características de baixa herdabilidade e o efeito de dominância não tem grande impacto neste caso. No entanto, esta resposta, para características que possuem GEP, está relacionada com o tamanho da variância genética na qual o GEP é responsável. Se este GEP estiver numa frequência baixa na população e a variância ambiental for bastante expressiva na característica, o efeito da segregação deste GEP pode não ser observado por testes estatísticos simples (CEMAL; KARACA, 2002; DEKKERS, 2009; MÄKI et al., 2004).

Não se sabe ao certo se a ação do gene de efeito principal (GEP) pode ser mascarada pela ação ambiental sobre a característica e pelo efeito aditivo e não aditivo dos poligenes que a compõem (HOESCHELE, 1988).

1.5 Análise de segregação

Vários métodos estatísticos foram desenvolvidos para identificar, quantificar e determinar o modo de ação gênica dos genes de efeito principal (GEPs), baseados no uso de marcadores moleculares.

No entanto, nas espécies animais, nem sempre é possível identificar os marcadores corretamente, em populações formadas a partir de vários animais fundadores e com uma estrutura complexa de *pedigree*, que incluem várias famílias e gerações, como é o caso das populações utilizadas nos programas de melhoramento genético animal (BINK et al., 2002).

Dessa forma, foi proposto, por Fernando, Stricker e Elston (1994), o método da análise de segregação complexa para identificação de GEPs, sem o uso de marcadores moleculares.

Esta metodologia se baseia no fato de que, numa característica influenciada pelos genes de efeito principal (herança oligogênica), os genótipos de um gene podem ser determinados conjuntamente, por meio dos alelos dos indivíduos fundadores e dos indivíduos não-fundadores, que devem ter pais conhecidos e presentes no *pedigree*, por meio dos indicadores de segregação (FERNANDO; STRICKER; ELSTON, 1994; GONÇALVES et al., 2005).

Os indicadores de segregação descrevem o fluxo do gene pelo *pedigree* da população, com base na configuração do alelo recebido por um dos pais, assumindo que a transmissão dos alelos obedeça às regras da herança mendeliana (BINK et al., 2008). Esse indicador determina a origem (paterna ou

materna) dos alelos dos indivíduos não-fundadores da população que estão em processo de seleção (BINK et al., 2002).

Na Figura 1, o indicador de segregação “0” indica o alelo herdado do pai e “1” indica o alelo herdado da mãe. Como exemplo, o indivíduo 5, com genótipo Aa, tem o indicador de segregação [0, 0], pois recebeu o alelo “A” do seu avô paterno e o alelo “a” do seu avô materno (BINK et al., 2002).

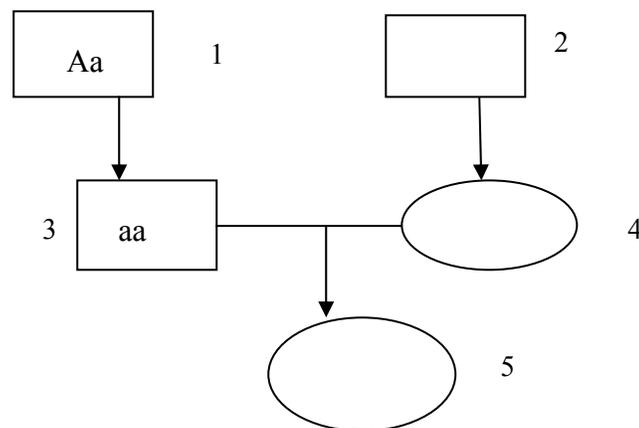


Figura 1 Representação gráfica do fluxo do gene (alelo A e alelo a) no *pedigree* de cinco indivíduos

1.6 Modo de ação gênica

Os efeitos dos genes na formação do fenótipo dependem do tipo de ação e interação que existe entre os alelos que compõem o genótipo (RAMALHO; SANTOS; PINTO, 1997). Basicamente, dois modos de ação gênica são importantes nas características de interesse econômico: o aditivo e o não-aditivo (PEREIRA, 2001).

Na ação gênica aditiva cada alelo que constitui o genótipo adiciona seu efeito ao fenótipo do indivíduo, independente dos outros alelos que compõem o genótipo (PEREIRA, 2001).

A ação gênica não-aditiva é composta pelo efeito de dominância e pelo efeito da epistasia. A dominância é uma interação que ocorre entre os alelos de um mesmo par de genes. Nesse tipo de ação gênica, um alelo (A), chamado de dominante, se sobrepõe ao outro alelo (a), chamado de recessivo.

A dominância completa é quando o homocigoto dominante (AA) e o heterocigoto (Aa) expressam o mesmo fenótipo. Na dominância incompleta, o fenótipo de heterocigoto é próximo ao fenótipo do homocigoto, porém, inferior em relação ao desempenho. Na sobredominância, o fenótipo do heterocigoto é superior ao fenótipo do homocigoto (PEREIRA, 2001).

A epistasia, outro modo de ação gênica não-aditiva, é uma interação que ocorre entre pares de genes diferentes. Neste caso, um par de genes, dependendo dos alelos que possui, influencia a expressão fenotípica dos outros pares de genes que compõem o genótipo da característica (PEREIRA, 2001).

1.7 Metodologia clássica *versus* metodologia bayesiana

O ponto principal da inferência estatística é a estimação dos parâmetros do modelo a partir de um conjunto de dados.

As diferenças, do ponto de vista prático, encontradas entre a metodologia clássica e a bayesiana, em relação à abordagem, de como as inferências dos parâmetros devem ser realizadas, são notáveis (BLASCO, 2001; ROBINSON, 1991).

A metodologia clássica consiste em observar como a estimativa do parâmetro se comporta, quando o mesmo experimento é repetido infinitas vezes. Com isso, a inferência sobre o parâmetro é feita por meio da distribuição do estimador utilizado e não do parâmetro propriamente dito (FARIA et al., 2007a).

Para a estatística clássica, o valor real do parâmetro é sempre fixo e as repetições ou amostras são aleatórias e a incerteza sobre o valor real do parâmetro (erro) é ignorada (BLASCO, 2001).

Nesta metodologia, as inferências baseiam-se no número de estimativas que estão distribuídas ao redor do valor parâmetro e espera-se que o intervalo contenha, em certa proporção das amostras (repetições), o valor real do parâmetro. Dessa forma, o resultado é dado em probabilidade e a estimativa do parâmetro em estudo é uma distribuição de densidade probabilística, em um determinado conjunto de dados (BLASCO, 2001; RESENDE et al., 2001).

Na metodologia bayesiana, o conceito de repetição não existe. A informação do parâmetro estudado é resumida pela maior probabilidade de o parâmetro assumir um determinado valor ou pela probabilidade de o valor do parâmetro estar dentro de certo intervalo (BLASCO, 2001; FARIA et al., 2007a).

Para a estatística bayesiana, a amostra (conjunto de dados) é fixa e o parâmetro é aleatório (BLASCO, 2001; FARIA et al., 2007a). A inferência bayesiana tem como característica essencial o uso da probabilidade para quantificar as incertezas, ou seja, o grau de confiança que o pesquisador tem sobre o valor do parâmetro (RESENDE et al., 2001; SAVIAN, 2008).

Gianola e Fernando (1986) foram os primeiros a propor a utilização da estatística bayesiana no melhoramento genético animal. A ideia destes autores teve como base o fato de que as pressuposições do método clássico (normalidade e não-viesado) poderiam ser irrelevantes para a classificação dos animais submetidos à seleção.

A abordagem clássica, representada atualmente no processo de seleção das espécies animais de interesse zootécnico pelo modelo misto, tem apresentado algumas limitações, como a necessidade de grande recurso computacional, a pressuposição da normalidade (nem todas as características

avaliadas têm esse tipo de distribuição), a construção de intervalos de confiança corretos (NOGUEIRA et al., 2003), além de se obter apenas alguns parâmetros da distribuição dos dados, tais como média, mediana e moda, que podem ser irrelevantes para a estimação dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos (FERNANDO; GIANOLA, 1986).

Algumas dessas limitações podem ser contornadas pela metodologia bayesiana. Por tratar os parâmetros como variável aleatória, ela permite obter intervalos de confiança utilizando-se métodos iterativos (método de Monte Carlo), quando a distribuição das amostras impedir a construção dos intervalos de confiança (NOGUEIRA et al., 2003).

No contexto bayesiano, o conceito do “viés”, que produz estimativas viciadas na estatística clássica, não existe porque o conceito de repetição do experimento não é aplicável a esta metodologia (BLASCO, 2001).

Além disso, a metodologia bayesiana requer um número menor de observações, pois o uso de probabilidade na inferência diminui a dependência das estimativas dos parâmetros em relação ao número de observações utilizadas (SILVA, 2006).

A inferência bayesiana tem a vantagem adicional de permitir a incorporação de informações anteriores (*a priori*) adquiridas antes da obtenção dos dados existentes sobre o parâmetro estudado, enriquecendo o processo de inferência (NOGUEIRA et al., 2003).

1.8 Software Flexqtl™

Para as análises por meio da metodologia bayesiana, foi utilizado o software FlexQTL™ (BINK, 2009).

A ideia básica deste software é identificar os genes de efeito principal (GEPs) pela análise de segregação, obtida por meio do *pedigree* da população avaliada (BINK, 2009).

O software foi desenvolvido com base nas teorias utilizadas para estudos genéticos de populações humanas. Atualmente, este software tem sido empregado em análises de *pedigrees*, simples ou complexos, de populações de plantas e animais, independente do grau de endogamia dessas populações (BINK, 2009).

O software FlexQTL™ é baseado na abordagem bayesiana e implementado por meio da simulação de Monte Carlo via Cadeia de Markov (MCMC) e assume que os genes avaliados são bialélicos e permitem a estimação dos efeitos aditivos e de dominância de cada GEP encontrado na característica.

Este software é bastante versátil, sendo utilizado para estimar o número e a localização dos QTLs, os componentes de variância dos poligenes, o número e os componentes de variância dos genes de efeito principal (GEPs) e, em análises multivariadas, para estimar as correlações genéticas existentes entre características de interesse econômico (BINK, 2009).

No arquivo de dados utilizado no FlexQTL™, a ordem das variáveis analisadas e dos efeitos incluídos no modelo é importante. Devem ser incluídos, em ordem: o animal, seu *pedigree* (pai e mãe), os efeitos não-genéticos e as covariáveis (*nuisance variables*) e a observação da característica avaliada. Permite a inclusão de até cinco efeitos não-genéticos e covariáveis no modelo de análise e um número ilimitado de animais (BINK, 2009).

Para não prejudicar o processamento dos dados pelo FlexQTL™, as observações perdidas da característica, as covariáveis e os efeitos não-genéticos devem ser marcados com um asterisco (*) e, no *pedigree*, pais e/ou mães desconhecidos devem ser zero.

O FlexQTL™ tem um ‘input’ em que são colocados todos os parâmetros que o programa deve utilizar na análise. Nesses parâmetros são incluídos: o número de efeitos não-genéticos e covariáveis do modelo; o número mínimo e máximo de GEPs; se o modelo analisado é o oligogênico, poligênico ou combinado; se deve ser incluída a análise de dominância; o número de iterações utilizadas e o intervalo de amostragem. O descarte amostral padrão do FlexQTL™ é 10% das amostras (BINK, 2009).

REFERÊNCIAS

- ASSIS, G. M. L. et al. Estimação de componentes de variância sob influência de genes de efeito principal, comparando-se metodologias Bayesiana e clássica sob diferentes cenários. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 36, n. 5, p. 1266-1274, set./out. 2007.
- AZEVÊDO, D. M. M. R. et al. Desempenho reprodutivo de vacas Nelore no Norte e Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 35, n. 3, p. 988-996, maio/jun. 2006.
- BINK, M. C. A. M. On flexible finite polygenic models for multiple-traits evaluation. **Biometrics**, Washington, v. 35, n. 3, p. 988-996, Mar. 1998.
- _____. **Software FlexQTL™**. Version 0.98. Wageningen, 2009. Disponível em: <<http://www.flexqtl.nl>>. Acesso em: 10 dez. 2009.
- BINK, M. C. A. M. et al. Bayesian analysis of complex traits in pedigree plant populations. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 1, p. 85-96, Jan. 2008.
- _____. Multiple QTL mapping in related plant populations via pedigree-analysis approach. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, n. 4, p. 751-762, Aug. 2002.
- BLASCO, A. The bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 79, n. 2, p. 2023-2046, Feb. 2001.
- BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; RORATO, P. R. N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 37, n. 4, p. 596-601, jul./ago. 2008.
- BOLIGON, A. A. et al. Associação genética entre idade ao primeiro parto, ganhos em peso e peso adulto em animais da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 46., 2009, Maringá. **Anais...** Maringá: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2009. 1 CD-ROM.
- _____. Herdabilidade para ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal ao sobreano e tendências genética e fenotípica para ganho de peso da desmama ao sobreano em bovinos Nelore-Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 35, n. 4, p. 1323-1328, jul./ago. 2006.

_____. Parâmetros genéticos para idade ao primeiro parto estimados por diferentes modelos para rebanhos da raça Nelore. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 2, p. 432-436, mar./abr. 2008.

BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N.; ALBUQUERQUE, L. G. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 36, n. 3, p. 565-571, maio/jun. 2007a.

_____. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 36, n. 3, p. 565-571, maio/jun. 2007b.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Componentes de (Co) variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 33, n. 2, p. 313-319, mar./abr. 2004.

_____. Componentes de (Co) variâncias e parâmetros genéticos para caracteres produtivos a desmama de bezerros Angus criados no estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 1, p. 41-48, jan./fev. 2001.

CEMAL, I.; KARACA, O. Effects of major genes on the distribution of quantitative traits. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Paris. **Anais...** Paris: GALP, 2002. 1 CD-ROM.

COSTA, A. L. L. **Análise genética da taxa de crescimento em músculo e de características de carcaça em um rebanho de suínos Large White**. 2007. 83 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

CUCCO, D. de C. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para ganho de peso entre 365 e 550 dias de idade na raça Pardo Suíço corte. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 45., 2008, Lavras. **Anais...** Lavras: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2008. 1 CD-ROM.

