

AMAURI FELIPE EVANGELISTA

**AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS
NELORE NO NORTE DO BRASIL**

TERESINA, PI
2017

AMAURI FELIPE EVANGELISTA

**AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS
NELORE NO NORTE DO BRASIL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal do Piauí, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal, Área de Concentração: Produção Animal.

Orientador: Prof. Dr. Severino Cavalcante de Sousa
Junior

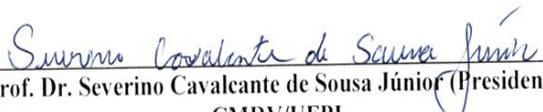
TERESINA, PI
2017

AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINO
NELORE NO NORTE DO BRASIL

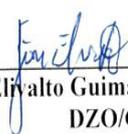
AMAURI FELIPE EVANGELISTA

Dissertação Aprovada em: 02/03/2017

Banca Examinadora:



Prof. Dr. Severino Cavalcante de Sousa Júnior (Presidente)
CMRV/UFPI



Prof. Dr. José Elivalto Guimarães Campelo (Membro Titular)
DZO/CCA/UFPI



Prof. Dr. Geraldo Magela Côrtes de Carvalho (Membro Titular)
EMBRAPA MEIO-NORTE

*A minha mãe **Neidemar Felipe Evangelista**
que demonstrou ser uma grande guerreira,
me ensinando que não se deve a desistir das
batalhas já no primeiro obstáculo e aos meus
irmãos pelo amor incondicional, apoio e
incentivo, e amigos por acreditarem em mim e
me apoiarem.
(Dedico e ofereço)*

AGRADECIMENTOS

À DEUS, por estar sempre comigo, guiando meus passos e não me deixando desalentar, me dando forças para prosseguir e vencer os obstáculos da vida.

À Universidade Federal do Piauí e ao Centro de Ciências Agrárias, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, pela oportunidade de conclusão de mais uma etapa da minha vida acadêmica.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa de estudo.

Ao Prof. Dr. Severino Cavalcante de Sousa Junior pela confiança, ensinamentos, paciência e orientações.

Aos componentes da banca examinadora, Prof. Dr. José Elivalto Guimarães Campelo e Dr. Geraldo Magela Cortes Carvalho pelas contribuições e orientações para o desenvolvimento dessa pesquisa.

Aos Professores do Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, pelos ensinamentos prestados, que não só se importaram em repassar os conhecimentos como também em incentivar, despertando o senso crítico de caráter profissional.

Aos amigos melhoristas Diego Helcias, Cícero Barros Junior, Weverton José Lima Fonseca, Laylson da Silva Borges, Wellington Pereira e todos os demais integrantes do Grupo de Melhoramento Animal – UFPI pelo prazer da convivência.

A todos aqueles não citados nominalmente, mas cujas contribuições foram de suma relevância em meu desenvolvimento científico e pessoal, bem como na realização deste trabalho, os meus sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	viii
1 INTRODUÇÃO	9
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	10
2.1 Pecuária de corte no Brasil	10
2.2 Raça Nelore	11
2.3 Características de crescimento	12
2.4 Métodos de estimação de componentes de variância	14
2.4.1 Máxima verossimilhança Restrita – REML.....	14
2.4.2 Inferência Bayesiana	15
2.5 Parâmetros Genéticos.....	16
2.5.1 Herdabilidade (h^2).....	16
2.5.2 Correlações Genéticas.....	18
3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	21
4 ARTIGO/CAPÍTULO I: Parâmetros genéticos em características de crescimento em rebanhos da raça Nelore	26
Resumo	27
Abstract.....	28
Introdução	28
Material e Métodos.....	30
Resultados e Discussão.....	33
Conclusões.....	39
Referências	40
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	46

RESUMO

O conhecimento dos parâmetros genéticos de características de crescimento em bovinos de corte é de valor econômico importante para programas de seleção em bovinos de corte, pois permite premeditar a possibilidade de sucesso na seleção. Esta tem sido causadora de grandes mudanças na pecuária de corte do Brasil, basicamente nas características de crescimento como os pesos de animais em diferentes idades. Essas características de crescimento como o peso vivo podem ser mensuradas em um mesmo animal várias vezes ao longo de sua vida, os pesos são ajustados em determinadas idades padrão, e são formadas classes arbitrárias de idades. O objetivo foi estimar os componentes de covariâncias e parâmetros genéticos, para características de peso ao nascer (PN), peso ao desmame (P205), peso ao ano (P365) e peso ao sobreano (P550), por meio de modelos unicaracterística e multicaracterísticas com informações do banco de dados de 44.106 informações da raça Nelore, proveniente da ABCZ, criados a pasto, nascidos entre 1978 a 2011 na região Norte do Brasil. Os componentes de covariâncias e os parâmetros genéticos foram obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), usando o aplicativo WOMBAT. Para tanto, o modelo da análise contemplou os efeitos fixos do grupo de contemporâneos (sexo, ano e mês de nascimento do animal, ano e mês da pesagem, rebanho e categoria (mamando ou desmamando)), além dos efeitos aleatórios genético aditivos direto e maternos. As herdabilidades foram consideradas de média a alta magnitude, havendo possibilidade de progresso genético para as características de crescimento, podendo ser utilizado como um critério de seleção, e as correlações genéticas obtidas foram favoráveis, ou seja, a seleção para aumento de uma acarretará na melhoria da outra.

ABSTRACT

Knowledge