DEKKERS, J. C. M. **Optimizing strategies for selection on major genes**. Disponível em: <<http://www.animalgenome.org/edu/MAS/Dekkers/>>. Acesso em: 20 nov. 2009.

DIAS, L. T.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de herdabilidade para idade ao primeiro parto de novilhas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 33, n. 1, p. 97-102, jan./fev. 2004.

_____. Estimativas de herdabilidade para perímetro escrotal de animais da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 32, n. 6, p. 1878-1882, nov./dez. 2003.

DU, F. X.; HOESCHELE, I. Estimativas de herdabilidade para idade ao primeiro parto de novilhas da raça Nelore. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 76, n. 3, p. 187-198, 2000.

ELER, J. P. et al. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 73, n. 6, p. 3253-3258, June 1995.

EVERLING, D. M. et al. Estimação de herdabilidade e correlação genética para características de crescimento a fase de pré-desmama e medidas de perímetro escrotal ao sobreano em bovinos Angus-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 6S, p. 2002-2008, dez. 2001. Suplemento.

FARIA, C. U. et al. 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, fev. 2007a.

_____. **Utilização de escores visuais de características morfológicas de bovinos Nelore como ferramenta para o melhoramento genético animal**. Brasília: EMBRAPA Cerrados, 2007b. 37 p. (Documentos, 177).

FERNANDO, R. L.; STRICKER, C.; ELSTON, R. C. The finite polygenic mixed model: an alternative formulation for the mixed model inheritance. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 88, n. 3, p. 573-580, June 1994.

FERRAZ FILHO, P. B. et al. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos a desmama e pós-desmama de bovinos da raça tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 31, n. 2, p. 635-640, mar./abr. 2002.

FORNI, S.; FEDERICI, J. F.; ALBUQUERQUE, L. G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura a desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 36, n. 3, p. 572-577, maio/jun. 2007.

FRIES, L. A. **Efeito da idade da vaca sobre o peso a desmama em zebuínos.** Disponível em: <http://www.gensys.com.br/home/show_page.php?id=341>.

Acesso em: 6 nov. 2009.

GARNERO, A. D. V. et al. Comparação entre alguns critérios de seleção para crescimento na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 3, p. 714-718, maio/jun. 2001.

GIANLOREÇO, V. K. et al. Herdabilidade e correlações genéticas de características de machos e fêmeas em um rebanho bovino da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 32, n. 6, p. 1587-1593, nov./dez. 2003. Suplemento.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 63, n. 2, p. 217-244, Feb. 1986.

GONÇALVES, T. de M. et al. Comparação de diferentes estratégias para análise de características de crescimento e de carcaça de suínos cruzados: modelos finito e infinitesimal poligênico. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 34, n. 5, p. 1531-1539, set./out. 2005.

GRESSLER, M. G. de M. et al. Aspectos genéticos do peso à desmama e de algumas características reprodutivas de fêmeas Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 57, n. 4, p. 533-538, 2005.

GRESSLER, S. L. et al. Estudo das associações genéticas entre perímetro escrotal e características reprodutivas de fêmeas Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 2, p. 427-437, mar./abr. 2000.

GUNSKI, R. J. et al. Idade ao primeiro parto, período de gestação e peso ao nascimento na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 32, n. 1/2, p. 46-52, abr. 2001.

HOESCHELE, I. Statistical techniques for detection of major genes in animal breeding datas. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 76, n. 3, p. 311-319, June 1988.

KARSBURG, J. H. et al. Estimaco de componentes de variaco e parmetros genticos para caractersticas de crescimento e de carcaa em bovinos da raa Santa Gertrudes. In: SIMPSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004. 1 CD-ROM.

KIPPERT, C. J. et al. Estimativas de parmetros genticos entre pesos de animais da raa Nelore. In: REUNIO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003. 1 CD-ROM.

KOURY FILHO, W. **Anlise gentica de escores de avaliaes visuais e suas respectivas relaes com desempenho ponderal na raa Nelore.** 2001. 79 p. Dissertao (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, Pirassununga, 2001.

_____. **Escores visuais e suas relaes com caractersticas de crescimento em bovinos de corte.** 2005. 98 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2005.

KOURY FILHO, W. et al. Estimativas de herdabilidade e correlaes genticas entre escores de avaliaes visuais e caractersticas de desenvolvimento ponderal em um populao da raa Nelore. In: SIMPSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2002. 1 CD-ROM.

LANDE, R. The minimum number of genes contributing to quantitative variation between and within populations. **Genetics**, Austin, v. 99, n. 3, p. 544-553, 1981.

MKI, K. et al. An indication of major genes affecting hip and elbow dysplasia in four Finnish dog populations. **Heredity**, Washington, v. 92, n. 3, p. 402-408, June 2004.

MARCONDES, C. R. et al. Anlise de alguns critrios de seleo para caractersticas de crescimento na raa Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinria e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 52, n. 1, p. 234-241, jan. 2000.

MASCIOLI, A. S. et al. Estimativas de parmetros genticos e fenotpicos e anlise de componentes principais para caractersticas de crescimento na raa canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viosa, MG, v. 29, n. 6, p. 1654-1660, nov./dez. 2000.

MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, H. N. Estimativas de (co)variância entre características de reprodução e de crescimento em fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 4, p. 997-1004, jul./ago. 2000.

MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 31, n. 3/4, p. 179-202, Apr. 1992.

MONTALDO, H. H.; MEZA-HERRERA, H. Use of molecular markers and major genes in the genetic improvement of livestock. **Electronic Journal of Biotechnology**, Valparaíso, v. 1, n. 2, 1998. Disponível em: <http://www.scielo.cl/scielo.php?pid=S0717-34581998000200004&script=sci_arttext&tlng=em>. Acesso em: 2 maio 2010.

NOGUEIRA, D. A. et al. Análise clássica e bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 5, n. 2, p. 1614-1624, 2003. Edição Especial.

OLIVEIRA, C. A. L. de et al. Estimação de componentes de variância em características utilizando-se máxima verossimilhança restrita e inferência bayesiana. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2003, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: SBMA, 2003. 1 CD-ROM.

OLIVEIRA, F. F. et al. Avaliação de diferentes modelos na estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos de características de crescimento em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: SBMA, 2002. 1 CD-ROM.

PANETO, J. C. C. et al. Estudo de características quantitativas de crescimento dos 120 aos 550 dias de idade em gado nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 31, n. 2, p. 668-674, mar./abr. 2002.

PEDROSA, V. B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos do peso adulto e de características de escore visual em animais da raça Nelore. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008. 1 CD-ROM.

PEREIRA, E.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Correlação genética entre perímetro escrotal e algumas características reprodutivas na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 6, p. 1676-1683, nov./dez. 2000.

PEREIRA, E. et al. Análise genética da idade ao primeiro parto e do perímetro escrotal em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 53, n. 1, p. 123-133, 2001.

_____. Análise genética da idade ao primeiro parto na raça nelore. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2006, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: SBMA, 2000. 1 CD-ROM.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte: FPEMVZ, 2001. 555 p.

PIMENTA FILHO, E. C. et al. Estimativas de herdabilidade de efeitos direto e materno de características de crescimento de bovinos Guzerá, no estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 4, p. 1220-1223, jul./ago. 2001.

RAMALHO, M.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. 6. ed. São Paulo: Globo, 1997. 359 p.

RESENDE, M. D. V. et al. Análise de modelos lineares mistos via inferência bayesiana. **Revista de Matemática e Estatística**, Marília, v. 19, n. 1, p. 41-70, 2001.

ROBINSON, G. K. That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. **Statistical Science**, Ithaca, v. 1, n. 1, p. 15-51, 1991.

ROCHA, R. B. et al. Avaliação genética de características oligogênicas em programas de melhoramento de plantas. **Saber Científico**, Porto Velho, v. 1, n. 1, p. 267-277, 2006.

SANCHEZ, M. P. et al. Likelihood and Bayesian analyses reveal major genes affecting body composition, carcass, meat quality and the number of false teats in a Chinese European pig line. **Genetics Selection and Evolution**, Paris, v. 35, n. 2, p. 385-402, 2003.

SAVIAN, T. V. **Análise bayesiana para modelos de degradabilidade ruminal**. 2008. 81 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agropecuária) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

SILVA, F. F. **Análise bayesiana do modelo auto-regressivo para dados em painel:** aplicação na avaliação genética de touros da raça Nelore. 2006. 100 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agropecuária) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

SOUZA, J. C. et al. Estimativas de parâmetros genéticos dos pesos aos 205, 365 e 550 dias de idade em bovinos da raça Guzerá na micro-região de Araraquara. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: UFMT, 2002. 1 CD-ROM.

SPLAN, R. K. et al. Estimates of parameters between direct and maternal genetic effects for weaning weight and direct genetics effects for carcass traits in crossbred cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 80, n. 4, p. 3107-3111, Apr. 2002.

WEBER, T. et al. Tendências genéticas para escores de avaliação visual a desmama para uma população de bovinos de raça Aberdeen Angus. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008. 1 CD-ROM.

CAPITULO 2

Herdabilidade de características de crescimento e reprodução em bovinos da raça Nelore

RESUMO

Para promover o melhoramento genético dos rebanhos bovinos, torna-se necessário conhecer os parâmetros genéticos inerentes à característica desejada na população considerada. Características de crescimento e reprodução ganham destaque nos programas de seleção e acasalamento genético. Este trabalho foi realizado com o objetivo de obter estimativas de herdabilidade para as características idade ao primeiro parto (IPP), ganho de peso em 345 dias (GP345), perímetro escrotal ao sobreano (PE18), peso ao desmame (PD) e musculosidade ao sobreano (MUSC18) em bovinos da raça Nelore. Foram analisados dados provenientes dos registros de animais de três rebanhos da Agropecuária CFM Ltda., das safras dos anos 2000 a 2005. Foram gerados grupos de contemporâneos e aqueles contendo menos de 20 indivíduos para a característica IPP e abaixo de 80 para as MUSC18, PD, PE18 e GP345 foram retirados dos arquivos de análise utilizados. Adotou-se, para cada característica, um modelo específico com base nos efeitos fixos e covariáveis que compunham as fontes de variação dessas características. Para efeitos fixos foram considerados o grupo de contemporâneo, o efeito aleatório de animal e o efeito materno e de ambiente permanente. As covariáveis consideradas foram idade do animal a desmama, idade da mãe ao parto e idade do animal ao sobreano. As estimativas dos componentes de variância utilizados no cálculo das herdabilidades foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita, sob modelo animal, utilizando-se o aplicativo *MTDF*. As estimativas de herdabilidade direta para IPP, GP345, PE18, PD e MUSC18 foram, respectivamente, 0,08, 0,17, 0,36, 0,17 e 0,18. A herdabilidade materna para GP345 foi de 0,11 e, para PD, foi de 0,15. As características IPP, GP345, PD e MUSC18 estudadas neste trabalho, com exceção de PE18, podem apresentar baixa resposta à seleção devido à magnitude da herdabilidade observada. Na característica idade ao primeiro parto, a resposta à seleção será mais lenta em relação às outras características estudadas neste trabalho.

Palavras-chave: Herdabilidade. Nelore. Modelo animal.

ABSTRACT

With the objective of obtaining estimates of heritability for the traits age at first calving, weight gain in 345 days, yearling scrotal circumference, weaning weight and yearling muscling in Nellore cattle, we analyzed data from the records of animals belonging to CFM Ltda. Estimates of variance components used in the calculation of heritability were obtained by the method of restricted maximum likelihood under an animal model, using the application MTDF. For each feature, we adopted a specific model based on the effects that made up the sources of variation in those characteristics. For weaning weight, were considered in the model the contemporary group, random animal effect, maternal effects and permanent environmental effect; as covariates, age of dam and age of animal at weaning. In the study of weight gain in 345 days, were included in the model the contemporary group, random animal effect and maternal effects; as covariates, dam age at birth, animal age at weaning and yearling age. For traits age at first calving, yearling scrotal circumference and yearling muscling, the model consisted of the contemporary group and random animal effect. The direct heritability estimates for age at first calving, weight gain in 345 days, yearling scrotal circumference, weaning weight and yearling muscling were 0.08, 0.17, 0.36, 0.17 and 0.18, respectively. Maternal heritability for weight gain in 345 days was 0.11, and 0.15 for weaning weight. It was concluded that all the parameters except SC18 have low response to selection due to the magnitude of the observed heritability.

Keywords: Heritability. Nellore. Animal model.

1 INTRODUÇÃO

Para o planejamento adequado dos programas de melhoramento genético animal é necessário conhecer as propriedades genéticas que caracterizam a população avaliada (COSTA, 2008). Essas propriedades são obtidas por meio da estimação dos parâmetros genéticos das características utilizadas como critérios de seleção (FREITAS, 2000).

A precisão das estimativas dos parâmetros genéticos depende da estimação precisa dos componentes de variância que, por sua vez, dependem de diversos fatores, tais como o conjunto de dados utilizado na análise, o modelo estatístico e, principalmente, o método de estimação (COSTA, 2008; ELER, 1994; FREITAS, 2000).

As características ligadas ao desempenho produtivo e reprodutivo de bovinos de corte são consideradas poligênicas, ou seja, são influenciadas por muitos genes com um pequeno efeito individual. Por este motivo, a maioria das estimativas de componentes de variância e cálculo dos parâmetros genéticos, atualmente, é obtida pelo do modelo poligênico infinitesimal, por meio da metodologia clássica sob o modelo animal, que apresenta algumas vantagens sobre os outros métodos de estimação aplicados no melhoramento animal.

Nas equações do modelo misto, é incluída a matriz de parentesco, que permite a estimação do valor genético de um indivíduo, levando em conta a informação de todos os parentes. Também, por meio da inclusão da matriz de parentesco, o registro de cada indivíduo contribui para a avaliação de todos os seus parentes (com o peso adequado dado pela matriz de parentesco). Dessa forma, podem-se obter estimativas dos valores genéticos de todos os indivíduos, mesmo daqueles que não possuem registros.

Outra vantagem é que as variâncias e os resíduos obtidos são mínimos e, assim, a correlação entre valor real e valor estimado dos parâmetros genéticos é máxima, tornando as estimativas obtidas mais acuradas (IEMMA, 2003).

Nesta metodologia, estimam-se todos os efeitos fixos e aleatórios, simultaneamente, em um único procedimento de análise. É um processo iterativo e menos oneroso, em termos computacionais, porque utiliza algoritmos que não necessitam de derivação no processo de cálculo dos parâmetros estudados (COSTA, 2008; IEMMA, 2003).

Neste trabalho, o objetivo foi estimar as herdabilidades das características peso ao desmame, ganho de peso em 345 dias, musculosidade ao sobreano, idade ao primeiro parto e perímetro escrotal ao sobreano, empregando a metodologia clássica sob modelo animal.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Dados

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de três rebanhos de propriedade da Agropecuária CFM Ltda. Dois rebanhos estão localizados na parte nordeste do estado de São Paulo e o terceiro, na parte oeste do estado de Mato Grosso do Sul.

Os dados foram cedidos pela Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA) da Universidade de São Paulo (USP), sob responsabilidade dos professores Dr. Joanir Pereira Eler, Dr. José Bento Sterman Ferraz e Dr. Julio César de Carvalho Balieiro.

2.2 Manejo dos animais

Os touros e as novilhas foram mantidos em pastagem de alta qualidade, composta por cerca de 40% de *Brachiaria brizantha*, 50% de *Panicum maximum* e 10% de outras gramíneas, suplementadas com sal mineral (11% Ca, 6% P, 1% Mg, 4 % S, 16% Na, 0,15% Cu, 0,15% Mn, 0,45% Zn, 0, 015% I, 0, 007%Co, 0, 002% SE).

As fazendas possuem apenas uma estação de monta, que se inicia em novembro e termina em janeiro e os bezerros nascem entre agosto e dezembro, permanecendo com suas mães até os sete meses de idade.

No início da época de reprodução, todas as novilhas no rebanho foram expostas a touros aos 12 meses, independentemente do seu peso ou condição corporal. A proporção de fêmeas por touro era de cerca de 35:1. Todas as novilhas foram avaliadas para a gestação por palpação retal, aproximadamente 60 dias após o fim da época de reprodução. Novilhas que não conseguiram

emprenhar aos 14 meses foram mantidas até a estação de monta seguinte, sendo expostas aos dois anos de idade. Vacas com mais de dois anos que não conceberam ou com progênie com desempenho ruim foram descartadas.

Mais detalhes sobre o manejo dos animais são relatados no trabalho de Eler et al. (1995).

2.3 Características analisadas

Foram analisadas três características de desempenho e duas características de reprodução de bovinos de corte da raça Nelore.

2.3.1 Características de desempenho

- a) **Peso ao desmame (PD)**: peso medido no dia em que o bezerro é desmamado. Este peso é ajustado para 205 dias, independente da idade com que o bezerro foi desmamado.
- b) **Ganho de peso em 345 dias (GP345)**: compreende o ganho de peso do animal em um intervalo de 345 dias entre a medida do peso a desmama e a medida do peso ao sobreano. O ganho de peso em 345 dias é obtido pela equação

$$GP345 = (P18 - pd / dp) \times 345 \text{ dias}$$

em que

P18: peso ao sobreano;

pd: peso ao desmame;

dp: dias entre as medidas de peso ao desmame e peso ao sobreano.

- c) **Musculosidade ao sobreano (MUSC18):** esta avaliação é feita pela apalpação ou observação das seguintes partes do corpo do animal: região dorso-lombar, ísquios e costelas, cupim, pescoço, maçã do peito e inserção da cauda. O escore consiste em uma pontuação de um a seis. O avaliador observa o grupo de contemporâneos e estabelece o animal mediano que recebe o escore três e os animais extremos que recebem o escore um e seis para cada característica avaliada. Cada animal é avaliado individualmente e tem seu escore atribuído dentro do seu grupo de contemporâneos (FARIA et al., 2007).

2.3.2 Características reprodutivas

- a) **Idade ao primeiro parto (IPP):** esta característica é obtida pela diferença entre a data do primeiro parto e a data de nascimento da fêmea.
- b) **Perímetro escrotal ao sobreano (PE18):** é uma característica fácil de ser medida em campo com uma fita métrica em círculo colocada no saco escrotal do animal.

2.3.3 Análises estatísticas

As análises estatísticas foram conduzidas no Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), em Lavras, MG.

2.3.4 Arquivo de dados utilizado

A organização e a consistência da base de dados foram feitas por meio do programa SAS 9.1.3 (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE - SAS INSTITUTE, 1999).

No arquivo original havia animais provenientes das safras de 1997 a 2005. No entanto, foram retirados os animais com pai e mãe desconhecidos e animais que não tinham observações das características estudadas. Assim, o arquivo final para a análise continha informações de animais provenientes das safras de 2000 a 2005.

Os arquivos de dados originais tinham o registro de 397.851 animais, de onde foram retiradas 8.746 observações para PD, PE18 e MUSC18 peso ao desmame, perímetro escrotal ao sobreano e musculosidade ao sobreano; 8.741 observações para GP345 e 8.600 observações para IPP.

2.3.5 Grupos de contemporâneos

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados para cada uma das características analisadas. Os grupos de contemporâneos, contendo menos de 20 indivíduos para a característica IPP e abaixo de 80 para as MUSC18, PD, PE18 e GP345, foram retirados dos arquivos de análise utilizados.

Para as características PE18 e MUSC18, os grupos de contemporâneos foram formados por animais nascidos no mesmo rebanho, ano de nascimento, grupo de manejo do nascimento até o desmame e do desmame até os 18 meses de idade, perfazendo, assim, 57 GCs para PE18 e 112 GCs para MUSC18.

Para PD, os grupos de contemporâneos foram formados por animais nascidos no mesmo rebanho, ano de nascimento e grupo de manejo até o desmame, num total de 182GC.

Para IPP, fêmeas nascidas no mesmo rebanho e ano, grupo de manejo do nascimento à desmama e grupo de manejo da desmama aos 18 meses formaram os grupos de contemporâneos, perfazendo 20 GCs para esta característica.

Para GP345, os grupos de contemporâneos foram formados por animais que nasceram no mesmo rebanho, ano e estação de nascimento, sexo e grupo de manejo ao sobreano, num total de 114 GCs nesta característica.

2.3.6 Modelos estatísticos

Na estimativa dos componentes de variância e herdabilidade foram utilizados diferentes modelos para cada característica.

Para idade ao primeiro parto (IPP), o modelo estatístico incluiu o efeito fixo de grupo de contemporâneo ao sobreano e o efeito aleatório do animal.

Para perímetro escrotal ao sobreano (PE18) foram incluídos, como efeitos fixos, o grupo de contemporâneo e o efeito de ambiente permanente, os efeitos aleatórios do animal e materno e, como covariável, a idade da mãe ao parto.

Para peso ao desmame (PD), incluíram-se como efeito fixo o grupo de contemporâneo, os efeitos aleatórios de animal e materno e, como covariáveis, idade do animal ao desmame e idade da mãe ao parto.

Para ganho de peso em 345 dias (GP345), contemplaram-se como efeito fixo o grupo de contemporâneo, os efeitos aleatórios de animal e materno e, como covariáveis, idade do animal ao desmame e idade da mãe ao parto.

Para musculosidade ao sobreano (MUSC18), foram incluídos como efeitos fixos o grupo de contemporâneo e o efeito aleatório de animal e, como covariável, a idade do animal ao sobreano.

O modelo geral utilizado para descrever as características, em termos matriciais, foi

$$y = Xb + Z_1 a + Z_2 m + Z_3 c + \varepsilon \quad (1)$$

em que

y é o vetor das observações das características IPP, PE18, PD, GP345 e MUSC18;

X é a matriz de incidência do efeito fixo;

b é o vetor dos efeitos fixos considerados em cada característica analisada, NID $\sim (0, \sigma^2)$;

Z_1 é a matriz de incidência que relacionam as observações ao efeito aleatório genético direto;

a é o vetor dos efeitos aleatórios que representam o valor genético aditivo direto de cada animal, NID $\sim (0, \sigma_a^2)$;

Z_2 é a matriz de incidência que relaciona as observações ao efeito genético materno;

m é o vetor do efeito aleatório que representa o valor genético materno, NID $\sim (0, \sigma_m^2)$;

Z_3 é a matriz de incidência que relaciona as observações ao efeito de ambiente permanente;

c é o vetor de efeito aleatório não correlacionado (efeito de ambiente permanente), NID $\sim (0, \sigma_{pm}^2)$;

ε é o vetor dos erros associados a cada observação, NID $\sim (0, \sigma_e^2)$.

2.3.7 Método estatístico

Nas estimativas dos componentes de variâncias e herdabilidade feitas sob modelo animal utilizaram-se análises univariadas, pelo método da Máxima

Verossimilhança restrita, utilizando o aplicativo *Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood*, ou MTDFREML, descrito por Boldman et al. (1993).

Considerou-se que a convergência dos valores das herdabilidades foi atingida quando as variâncias da função de verossimilhança alcançaram um valor menor que 10^{-15} . O programa foi reiniciado, utilizando-se os valores obtidos na rodada anterior, até que esses valores fossem semelhantes em duas rodadas consecutivas.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os números de observações e as estimativas da média, desvio padrão, coeficiente de variação, mínimos e máximos, para as características avaliadas, são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 Estatística descritiva das características estudadas na raça Nelore

Características¹	N	Média	DP	CV%	Min	Máx
IPP	8.600	25,52	1,06	4,18	22,00	29,00
MUSC18	8.746	3,37	0,99	29,62	1,00	6,00
PE18	8.746	27,09	3,50	12,93	16,00	38,00
GP345	8.741	119,30	35,56	29,81	1,00	247,00
PD	8.746	207,91	25,24	12,14	77,00	294,00

¹IPP: idade ao primeiro parto (meses), MUSC18: musculosidade ao sobreano (escore visual); PE18: perímetro escrotal ao sobreano (cm); GP345: ganho de peso em 345 dias (kg); PD: peso ao desmame (kg)

As médias observadas para este rebanho são superiores à média dos rebanhos brasileiros, mostrando o efeito do programa de melhoramento genético utilizado pela empresa.

O valor médio para perímetro escrotal aos 18 meses foi de 27,09 cm. Garnero et al. (2001), trabalhando com animais da raça Nelore, encontraram valor superior para PE aos 18 meses, de 30,9 cm. Valores próximos ao deste trabalho foram encontrados por Boligon, Rorato e Albuquerque (2007) e Pereira, Eler e Ferraz (2001), de 26,88 e 27,75 cm, respectivamente, tendo ambos trabalhado com animais da raça Nelore.

Para a idade ao primeiro parto foi encontrada média de 25,52 meses, inferior aos valores encontrados na literatura, que ficaram em torno de 36 e 45 meses para fêmeas da raça Nelore (AZEVEDO et al., 2006; BOLIGON et al., 2008; MERCADANTE; LÔBO; OLIVEIRA, 2000). Isso pode ter ocorrido, pois

o manejo da fazenda permite que fêmeas mais novas (em torno de 14 meses) sejam colocadas na reprodução.

Quanto à característica peso à desmama, foi encontrada média de 207,91 kg, superior aos valores encontrados por Balieiro et al. (2008) e Rezende et al. (2004) que foram, respectivamente, 169,70 kg e 172,41 kg, ambos para animais da raça Nelore.

Trabalhando com animais da raça Nelore, Boligon et al. (2008) encontraram média para peso à desmama de 196,72 kg, valor este próximo ao encontrado neste trabalho, enquanto Ferraz Filho et al. (2002), trabalhando com animais da raça Tabapuã, encontraram média de 170,30 kg para o peso ao desmame, valor este menor que o encontrado no presente trabalho.

O ganho médio diário nos 345 dias foi de 0,346 kg, sendo este valor maior que os encontrados por Sarmiento et al. (2003), que observaram ganho de peso diário de 0,231 kg para ganho de peso da desmama ao ano e de 0,283kg do ano ao sobreano.

Quanto à musculosidade aos 18 meses, a média foi de 3,37, muito próximo ao citado por Koury Filho (2005), que foi de 3,11 em animais da raça Nelore, porém, trabalhando com uma escala de notas de 1 a 5. Cardoso, Cardellino e Campos (2001), trabalhando com animais da raça Angus ao desmame e com uma escala de notas que variava de 1 a 5, encontraram média para musculosidade de 2,79, enquanto Forni, Federici e Albuquerque (2007), trabalhando com animais da raça Nelore à desmama e também com uma escala de notas que variava de 1 a 5, encontram média de 3,06.

As estimativas dos componentes de variância e herdabilidade para as características estudadas são apresentadas na Tabela 2.

Tabela 2 Estimativas de componentes de variância e da herdabilidade para as características estudadas na raça Nelore

Características ¹	σ_p^2	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pm}^2	σ_e^2	σ_{am}	h_a^2	h_m^2
IPP	0,80	0,06			0,74		0,08	
MUSC18	0,67	0,12			0,55		0,18	
PE18	7,08	2,51			4,56		0,36	
GP345	419,75	73,44	46,29		294,73	5,29	0,17	0,11
PD	295,50	48,89	45,06	45,47	202,67	-46,6	0,17	0,15

¹IPP: idade ao primeiro parto (meses), MUSC18: musculosidade ao sobreano (escore visual); PE18: perímetro escrotal ao sobreano (cm); GP345: ganho de peso em 345 dias (kg); PD: peso ao desmame (kg)

σ_p^2 = variância fenotípica; σ_a^2 = variância do efeito genético aditivo; σ_m^2 = variância de efeito genético materno; σ_{pm}^2 = variância dos efeitos de ambiente permanente da vaca; σ_e^2 = variância dos efeitos residuais; σ_{am} = covariância entre o efeito genético direto e materno; h_a^2 = herdabilidade direta; h_m^2 = herdabilidade materna

A estimativa de herdabilidade para idade ao primeiro parto encontrada neste trabalho foi baixa (Tabela 2). Pereira, Eler e Ferraz (2001) encontraram herdabilidades semelhantes para a raça Nelore. Segundo esses autores, a inclusão de vacas sem observação de parição pode aumentar muito a variância residual, o que levou à diminuição da herdabilidade desta característica.

Em alguns trabalhos encontrados na literatura nos quais são relatadas baixas herdabilidades para idade ao primeiro parto, os autores concluíram que isso era devido à existência de pouca variabilidade genética aditiva no rebanho (SILVA; ALENCAR; FREITAS, 2000; TALHARI; ALENCAR; MASCIOLI, 2003). No entanto, o tipo de manejo reprodutivo praticado no rebanho pode influenciar as análises, principalmente quando as fêmeas são expostas pela primeira vez a uma determinada idade, levando em consideração o peso. O

descarte pode ocorrer quando a fêmea não atingiu o peso ideal e, caso este peso ideal não tenha sido alcançado por motivos genéticos, o descarte significa perda de variabilidade genética, portanto, influenciando diretamente na estimação de parâmetros genéticos da população.

Na literatura, os valores de herdabilidade para IPP em bovinos de corte são muito variáveis. Trabalhando com animais da raça Nelore, Mercadante (1995) encontrou herdabilidade de 0,28; Gressler (1998) relatou herdabilidade de 0,02; Azevêdo et al. (2006) encontraram herdabilidade igual a 0,21; Boligon, Rorato e Albuquerque (2007), herdabilidade de 0,14 e Mercadante, Lôbo e Oliveira (2000) encontraram herdabilidade direta de 0,28 para idade ao primeiro parto. Talhari, Alencar e Marcioli (2003) encontraram herdabilidade de 0,13 para a característica idade ao primeiro parto em animais da raça Canchim.

A precocidade sexual está intimamente relacionada com a precocidade de crescimento; animais mais precoces sexualmente tendem a ser mais precoces em crescimento, portanto, uma seleção em longo prazo para idade ao primeiro parto pode acarretar uma diminuição do peso à maturidade da raça, o que, de certa forma, proporcionará menor peso ao abate desses animais, podendo o produtor sofrer penalizações por parte do frigorífico. A seleção para IPP deve ser realizada com cautela, observando o comportamento das características de crescimento correlacionadas com a mesma.

Neste trabalho, o valor de herdabilidade para perímetro escrotal aos 18 meses foi de 0,30, valor este de moderada magnitude. Pereira, Eler e Ferraz (2001) encontraram herdabilidade maior que a deste trabalho, que foi de 0,51 para perímetro escrotal ao sobreano na raça Nelore e ainda encontraram correlações genéticas favoráveis com idade ao primeiro parto (-0,22) e outras características reprodutivas em fêmeas. Garnero et al. (2001), trabalhando com animais da raça nelore, encontraram herdabilidade direta de 0,36 para perímetro escrotal aos 550 dias. Trabalhando com animais da raça Nelore, Boligon, Rorato

e Albuquerque (2007) encontraram herdabilidades de 0,35 para perímetro aos 18 meses e também correlações genéticas entre perímetro escrotal e características reprodutivas favoráveis à seleção, mostrando ser possível obter ganho genético na eficiência reprodutiva das fêmeas, selecionando para o perímetro escrotal aos 18 meses nos machos. Everling et al. (2001), trabalhando com animais Angus x Nelore, encontraram herdabilidade de 0,21 para perímetro escrotal, valor este menor ao encontrado neste trabalho.

Barichello et al. (2007), trabalhando com animais da raça canchim, encontraram herdabilidade direta de 0,13 e materna de 0,07, para perímetro escrotal aos 12 meses de idade.

O valor de herdabilidade materna encontrado neste trabalho para perímetro escrotal foi de 0,77. Este valor demonstra grande variabilidade genética direta entre as vacas deste rebanho, o que contribuiu para um maior efeito materno sobre a característica PE18.

O peso à desmama apresentou herdabilidade direta de 0,17 e materna de 0,15 (Tabela 2). Na literatura, foram encontrados valores superiores para herdabilidade direta em peso à desmama. Everling et al. (2001), trabalhando com animais Angus x Nelore, encontraram herdabilidade direta de 0,23 para o peso à desmama e materna de 0,29. Boligon et al. (2008), trabalhando com animais da raça nelore, encontraram herdabilidade direta de 0,29 para o peso à desmama e herdabilidade materna de 0,09. Balieiro et al. (2008), trabalhando com animais da raça nelore, encontraram herdabilidade direta de 0,34 para peso à desmama.

A característica ganho de peso em 345 dias apresentou herdabilidade direta de 0,17 e herdabilidade materna de 0,11 (Tabela 2). Consideradas como herdabilidades de baixa a moderada magnitude, esta característica pode apresentar ganho genético, desde que seja trabalhada com intervalos de ganhos

menores, diminuindo o efeito de idade sobre a estimativa dos componentes de variância.

Sarmiento et al. (2003), trabalhando com animais da raça Nelore no estado da Paraíba, encontraram herdabilidade direta de 0,42 para ganho de peso dos 205 aos 365 dias, e de 0,21 para ganho de peso dos 365 aos 550 dias. Mascioli et al. (2000), trabalhando com a raça Canchim, encontraram herdabilidade direta de 0,20, tanto para ganho de peso à desmama ao ano como também para ganho de peso do ano ao sobreano, e correlação genética de 0,57 entre estas características. Paneto et al. (2002), trabalhando com animais Nelore, analisaram o ganho de peso nas seguintes fases: ganho de peso dos 120 aos 240 dias, dos 240 aos 365, dos 365 aos 455 e dos 455 aos 550 dias. As herdabilidades diretas encontradas foram de 0,32; 0,16; 0,21 e 0,23, respectivamente e herdabilidade materna de 0,13 para ganho de peso dos 120 dias aos 240 dias. Estes autores não incluíram efeito materno para os outros ganhos.

O valor da herdabilidade para a característica musculosidade aos 18 meses foi de 0,18, próximo ao encontrado por Cardoso, Cardellino e Campos (2001), que foi de 0,19, porém, trabalhando com animais Angus à desmama.

Na literatura, há muitos trabalhos com estimativas de herdabilidade para musculosidade na raça Nelore e os valores variam de 0,22 a 0,27 (KOURY FILHO, 2005; PEDROSA et al., 2008) para musculosidade ao sobreano. Estes valores são superiores ao estimado no presente trabalho.

Em trabalho realizado com a raça Angus, Cardoso, Cardellino e Campos (2004) encontraram herdabilidade direta de 0,26 para a musculosidade, valor superior ao encontrado neste trabalho e correlação genética de 0,66 entre a musculosidade e o ganho de peso pós-desmama, sugerindo que a seleção para ganho de peso pós-desmama acarreta um ganho genético correlacionado na musculosidade.

Forni, Federici e Albuquerque (2007) e Weber et al. (2008) encontraram valores de herdabilidade direta (0,12) e materna (0,06) para musculosidade à desmama em animais da raça Aberdeen Angus inferiores aos obtidos neste trabalho.

A grande variação entre as herdabilidades encontradas na literatura para MUSC18 pode ser justificada pela subjetividade de avaliação para esta característica. Isso pode ser explicado pelo fato de que cada programa de melhoramento define a escala de escores visuais utilizada, o grupo, a frequência de treinamento e a atualização dos avaliadores utilizados.

CONCLUSÕES

Todas as características estudadas neste trabalho, com exceção de PE18, podem apresentar baixa resposta à seleção devido à magnitude da herdabilidade observada.

Na característica idade ao primeiro parto, a resposta à seleção será mais lenta em relação às outras características estudadas neste trabalho.

Quanto maior variabilidade genética introduzida na análise por meio da população avaliada, mais precisa se torna a estimativa da herdabilidade.

REFERÊNCIAS

- AZEVÊDO, D. M. M. R. et al. Desempenho reprodutivo de vacas Nelore no Norte e Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 35, n. 3, p. 988-996, maio/jun. 2006.
- BALIEIRO, C. C. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para repelência, temperamento e características produtivas em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008. 1 CD-ROM.
- BARICHELO, F. et al. Estimativas de herdabilidade de peso, perímetro escrotal e escores de avaliação visual a desmama, em bovinos da raça Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: UNESP, 2007. 1 CD-ROM.
- BOLDMAN, K. G. et al. **A manual for use of MTDFREML**. Lincoln: Department of Agriculture-Agricultural Research Service, 1993. 120 p.
- BOLIGON, A. A. et al. Parâmetros genéticos para idade ao primeiro parto estimados por diferentes modelos para rebanhos da raça Nelore. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 2, p. 432-436, mar./abr. 2008.
- BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N.; ALBUQUERQUE, L. G. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 36, n. 3, p. 565-571, maio/jun. 2007.
- CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Componentes de (Co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 33, n. 2, p. 313-319, mar./abr. 2004.
- _____. Componentes de (Co)variâncias e parâmetros genéticos para caracteres produtivos a desmama de bezerros Angus criados no estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 1, p. 41-48, jan./fev. 2001.

COSTA, A. L. L. **Análise genética da taxa de crescimento em músculo e de características de carcaça em um rebanho de suínos Large White.** 2007. 83 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

ELER, J. P. **Utilização de modelos animais univariados e multivariados na avaliação genética de bovinos da raça Nelore.** 1994. 112 f. Tese (Livre-Docência em Melhoramento Genético Animal) - Universidade de São Paulo, Pirassununga, 1994.

ELER, J. P. et al. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 73, n. 6, p. 3253-3258, June 1995.

EVERLING, D. M. et al. Estimativas de herdabilidade e correlação genética para características de crescimento na fase de pré-desmama e medidas de perímetro escrotal ao sobreano em bovinos Angus - Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 6, p. 2002-2008, nov./dez. 2001.

FARIA, C. U. et al. **Utilização de escores visuais de características morfológicas de bovinos Nelore como ferramenta para o melhoramento genético animal.** Brasília: EMBRAPA Cerrados, 2007. 37 p. (Documentos, 177).

FERRAZ FILHO, P. B. et al. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos a desmama e pós-desmama de bovinos da raça tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 31, n. 2, p. 635-640, mar./abr. 2002.

FORNI, S.; FEDERICI, J. F.; ALBUQUERQUE, L. G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculosidade a desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 36, n. 3, p. 572-577, maio/jun. 2007.

FREITAS, A. R. Avaliação de procedimentos na estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 1, p. 94-102, jan./fev. 2000.

GARNERO, A. D. V. et al. Comparação entre alguns critérios de seleção para crescimento na raça nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 3, p. 714-718, maio/jun. 2001.

GRESSLER, S. L. **Estudo de fatores de ambiente e parâmetros genéticos de algumas características reprodutivas em animais da raça Nelore**. 1998. 149 f. Dissertação (Mestrado em Veterinária) - Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 1998.

IEMMA, M. **Uso do melhor preditor linear não viesado (BLUP) em análises dialélicas e predições de híbridos**. 2003. 92 p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2003.

KOURY FILHO, W. **Escores visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte**. 2005. 98 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2005.

MASCIOLI, A. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e análise de componentes principais para características de crescimento na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 6, p. 1654-1660, nov./dez. 2000.

MERCADANTE, M. E. Z. **Estudo das relações genético-quantitativas entre características de reprodução, crescimento e produção em fêmeas da raça Nelore**. 1995. 90 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 1995.

MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, H. N. Estimativas de (co)variância entre características de reprodução e de crescimento em fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 4, p. 997-1004, jul./ago. 2000.

PANETO, J. C. C. et al. Estudo de características quantitativas de crescimento dos 120 aos 550 dias de idade em gado nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 31, n. 2, p. 668-674, mar./abr. 2002.

PEDROSA, V. B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos do peso adulto e de características de escore visual em animais da raça Nelore. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008. 1 CD-ROM.

PEREIRA, E.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Análise genética de algumas características reprodutivas e suas relações com o desempenho ponderal na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 53, n. 6, p. 720-727, dez. 2001.

REZENDE, F. M. et al. Efeito do uso dos coeficientes de endogamia na estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004. 1 CD-ROM.

SARMENTO, J. L. R. et al. Efeitos ambientais e genéticos sobre o ganho em peso diário de bovinos nelore no Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 32, n. 2, p. 325-330, mar./abr. 2003.

SILVA, A. M. et al. Herdabilidades e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 6, p. 2223-2230, 2000. Suplemento.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. **User's guide**. Version 8.0. Cary, 1999. 1 CD-ROM.

TALHARI, F. M.; ALENCAR, M. M.; MASCIOLI, A. S. Correlações genéticas entre características produtivas de fêmeas em um rebanho da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 32, n. 4, p. 880-886, jul./ago. 2003.

WEBER, T. et al. Tendências genéticas para escores de avaliação visual a desmama para uma população de bovinos de raça Aberdeen Angus. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: UFSCar, 2008. 1 CD-ROM.

CAPÍTULO 3

Modelos genéticos alternativos para o estudo de características de crescimento e reprodução de bovinos da raça Nelore

RESUMO

É importante selecionar o melhor modelo para analisar geneticamente qualquer característica de interesse zootécnico. Com este objetivo, dados das características peso ao desmame (PD), ganho de peso em 345 dias (GP345), musculosidade ao sobreano (MUSC18), perímetro escrotal ao sobreano (PE18) e idade ao primeiro parto (IPP) foram submetidos à análise de segregação com o uso da inferência bayesiana. Os dados, relativos a bovinos da raça Nelore, foram obtidos a partir de três rebanhos da Agropecuária CFM Ltda. Os modelos poligênico infinitesimal (MPI), poligênico finito (MPF) e combinado (MPI+MPF) foram testados. 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)* usando o pacote computacional FlexQTL™. Foi selecionado o modelo mais adequado para a análise genética de cada característica, estimados os componentes de variância e verificados a presença e o tipo de ação gênica de genes de efeito principal (GEP) sobre as características estudadas. O modelo combinado foi selecionado para a análise genética das características PE18 e GP345, e o modelo MPI para a análise das características IPP, PD e MUSC18, pois estes modelos alcançaram convergência da cadeia, permitindo inferências confiáveis sobre os componentes de variância estimados. Verificou-se a presença de um GEP controlando a expressão da característica PE18 e dois GEPs para GP345. Para essas duas características, os GEPs detectados possuem modo de ação gênica do tipo sobredominância. As estimativas de herdabilidade encontradas, quando ajustado o MPI, para IPP, PE18, GP345, PD, e MUSC18, foram de 0,08, 0,21, 0,06, 0,07, 0,11 e 0,12, respectivamente. As herdabilidades, quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI) para a característica PE18, foi de 0,08 para a fração oligogênica e de 0,19 para a poligênica; para a característica GP345, foram de 0,04 e 0,07, respectivamente. A análise genética das características PE18 e GP345 deve ser realizada por meio de um modelo combinando os efeitos oligogênicos e poligênicos. As características IPP, PD e MUSC18 são

controladas por poligenes com efeito infinitesimal e devem ser analisadas sob modelo poligênico infinitesimal.

Palavras-chave: Arquitetura genética. Modelos poligênico infinitesimal. Modelo poligênico finito. Modelo combinado.

ABSTRACT

It is important to select the best model to genetically analyze any feature of interest in animal husbandry. With that goal, data characteristics on weaning weight (WW), weight gain in 345 days (WG345), yearling muscling (MUSC18), yearling scrotal circumference (SC18) and age at first calving (AFC) were submitted to segregation analysis with the use of Bayesian inference. The infinitesimal polygenic model (IPM), finite polygenic model (FPM) and combined model (IPM + FPM) were empirically tested. The most appropriate model was selected to analyze each trait, variance components were estimated, and the presence and type of gene action by major genes (MJs) on the studied traits was verified. The data on Nellore cattle were obtained from three herds belonging to CFM Agropecuária Ltda. The adopted methodology made use of Bayesian Markov Chain, Monte Carlo algorithms (MCMC) via Gibbs sampler and the reversible jump sampler (Metropolis-Hastings), using the FlexQTL computational package. FPM was selected to model the genetic analysis of traits AFC and MUSC18, the combined model (IPM + MP) was selected for SC18 and GP345, and the IPM model for the analysis of trait WW, because these models achieved chain convergence, enabling reliable inferences about the estimated variance components. Fitting the best model for each trait and considering the a posteriori probabilities and Bayes Factor, we verified the presence of a gene of major effect (GEP) with mode of action additive gene affecting the trait IPP, with 15 GEPs mode partial dominance gene action for MUSC18 two GEPs mode of gene action with partial dominance for the trait and SC18 GEPs with two modes of action of overdominance gene influencing the expression of GP345 feature. The heritability estimates for AFC and MUSC18 when adjusted model MPF, were 0.14 and 0.68, respectively. For DP, if adjusted the MPI model, the heritability was 0.11. The heritability, while the combined model set (MPF + MPI) for the characteristic SC18 was 0.08 for the fraction of 0.21 and oligogenic to polygenic; for characteristic GP345, were 0.04 and 0.07, respectively. The consistency of results obtained from the fit of the proposed models suggest that there is evidence of major genes affecting traits AFC, MUSC18, SC18 and GP345 that were regarded as a polygenic effect only. This study suggests that when calculating the heritability estimate for these traits, the effects of MJs should be considered in order to obtain true estimates of these heritabilities.

Keywords: Genetic architecture. Infinitesimal polygenic models. Finite polygenic model. Combined model.

1 INTRODUÇÃO

A variabilidade genética observada para as características quantitativas, atualmente, é analisada ao ser ajustado o modelo poligênico infinitesimal (MPI). No ajuste deste modelo, considera-se que muitos genes influenciam a expressão do fenótipo, cada um com um efeito igual e pequeno sobre a expressão da característica (BARO; ALCANTARA, 2009; CANTET; DYARTE; LEGUIZANOM, 2008).

Em complemento a esta teoria, modelos alternativos, como o modelo poligênico finito (MPF) e o modelo combinado, que associa os dois MPF e MPI, têm sido propostos para auxiliar no estudo da arquitetura genética de características de interesse econômico.

No ajuste do MPF considera-se que poucos genes, chamados de genes de efeito principal (GEP), com efeito relativamente importante, são responsáveis pela expressão fenotípica da característica (BINK, 2009; DU; HOESCHELE; GAGE-LAHTI, 1999; GONÇALVES et al., 2005).

No modelo combinado (MPF + MPI), é considerado que a característica é influenciada, simultaneamente, por GEPs e poligenes. Neste modelo, é possível quantificar a proporção da variação genética devido aos poligenes e aos GEPs, tornando a estimação dos componentes de variância mais flexível, robusta e acurada (BINK et al., 2002; COSTA, 2008; GONÇALVES, 2003).

Uma das razões que tornam a utilização desses modelos alternativos vantajosa é que o MPF e o modelo combinado permitem a inclusão, além da ação gênica aditiva, de efeitos genéticos não-aditivos, como dominância e epistasia, na estimação dos componentes de variância. Já no MPI, esses efeitos são dificilmente incluídos e, por vezes, são ignorados, devido à complexidade metodológica e computacional exigida neste processo (DU; HOESCHELE, 2000; DU; HOESCHELE; GAGE-LAHTI, 1999).

Os objetivos neste capítulo, empregando a metodologia bayesiana, foram: identificar o modelo genético que melhor se ajusta às observações das características peso ao desmame, ganho de peso em 345 dias, musculosidade ao sobreano, perímetro escrotal ao sobreano e idade ao primeiro parto de bovinos da raça Nelore; verificar a existência, o número provável e o tipo de ação gênica dos genes de efeito principal e estimar a herdabilidade das características estudadas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Dados

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de três rebanhos de propriedade da Agropecuária CFM Ltda. Dois rebanhos estão localizados no nordeste do estado de São Paulo e um no oeste do estado do Mato Grosso do Sul.

Os dados foram cedidos pela Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA) da Universidade de São Paulo (USP), sob responsabilidade dos professores Dr. Joanir Pereira Eler, Dr. José Bento Sterman Ferraz e Dr. Julio César de C. Balieiro.

Os touros e as novilhas foram mantidos em pastagem de alta qualidade, composta por cerca de 40% de *Brachiaria brizantha*, 50% de *Panicum maximum* e 10% de outras gramíneas, suplementados com sal mineral (11% Ca, 6% P, 1% Mg, 4 % S, 16% Na, 0,15% Cu, 0,15% Mn, 0,45% Zn, 0, 015% I, Co 0, 007%Co, 0, 002% SE).

2.2 Manejo dos animais

Nos rebanhos utilizados, os animais foram submetidos a apenas uma estação de monta, que se inicia em novembro e termina em janeiro, com nascimentos entre agosto e dezembro, e bezerros permanecendo com suas mães até os sete meses de idade.

No início da época de reprodução, todas as novilhas no rebanho foram expostas a touros aos 12 meses de idade, independentemente do seu peso ou condição corporal. A proporção de fêmeas por touro foi de cerca de 35:1. Todas as novilhas foram avaliadas para a gestação por palpação retal,

aproximadamente 60 dias após o fim da época de reprodução. Novilhas que não conseguiram emprenhar aos 14 meses foram mantidas até a estação de monta seguinte, quando foram expostas aos touros com dois anos de idade. Vacas com mais de dois anos que não conceberam ou com progênie com desempenho ruim foram descartadas.

Mais detalhes sobre o manejo dos animais podem ser encontrados no trabalho de Eler et al. (2006).

2.3 Características analisadas

Foram analisadas três características de desempenho e duas características ligadas à reprodução de bovinos de corte.

2.3.1 Características de desempenho

- a) **Peso ao desmame (PD):** peso medido no dia em que o bezerro é desmamado. Este peso é ajustado para 205 dias, independente da idade com que o bezerro foi desmamado.
- b) **Ganho de peso em 345 dias (GP345):** compreende o ganho de peso do animal em um intervalo de 345 dias entre a medida do peso à desmama e a medida do peso ao sobreano. O ganho de peso em 345 dias é obtido por meio da equação abaixo:

$$GP345 = (P18 - pd / dp) \times 345 \text{ dias}$$

em que

P18: peso ao sobreano;

PD: peso ao desmame;

dp: número de dias entre as medidas de peso ao desmame e peso ao sobreano.

- c) **Musculosidade ao sobreano (MUSC18)**: esta avaliação é feita pela apalpação ou observação das seguintes partes do corpo do animal: região dorso-lombar, ísquios e costelas, cupim, pescoço; maçã do peito e inserção da cauda. O escore consiste em uma pontuação de 1 a 6. O avaliador observa o grupo de contemporâneos e estabelece o animal mediano que recebe o escore 3 e os animais extremos que recebem os escores 1 e 6, para cada característica avaliada. Cada animal é avaliado individualmente e tem seu escore atribuído dentro do seu grupo de contemporâneos (FARIA et al., 2007).

2.3.2 Características reprodutivas

- a) **Idade ao primeiro parto (IPP)**: esta característica é obtida pela diferença entre a data do primeiro parto e a data de nascimento da fêmea.
- b) **Perímetro escrotal ao sobreano (PE18)**: é uma característica fácil de ser medida, em campo, com fita métrica, em círculo, colocada no saco escrotal do animal.

2.3.3 Análises estatísticas

As análises estatísticas foram conduzidas no Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Lavras (UFLA) em Lavras, MG.

2.3.4 Arquivo de dados utilizado

No arquivo original, havia animais provenientes das safras de 1997 a 2005. Foram retirados os animais com pai e mãe desconhecidos, e animais sem observações das características estudadas. Assim, após estas eliminações, o arquivo final para a análise continha informações de animais provenientes das safras de 2000 a 2005.

Os arquivos de dados originais possuíam os registros de 397.851 animais. Após as análises de consistência, foram retiradas 8.746 observações para PD, PE18 e MUSC18 peso ao desmame, perímetro escrotal ao sobreano e musculosidade ao sobreano; 8.741 observações para GP345 e 8.600 observações para IPP.

Toda a organização e a consistência da base de dados foram feitas por meio do programa SAS 9.1.3 (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE - SAS INSTITUTE, 1999).

2.3.5 Grupos de contemporâneos

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados para cada uma das características analisadas. Os grupos de contemporâneos, contendo menos de 20 indivíduos para a característica IPP e abaixo de 80 para as MUSC18, PD, PE18 e GP345, foram retirados dos arquivos de análise utilizados.

Para as características PE18 e MUSC18, os grupos de contemporâneos foram formados por animais nascidos no mesmo rebanho, ano de nascimento, grupo de manejo do nascimento até o desmame e do desmame até os 18 meses de idade, perfazendo, assim, 57 GCs para PE18 e 112 GCs para MUSC18.

Para PD, os grupos de contemporâneos foram formados por animais nascidos no mesmo rebanho, ano de nascimento e grupo de manejo até o desmame, num total de 182 GC.

Para IPP, fêmeas nascidas no mesmo rebanho e ano, grupo de manejo do nascimento à desmama e grupo de manejo da desmama aos 18 meses formaram os grupos de contemporâneos, perfazendo 20 GCs para esta característica.

Para GP345, os grupos de contemporâneos foram estabelecidos por animais que nasceram no mesmo rebanho, ano e estação de nascimento, sexo e grupo de manejo ao sobreano, num total de 114 GCs nesta característica.

2.3.6 Modelos ajustados

Para idade ao primeiro parto (IPP), o modelo incluiu os efeitos de grupo de contemporâneo e o efeito aleatório do animal.

Para perímetro escrotal ao sobreano (PE18) foram incluídos os efeitos materno, permanente, grupo de contemporâneo e idade da mãe, e o efeito aleatório do animal.

Para peso ao desmame (PD), incluíram-se efeito materno, grupo de contemporâneo, idade da mãe e idade à desmama e o efeito aleatório do animal.

Para ganho de peso em 345 dias (GP345), contemplaram-se os efeitos materno, idade da mãe, idade à desmama e o grupo de contemporâneo, e o efeito aleatório do animal.

Para musculosidade ao sobreano (MUSC18), os efeitos de grupo de contemporâneo, idade do animal ao sobreano, e o efeito aleatório de animal foram incluídos no modelo.

Para descrever as observações foram efetuadas análises unicaracterísticas, utilizando-se os seguintes modelos lineares na forma matricial:

a) **Modelo poligênico infinitesimal (MPI):**

Neste modelo, assumiu-se o efeito poligênico infinitesimal:

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

em que

$\underset{\sim}{y}$ é o vetor das observações das características estudadas;

X é a matriz de incidência dos efeitos não-genéticos, que conecta os fenótipos aos efeitos não genéticos;

$\underset{\sim}{\beta}$ é um vetor contendo a média geral (μ) e todos os efeitos não-genéticos, como grupo de contemporâneo, idade ao desmame, idade aos 18 meses, idade da mãe, efeito materno e efeito de meio ambiente permanente afetando as características de interesse;

W é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios genéticos diretos, conecta os fenótipos aos poligenes;

W é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios genéticos diretos, conecta os fenótipos aos poligenes;

$\underset{\sim}{u}$ é o vetor dos efeitos aleatórios dos valores genéticos diretos do animal

$\underset{\sim}{e}$ é o vetor dos erros associados a cada observação.

b) **Modelo poligênico finito (MPF):**

Um total de quinze locos foi considerado. Para se ajustar um número finito de locos poligênicos não ligados a marcadores moleculares, mas ligados à covariância genética entre os membros do pedigree, a estimativa dos componentes de variância foi feita utilizando-se o modelo:

$$\underset{\sim}{y} = X \underset{\sim}{\beta} + \sum_K^{N_{GEP}} Z_{GEP} \alpha_{GEP,k} + \underset{\sim}{e} \quad (2)$$

em que

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

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 pode ser inferida a partir do *pedigree* e fenótipo. É assumido que o loco de GEP seja bialélico, permitindo três genótipos distintos (AA, Aa e aa) e tendo valores genotípicos iguais a $+\alpha$, δ e $-\alpha$, respectivamente. As variáveis α e δ representam os efeitos aditivos e de dominância de um único gene. A dimensão da matriz 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 a partir dos dados analisados;

$\alpha_{GEP,k}$ é um vetor bidimensional $[a_k d_k]^T$ para o k 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):

$$\underset{\sim}{y} = X \underset{\sim}{\beta} + W \underset{\sim}{u} + \sum_K^{N_{GEP}} Z_{GEP} \alpha_{GEP,k} + \underset{\sim}{e} \quad (3)$$

em que todos os efeitos são definidos como anteriormente nos modelos (a e b).

2.3.7 Estimação da herdabilidade

Para o modelo poligênico infinitesimal (MPI), a herdabilidade para cada característica foi calculada por:

$$h_{MPI}^2 = \frac{\sigma_{MPI}^2}{\sigma_{MPI}^2 + \sigma_{GC}^2 + \sigma_{EA}^2 + \sigma_e^2} \quad (4)$$

em que

σ_{MPI}^2 é a variância do modelo poligênico infinitesimal;

σ_{GC}^2 é a variância devido ao efeito de grupo de contemporâneos;

σ_{EA}^2 é a soma das variâncias devido a outros efeitos incluídos no modelo, dependendo da característica estudada, podendo ser idade ao desmame, idade aos 18 meses, idade da mãe, efeito materno e efeito de meio ambiente permanente afetando as características de interesse;

σ_e^2 é a variância do erro.

No modelo poligênico finito (MPF), a herdabilidade para cada característica foi calculada por:

$$h_{MPF}^2 = \frac{\sigma_{MPF}^2}{\sigma_{MPF}^2 + \sigma_{GC}^2 + \sigma_{EA}^2 + \sigma_e^2} \quad (5)$$

em que

σ_{MPF}^2 é a variância do modelo poligênico finito;

σ_{GC}^2 é a variância devido ao efeito de grupo de contemporâneos;

σ_{EA}^2 é a soma das variâncias devido a outros efeitos incluídos no modelo, dependendo da característica estudada, podendo ser idade ao desmame,

idade aos 18 meses, idade da mãe, efeito materno e efeito de meio ambiente permanente afetando as características de interesse;

σ_e^2 é a variância do erro.

Quando ajustado o modelo combinado (MPI+MPF), dois valores de herdabilidade para cada característica foram obtidos, um da fração poligênica (h_{MPI}^2) e outro da oligogênica (h_{MPF}^2):

$$h_{MPI}^2 = \frac{\sigma_{MPI}^2}{\sigma_{MPI}^2 + \sigma_{MPF}^2 + \sigma_{GC}^2 + \sigma_{EA}^2 + \sigma_e^2} \quad (6)$$

$$h_{MPF}^2 = \frac{\sigma_{MPF}^2}{\sigma_{MPI}^2 + \sigma_{MPF}^2 + \sigma_{GC}^2 + \sigma_{EA}^2 + \sigma_e^2} \quad (7)$$

em que

σ_{MPI}^2 é a variância do modelo poligênico infinitesimal;

σ_{MPF}^2 é a variância do modelo poligênico finito;

σ_{GC}^2 é a variância devido ao efeito de grupo de contemporâneos;

σ_{EA}^2 é a soma das variâncias devido a outros efeitos incluídos no modelo, dependendo da característica estudada, podendo ser idade ao desmame, idade aos 18 meses, idade da mãe, efeito materno e efeito de meio ambiente permanente afetando as características de interesse;

σ_e^2 é a variância do erro.

2.3.8 Distribuições adotadas a priori

Para as variáveis não genéticas, como idade ao desmame, idade aos 18 meses, idade da mãe, efeito materno e efeito de meio ambiente permanente afetando as características de interesse, assumiu-se, a *priori*, que as mesmas seguem uma distribuição normal e independentemente distribuída (NID $\sim (0, \sigma^2)$).

No caso da média geral, a média da distribuição Normal foi dependente dos dados, $\hat{\mu} = \bar{y} = \frac{1}{n} \sum_i^n y_i$. 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 Azevedo Júnior (2010) e Costa (2008):

$$u \mid A\sigma_u^2 \sim N(0, A\sigma_u^2) \quad (8)$$

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, quem a 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,

$$p(\alpha) \sim N(0, \sigma_{\alpha(N_{GEP})}^2) \quad (9)$$

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 (AZEVEDO JÚNIOR, 2010; COSTA, 2008).

Considerou-se o número de GEP (N_{GEP}) como sendo uma variável aleatória e sua distribuição foi inferida por meio dos dados (*Reversible Jump Sampler* - Metropolis-Hastings). Presumiu-se a distribuição de Poisson (truncada) com média λ com um máximo predefinido ($N_{GEP} = 15$) para os modelos 2 e 3.

A variância explicada por todos os GEPs é calculada como

$$\sum_j^{N_{GEP}} 2(f_{\alpha_j}(1-f_{\alpha_j})\alpha_j^2) \quad (10)$$

em que é assumido que a população fundadora está em equilíbrio de Hardy-Weinberg (FALCONER, 1989).

2.3.9 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):

$$\underbrace{p(\theta, f_{\alpha}, N_{GEP}, Z | y, P)}_{1^{\circ}} \propto \underbrace{p(y | \theta, Z)}_{2^{\circ}} \underbrace{p(Z | f_{\alpha}, N_{GEP}, P) p(\theta, N_{GEP})}_{3^{\circ}} \quad (11)$$

em que o primeiro termo é a distribuição condicional do fenótipo dado todos os termos desconhecidos dos modelos (1), (2) e (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 *a priori* das variáveis do modelo.

2.3.10 Estimação dos parâmetros estudados por inferência bayesiana

Considerou-se $p(\theta, y)$ (Equações 12 e 13) 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 dado os dados e a distribuição dos dados dado os parâmetros. Assim, a distribuição da probabilidade conjunta de θ e y é:

$$p(\theta, y) = p(y)p(\theta | y) \quad (12)$$

$$p(\theta, y) = p(\theta)p(y | \theta) \quad (13)$$

A combinação de (12) e (13) leva a $p(\theta | y) = p(\theta)p(y | \theta) / p(y)$. A distribuição condicional dos dados, $p(y)$ após a observação dos dados, é uma constante fixa e a distribuição condicional se torna proporcional a

$$p(\theta | y) \propto p(\theta)p(y | \theta) \quad (14)$$

Essa equação (14) é conhecida como o teorema de Bayes, no qual a probabilidade *a posteriori* é proporcional ao produto da probabilidade *a 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, amostras da distribuição condicional foram geradas pelo método de Monte Carlo por via da Cadeia de Markov (MCMC). 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, 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 1.000.000. O período de descarte amostral foi de 100 mil ciclos (amostras). A cada 10 ciclos, a amostra foi salva. Portanto, foram aproveitadas para análise 90 mil amostras das distribuições *a posteriori* dos parâmetros. Na aplicação desta metodologia bayesiana, utilizou-se o software FlexQTLTM (BINK, 2009).

2.3.11 Análises computacionais a posteriori

Estimativas de alguns parâmetros das distribuições *a posteriori* estão sujeitas 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.

Considerando n amostras (possivelmente correlacionadas) a partir da 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 é 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 idéia do efeito da autocorrelação dos valores gerados pelo Amostrador de Gibbs pode ser obtida por meio do cálculo do tamanho efetivo da cadeia

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

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

2.3.12 Amostragem dos genótipos dos genes no MPF

Os genótipos para um loco foram determinados conjuntamente por meio dos 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 (AZEVEDO JÚNIOR, 2010; COSTA, 2008; GONÇALVES, 2003). Os indicadores de segregação descrevem unicamente o fluxo gênico através do

pedigree e a implementação foi similar à descrita por Bink et al. (2002) e Uimari e Sillanpää (2001).

2.3.13 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 depende da qualidade e da quantidade de informações (dados) disponíveis, na ausência dessas, a inferência a *posteriori* será reflexo dos conhecimentos a *priori* (AZEVEDO JÚNIOR, 2010).

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 (AZEVEDO JÚNIOR, 2010; 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 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 uma certa região, dando a impressão de convergência, e então passa para uma 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 (AZEVEDO JÚNIOR, 2010; COSTA, 2008).

Em geral, é aconselhável gerar cadeias muito longas para poder conseguir a convergência. Adotou-se como critério de convergência o tamanho efetivo da cadeia (TEC) acima de 100, pois, segundo Sorensen, Andersen e Gianola (1995), este é um número suficientemente grande para alcançar a convergência.

2.3.14 Número de genes de efeito principal

Considerou-se o número de GEP (N_{GEP}) como sendo uma variável aleatória e sua distribuição foi inferida por meio dos dados (*Reversible Jump Sampler* - Metropolis-Hastings), similar ao que foi feito nos trabalhos de Azevedo Júnior (2010), Bink et al. (2002), Costa (2008) e Gonçalves (2003).

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

O fator de Bayes (KASS; RAFTERY, 1995) corresponde à relação das probabilidades do número de GEPs no modelo influenciando uma característica em questão (exemplo: o resultado positivo do quociente das probabilidades de um e dois GEPS considerado no modelo influenciando a característica confirma a evidência do número de GEPS correspondente ao numerador. Caso negativo, o denominador é o número de GEPs responsável pela variação na característica) (AZEVEDO JÚNIOR, 2010; COSTA, 2008).

Tabela 1 Interpretação dos fatores de Bayes (KASS; RAFTERY, 1995)

Valor do fator de Bayes¹	Evidência do N_{GEPs}
0,0-2,0	BAIXO
2,0-5,0	POSITIVO
5,0-10,0	FORTE
>10,0	DECISIVO

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

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, foi proposto que todas as variáveis no modelo foram atualizadas (AZEVEDO JÚNIOR, 2010; COSTA, 2008).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Seleção de modelo

Na **Tabela 2** estão apresentados os componentes da variância a *posteriori* e respectivos tamanhos efetivos das cadeias (TEC), quando ajustados os modelos MPI, MPF e o combinado (MPF + MPI) às observações das características IPP, MUSC18, PE18, GP345 e PD.

Tabela 2 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) às observações das características estudadas em animais da raça Nelore

Característica ¹	Modelo	Componentes ²		
		$\sigma_{MPI}^2(TEC)$	$\sigma_{MPF}^2(TEC)$	$\sigma_r^2(TEC)$
IPP	MPI	0,116 (475)	--	0,717 (621)
	MPF*	--	0,308 (72)*	0,499 (66)*
	MPF+MPI	0,025 (26)	3,464 (5)	0,001 (541)
PE18	MPI	2,613 (3104)	--	4,284 (3597)
	MPF	--	3,072 (243)	3,492 (41)
	MPF+MPI	2,315 (1123)	0,944 (176)	3,420 (314)
GP345	MPI	88,262 (1307)	--	329,471 (2149)
	MPF	--	147,857 (62)	259,236 (32)
	MPF+MPI	103,991 (1185)	54,014 (4081)	243,506 (2067)
PD	MPI	94,703 (1287)	--	235,986 (1489)
	MPF	--	160,793 (141)	134,240 (85)
	MPF+MPI	62,979 (94)	132,134 (25)	122,265 (7)
MUSC18	MPI	0,130 (1904)	--	0,557 (2562)
	MPF	--	0,559 (3)	0,146 (3)
	MPF+MPI	0,002 (18)	0,646 (4)	0,000 (15)

¹IPP: idade ao primeiro parto (dias), MUSC18: musculosidade ao sobreano; PE18: perímetro escrotal ao sobreano (cm); GP345: ganho de peso em 345 dias (kg); PD: peso ao desmame (kg). ² σ_{MPI}^2 - variância poligênica; σ_{MPF}^2 - variância oligogênica; σ_r^2 - variância residual

*Não houve finalização da Cadeia de Markov, interrompendo o processo de geração das amostras no ciclo de número 166.400

Observa-se (**Tabela 2**) que, para todas as características, o ajuste do modelo MPI resultou em valores do TEC acima de 100 para os componentes de variância poligênico (σ_{MPI}^2) e residual (σ_e^2). Isto indica a convergência das cadeias (SORENSEN; ANDERSEN; GIANOLA, 1995) e efeito poligênico infinitesimal atuando sobre as mesmas. Portanto, esse modelo permite a análise genética dessas características, como tem sido observado na literatura.

Ao ajustar o modelo poligênico finito (MPF), não houve convergência da cadeia em nenhuma característica considerada (**Tabela 2**). Não havendo convergência da cadeia de Markov, a utilização desse modelo para análise genética destas características torna-se inadequada.

No modelo combinado (MPF + MPI), apenas quando ajustado às observações das características PE18 e GP345, o TEC para predição dos componentes de variância genéticos oligogênicos, poligênicos e residuais foi superior a 100 (**Tabela 2**). O ajuste desse modelo às observações destas características pode estar associado à presença de genes com efeito principal (GEPs) que, associados à poligenes, controlam a expressão das mesmas. Havendo segregação de GEPs nesta população, algumas variações podem ser atribuídas à variância residual no MPI, mas que, no MPF, podem estar associadas à variância genética dos GEPs.

O modelo combinado permite a separação dos efeitos oligogênicos e poligênicos que atuam sobre a expressão dessas características. Também propicia a estimação do tipo de ação gênica predominante, se aditiva, de dominância, etc., e a estimação do número de GEPs. Dessa maneira, o ajuste desse modelo pode ser mais adequado em relação ao modelo infinitesimal poligênico.

O modelo poligênico infinitesimal (MPI) foi o único modelo a ajustar às observações das características IPP, PD e MUSC18, sendo este modelo, portanto, o mais adequado para a análise genética dessas características.

3.3.1 Genes de efeito principal (GEPs)

Estimativas *a posteriori* do número de genes de efeito principal (N_{GEP}) e respectivos tamanhos efetivos das cadeias (TEC_{NGEP}), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características PE18 e GP345, são apresentados na **Tabela 3**. Para GP345, houve convergência da cadeia para N_{GEP} , sendo dois GEPs detectados para esta característica.

Tabela 3 Estimativas *a posteriori* do número de genes de efeito principal (N_{GEP}) e respectivos tamanhos efetivos das cadeias (TEC_{NGEP}), quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características PE18 e GP345 em animais da raça Nelore

Característica ¹	Modelo	N_{GEP}	TEC_{NGEP}
PE18	MPF+MPI	1	40
GP345	MPF+MPI	2	395

¹PE18: perímetro escrotal ao sobreano (cm); GP345: ganho de peso em 345 dias (kg)

Para a característica PE18, o TEC foi suficiente para se fazer inferências sobre os componentes de variância (**Tabela 2**). Entretanto, o TEC_{NGEP} não atingiu valor superior a 100, o que não fornece uma estimativa confiável para N_{GEP} (SORENSEN; ANDERSEN; GIANOLA, 1995).

Apesar de não ter sido possível fazer inferência sobre N_{GEP} anteriormente para PE18, é possível, por meio das probabilidades *a posteriori* e pelo Fator de Bayes (**Tabelas 4 e 5**), quando ajustado o modelo combinado, observar um GEP afetando esta característica. Isso pode ser inferido ao observar a probabilidade *a posteriori* concentrada em 1 e observando o Fator de Bayes (**Tabela 5**), com forte evidência da ação de um GEP sobre a característica PE18.

Para a característica GP345, nas Tabelas 4 e 5 pode-se confirmar o que já havia sido observado na Tabela 3, ou seja, dois GEPs afetando GP345.

Quando genes de efeitos principais são detectados para uma determinada característica, isso poderá auxiliar e, mesmo, aumentar a possibilidade da análise de ligação de regiões cromossômicas que expliquem e controlam a expressão fenotípica dessas características (AZEVEDO JÚNIOR, 2010). Com o desenvolvimento de chips de marcadores bovinos que permitem a genotipagem de grande quantidade de SNPs, resultados positivos do uso de marcadores moleculares poderão trazer benefícios a estas características. Caso haja a identificação desses genes de efeito principal assegurando a utilização de marcadores moleculares, aumentará a precisão dos testes de DNA com mais ganhos econômicos ao pecuarista.

Alguns estudos nesse campo de pesquisa já foram realizados, como, por exemplo, o de Unanian, Barreto e Ribeiro (2000), verificando que alguns polimorfismos do gene do hormônio de crescimento constituem potenciais marcadores para a característica ganho de peso em bovinos machos da raça Nelore puros de origem (PO).

Tabela 4 Probabilidades a posteriori para o número de GEPs, quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características PE18 e GP345 em animais da raça Nelore

GEP	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Priori	0,368	0,368	0,184	0,061	0,015	0,003	0,001	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Probabilidade a posteriori																
Característica¹	MPF + MPI															
PE18	0	0,611	0,307	0,068	0,013	0,002	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GP345	0	0	0,976	0,024	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

¹ PE18: perímetro escrotal ao sobreano (cm); GP345: ganho de peso em 345 dias (kg)

Tabela 5 Fator de Bayes¹ obtido quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características PE18 e GP345 em animais da raça Nelore

Característica²	MPF+ MPI														
	1/0³	2/1	3/2	4/3	5/4	6/5	7/6	8/7	9/8	10/9	11/10	12/11	13/12	14/13	15/14
PE18	26,6	0,0	-0,8	-0,6	-0,7	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
GP345	ND	29	-5,3	-9,9	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND

¹ Duas vezes o logaritmo natural (2ln) do Fator de Bayes corresponde ao teste estatístico da razão de verossimilhança

² PE18: perímetro escrotal ao sobreano (cm); GP345: ganho de peso em 345 dias (kg)

³ Evidência de 1 GEP versus 0 GEP afetando a característica: 0 a 2 = baixo; 2 a 5 = positivo; 5 a 10 = forte; >10=decisivo; valores negativos indicam evidência de GEP indicado pelo denominador da razão; ND = não disponível devido à insuficiência de amostras MCMC

3.3.2 Modo de ação gênica dos GEPs

Na **Tabela 6** estão apresentadas estimativas a *posteriori* das variâncias genética (oligogênica ou de GEP, σ_G^2), genética aditiva (σ_a^2), genética devido ao desvio de dominância (σ_d^2) e do erro (σ_e^2) das características PE18 e GP345, quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI). Observa-se que, para a característica PE18, a variância genética foi explicada predominantemente pela variância do desvio de dominância, indicando que o grau de dominância é do tipo sobredominância. A mesma situação foi verificada para a característica GP345, para qual foi observada superioridade da variância devido ao desvio de dominância em relação à variância aditiva, demonstrando que esta característica é influenciada por poucos genes que interagem dentro de um mesmo loco.

Tabela 6 Médias a posteriori para o efeito aditivo (a) e de dominância (d), e componentes de variância genética (σ_G^2), genética aditiva (σ_a^2), genética devido ao desvio de dominância (σ_d^2) quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características PE18 e GP345 em animais da raça Nelore

Característica¹	a	d	σ_G^2	σ_a^2	σ_d^2
PE18	3,63	3,79	0,94	0,15	0,79
GP345	100,47	-34,18	54,01	3,69	50,32

¹PE18: perímetro escrotal ao sobreano; GP345: ganho de peso em 345 dias

Na **Tabela 7** são apresentadas as estimativas médias a *posteriori* das variâncias genética aditiva e de desvio de dominância analisadas por loco (GEP).

Considerando a variância genética total da característica PE18, quando ajustado o modelo combinado (**Tabela 6**) e o somatório das

variâncias genética aditiva (σ_a^2) e de dominância (σ_d^2), observa-se que um GEP, como detectado anteriormente, explica aproximadamente 82% da variância genética total. Da mesma forma, dois GEPs, como detectado anteriormente para a característica GP345 ao se ajustar o modelo combinado, explicam 99% da variância genética total.

Tabela 7 Estimativas médias a posteriori das variâncias genética aditiva (σ_a^2) e de dominância (σ_d^2) analisadas por loco, sendo cada loco considerado com a presença de um gene de efeito principal (GEPs) afetando as características PE18 e GP345, quando ajustado o modelo combinado (MPF+MPI) às observações das características PE18 e GP345 em animais da raça Nelore

Características ¹	Modelo			
	MPF + MPI			
	PE18		GP345	
GEP	σ_a^2	σ_d^2	σ_a^2	σ_d^2
1	0,05	0,72	2,15	28,16
2	0,06	0,06	1,34	22,01
3	0,02	0,02	0,20	0,14
4	0,02	0	0	0
5	0	0	0	0
6	0	0	0	0
7	0	0	0	0
8	0	0	0	0
9	0	0	0	0
10	0	0	0	0
11	0	0	0	0
12	0	0	0	0
13	0	0	0	0
14	0	0	0	0
15	0	0	0	0

¹ PE18: Perímetro escrotal ao sobreano (cm); GP345: ganho de peso em 345 dias (kg)

3.3.3 Herdabilidades

Na Tabela 8 são apresentados os valores das estimativas de herdabilidades (h^2) quando foram ajustados os modelos MPI e o combinado (MPF + MPI) às variações observadas das características IPP, MUSC18, PE18, GP345 e PD.

O resultado de h^2 estimada quando ajustado o MPI, para a característica IPP, é próximo de alguns valores observados na literatura, pois a maioria dessas análises também assume as pressuposições do modelo poligênico infinitesimal.

Na literatura, os valores de h^2 para IPP em bovinos de corte são muito variáveis. Trabalhando com animais da raça Nelore, Mercadante (1995) encontrou h^2 de 0,28 para IPP; Gressler (1998) relatou 0,02; Azevêdo et al. (2006) encontraram 0,21; Boligon, Rorato e Albuquerque (2007), valor de 0,14 e Mercadante, Lôbo e Oliveira (2000) relataram 0,28. Em animais da raça Canchim, Talhari, Alencar e Mascioli (2003) encontraram h^2 de 0,13 para IPP.

Neste trabalho, o valor de h^2 para PE18 foi de 0,21, valor de moderada magnitude. Trabalhando com a raça Nelore, Pereira, Eler e Ferraz (2001), encontraram h^2 de 0,51 e 0,35 foi o relatado por Boligon, Rorato e Albuquerque (2007). Everling et al. (2001), trabalhando com animais Angus x Nelore, encontraram h^2 de 0,21 para PE18.

Para GP345, o valor da h^2 estimado neste trabalho foi de 0,06, quando ajustado o modelo MPI, inferior aos relatados por Koury Filho (2001) que encontrou 0,23, 0,14 (KOURY FILHO et al., 2002) e 0,12 (BALIEIRO et al., 2008).

Os valores das h^2 estimadas para as características MUSC18 e PD foram de 0,12 e 0,11, respectivamente, inferiores aos encontrados na literatura. Para MUSC18, foram encontradas estimativas entre 0,19 e 0,27 (CARDOSO; CARDELLINO; CAMPOS, 2001; KOURY FILHO, 2005; PEDROSA et al., 2008) e para PD, de 0,22 a 0,34 (BALIEIRO et al., 2008;

BOLIGON; RORATO; ALBUQUERQUE, 2007; EVERLING et al., 2001; PEREIRA; ELER; FERRAZ, 2001).

Tabela 8 Médias a posteriori para os componentes de variância poligênica (σ_{MPI}^2), oligogênica (σ_{MPF}^2), fenotípica (σ_P^2) e herdabilidades poligênica (h^2_{MPI}) e oligogênica (h^2_{MPF}), quando ajustados o modelo poligênico infinitesimal (MPI) e o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características estudadas em animais da raça Nelore

Característica ¹	Modelo	Componentes				
		σ_{MPI}^2	σ_{MPF}^2	σ_P^2	h^2_{MPI}	h^2_{MPF}
IPP	MPI	0,116	--	1,38	0,08	--
PE18	MPI	2,613	--	12,354	0,21	--
	MPF+MPI	2,315	0,944	12,184	0,19	0,08
GP345	MPI	88,262	--	1431,632	0,06	--
	MPF+MPI	103,991	54,014	1437,582	0,07	0,04
PD	MPI	94,703	--	829,039	0,11	--
MUSC18	MPI	0,130	--	1,104	0,12	--

¹ IPP: idade ao primeiro parto (dias); PE18: perímetro escrotal ao sobreano (cm); GP345: ganho de peso em 345 dias (kg); PD: peso ao desmame (kg); MUSC18: musculosidade ao sobreano

Estes valores de herdabilidade, considerados de baixa a moderada magnitude, indicam que a seleção pode resultar em razoáveis ganhos nas futuras gerações. Em função das variabilidades observadas, possivelmente, um melhoramento ambiental trará maior ganho fenotípico para essas características.

O modelo mais adequado para a análise genética das características PE18 e GP345 foi o MPI+MPF e as estimativas de herdabilidades estimadas para estas características, quando ajustado este modelo, são apresentadas na Tabela 8. No modelo combinado, foi considerada simultaneamente a possibilidade de a mesma característica ser influenciada por poucos e ou muitos genes. Assim, as herdabilidades da fração poligênica e oligogênica são obtidas independentemente, de forma que o ajuste para a fração poligênica não interfira no ajuste da fração oligogênica, e vice-versa. Para a

característica GP345, as herdabilidades estimadas foram de 0,07 e 0,04, para as frações poligênicas e oligogênica, respectivamente (Tabela 8). Para PE18, a herdabilidade estimada foi de 0,19 para a fração poligênica e 0,08 para a fração oligogênica (Tabela 8).

A soma das herdabilidades poligênica e oligogênica, ajustadas com o modelo MPF + MPI para as características PE18 e GP345, é semelhante àquela estimada para as mesmas características com o ajuste do modelo MPI (Tabela 8) e também às estimativas relatadas na literatura para ambas as características. Geralmente, quando o modelo oligogênico, que considera a presença de GEPs para as características, é associado a um modelo poligênico infinitesimal (MPI+MPF), a variância poligênica do modelo combinado tende a diminuir e, em consequência, a herdabilidade poligênica (AZEVEDO JÚNIOR, 2010), o que não foi observado neste trabalho.

No **Gráfico 1** estão apresentadas as distribuições marginais a *posteriori* para as herdabilidades estimadas com o modelo poligênico infinitesimal (MPI) para as características IPP, GP345, MUSC, PE e PD. Já no **Gráfico 2**, as distribuições marginais a *posteriori* para as herdabilidades estimadas com o modelo combinado (MPF + MPI) ajustado às observações das características PE18 e GP345 são apresentadas. Nestas distribuições, para ambos os modelos ajustados (**Gráficos 1 e 2**), as maiores densidades de probabilidade a *posteriori* das herdabilidades estão próximas aos valores médios estimados a *posteriori* (Tabela 8). Resultados ilustrativos das estimativas de herdabilidades encontradas para todas as características apresentadas anteriormente.

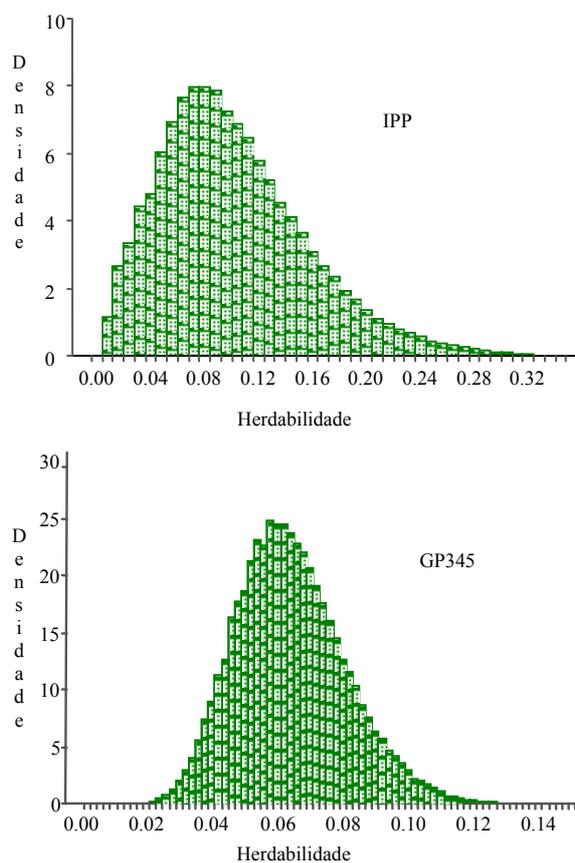
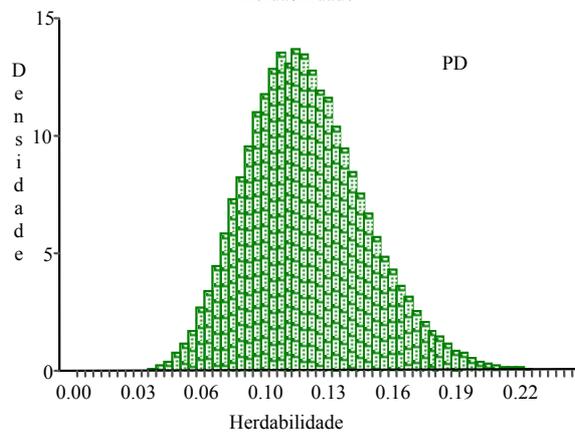
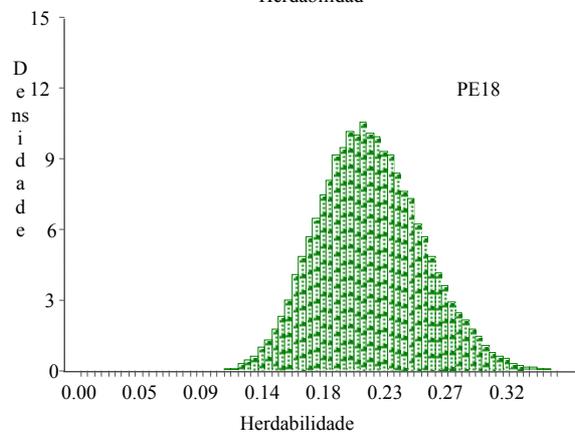
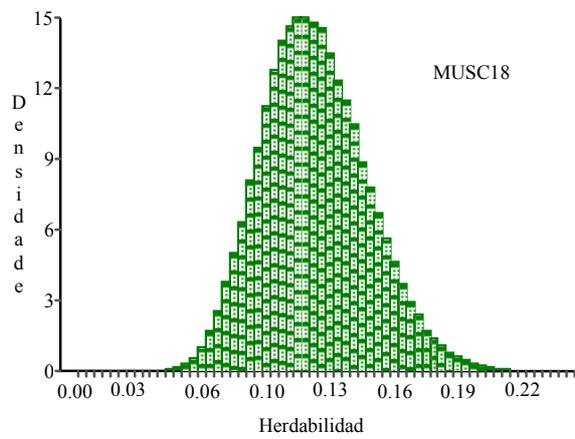


Gráfico 1 Distribuições marginais a *posteriori* para as herdabilidades estimadas com o modelo poligênico infinitesimal (MPI) para as características IPP, GP345, MUSC, PE e PD, em animais da raça Nelore

(...continua...)



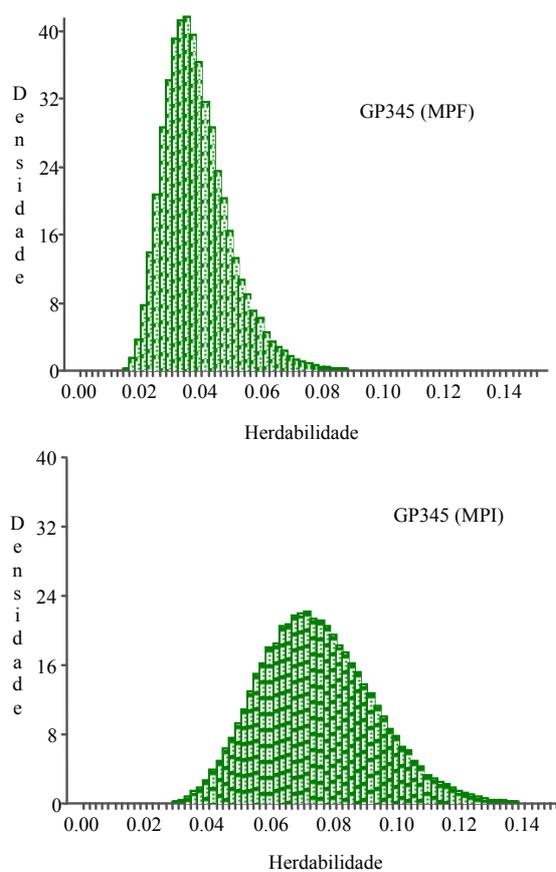
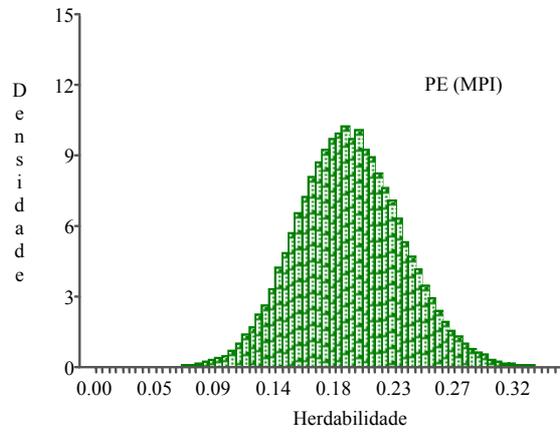
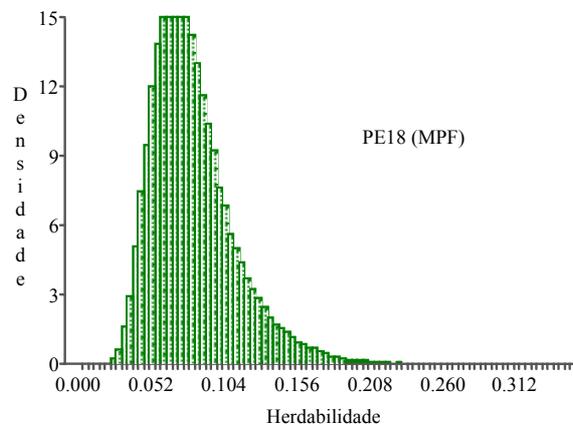


Gráfico 2 Distribuições marginais *a posteriori* para as herdabilidades estimadas para as características GP345 e PE18, em animais da raça Nelore, considerando os efeitos genético poligênico (à direita) e gene de efeito principal (à esquerda), quando ajustado o modelo combinado (MPI e MPF)

(...continua...)



4 CONCLUSÕES

As características PE18 e GP345 são influenciadas pela ação conjunta de poligenes e oligogenes. A análise genética destas características deve ser realizada por meio de um modelo combinando os efeitos oligogênicos e poligênicos.

As características IPP, PD e MUSC18 são controladas por poligenes com efeito infinitesimal e devem ser analisadas sob modelo poligênico infinitesimal (MPI).

REFERÊNCIAS

AZEVÊDO, D. M. M. R. et al. Desempenho reprodutivo de vacas Nelore no Norte e Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 35, n. 3, p. 988-996, maio/jun. 2006.

AZEVEDO JÚNIOR, J. **Análise bayesiana de características de carcaça bovino da raça Guzera**. 2010. 80 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

BALIEIRO, C. C. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para repelência, temperamento e características produtivas em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008. 1 CD-ROM.

BARO, J. A.; ALCANTARA, G. **Aplicación de la genética molecular en los programas de selección**. Disponível em: <<http://www.mapa.es/ministerio/pags/biblioteca/revistas>>. Acesso em: 25 nov. 2009.

BINK, M. C. A. M. **Software FlexQTLtm**. Version 0.98. Wageningen, 2009. Disponível em: <<http://www.flexqtl.nl>>. Acesso em: 10 dez. 2009.

BINK, M. C. A. M. et al. Multiple QTL mapping in related plant populations via a pedigree analysis approach. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, n. 5, p. 751-762, Sept. 2002.

BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N.; ALBUQUERQUE, L. G. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 36, n. 3, p. 565-571, maio/jun. 2007.

CANTET, R. J. C.; DUARTE, J. L. G.; LEGUIZANOM, S. M. Potrero de los funes. In: CONGRESO ARGENTINO DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 31., 2008, Buenos Aires. **Anais...** Buenos Aires: SAPA, 2008. 1 CD-ROM.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Componentes de (Co)variâncias e parâmetros genéticos para caracteres produtivos a desmama de bezerras Angus criados no estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 1, p. 41-48, jan./fev. 2001.

COSTA, A. 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 Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

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. **Genetical Research**, London, v. 76, n. 2, p. 187-198, June 2000.

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

ELER, J. P. et al. Genetic correlation between heifer pregnancy and scrotal circumference measured at 15 and 18 months of age in Nellore cattle. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 5, n. 4, p. 569-580, 2006.

EVERLING, D. M. et al. Estimativas de herdabilidade e correlação genética para características de crescimento na fase de pré-desmama e medidas de perímetro escrotal ao sobreano em bovinos Angus - Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 6, p. 2002-2008, nov./dez. 2001.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 1989. 279 p.

FARIA, C. U. et al. **Utilização de escores visuais de características morfológicas de bovinos Nelore como ferramenta para o melhoramento genético animal**. Brasília: EMBRAPA Cerrados, 2007. 37 p. (Documentos, 177).

GONÇALVEZ, T. de M. **Genes de efeito principal e locos de características quantitativas em suínos**. 2003. 82 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2003.

GONÇALVES, T. de M. et al. Comparação de diferentes estratégias para análise de características de crescimento e de carcaça de suínos cruzados: modelos finito e infinitesimal poligênico. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 34, n. 5, p. 1531-1539, set./out. 2005.

GREEN, P. J. Reversible jump markov chain monte carlo computation and bayesian model determination. **Biometrics**, Washington, v. 82, n. 6, p. 711-732, June 1995.

GRESSLER, S. L. **Estudo de fatores de ambiente e parâmetros genéticos de algumas características reprodutivas em animais da raça Nelore.** 1998. 149 p. Dissertação (Mestrado em Veterinária) - Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 1998.

KASS, R. E.; RAFTERY, A. E. Bayes factors. **Journal of the American Statistical Association**, New York, v. 90, n. 3, p. 773-795, June 1995.

KOURY FILHO, W. **Análise genética de escores de avaliações visuais e suas respectivas relações com desempenho ponderal na raça Nelore.** 2001. 79 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, Pirassununga, 2001.

_____. **Escores visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte.** 2005. 98 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2005.

KOURY FILHO, W. et al. Estimativas de herdabilidade e correlações genéticas entre escores de avaliações visuais e características de desenvolvimento ponderal em um população da raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2002. 1 CD-ROM.

MERCADANTE, M. E. Z. **Estudo das relações genético-quantitativas entre características de reprodução, crescimento e produção em fêmeas da raça Nelore.** 1995. 90 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 1995.

MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, H. N. Estimativas de (co)variância entre características de reprodução e de crescimento em fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 4, p. 997-1004, jul./ago. 2000.

PEDROSA, V. B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos do peso adulto e de características de escore visual em animais da raça Nelore. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008. 1 CD-ROM.

PEREIRA, E.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Análise genética de algumas características reprodutivas e suas relações com o desempenho ponderal na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 53, n. 6, p. 720-727, dez. 2001.

SORENSEN, D. A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetics Selection and Evolution**, Paris, v. 27, n. 1, p. 229-249, 1995.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. **User's guide**. Version 8.0. Cary, 1999. 1 CD-ROM.

TALHARI, F. M.; ALENCAR, M. M.; MASCIOLI, A. S. Correlações genéticas entre características produtivas de fêmeas em um rebanho da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 32, n. 4, p. 880-886, jul./ago. 2003.

UIMARI, P.; SILLANPAA, M. A. A Bayesian MCMC linkage analysis with segregation indicators for complex pedigree. **Genetics Epidemiology**, New York, v. 21, n. 2, p. 224-242, Feb. 2001.

UNANIAN, M. M. et al. Associação do polimorfismo do gene do hormônio de crescimento com a característica peso em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 5, p. 1380-1386, set./out. 2000.

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

YI, N. J. et al. Bayesian model selection for genome-wide epistatic quantitative trait loci analysis. **Genetics**, Austin, v. 170, n. 5, p. 1333-1344, Sept. 2005.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

As metodologias clássicas e bayesianas, quando comparadas, podem produzir estimativas de herdabilidade semelhantes pelo modelo ajustado poligênico infinitesimal (MPI) (Tabela 12), dependendo do tamanho da população utilizada na análise.

A grande vantagem da estatística bayesiana sobre a clássica está ligada à flexibilidade e à robustez que propiciam a incorporação de outros efeitos, além dos efeitos dos poligenes, como o dos genes de efeito principal e efeitos genéticos não-aditivos (efeito de dominância) no modelo de análise estatística que influenciam diretamente a herdabilidade obtida, tornando este método atraente para o melhoramento genético de bovinos de corte.

Com a definição do modelo de arquitetura genética adequado, a evidência de que algumas características em bovinos de corte que são consideradas, atualmente, como poligênicas, são influenciadas por genes de efeito principal, leva a uma reavaliação dos processos de estimação dos parâmetros genéticos, em que os efeitos dos genes de efeito principal (GEPs) devem ser levados em consideração.

A existência de genes de efeito principal pode dirigir o trabalho de identificação de genótipos nos rebanhos comerciais e, assim, aumentar a probabilidade de serem descobertos QTLs, quando se utilizam marcadores moleculares.

Assim, a seleção genética nas características que apresentam genes de efeito principal poderá ser realizada, simultaneamente, pelo método de seleção clássico e pela seleção assistida por marcadores.

O modelo poligênico infinitesimal é um modelo que se ajusta muito bem a qualquer observação. Porém, a presença de genes com efeito principal, segregando na população, pode melhorar a resposta à seleção, principalmente nas características de baixa herdabilidade.

Com a metodologia bayesiana, espera-se que o uso da análise de segregação se torne uma ótima ferramenta no melhoramento animal para a

identificação de genes de efeito principal que afetam as características quantitativas, sem o uso de marcadores moleculares.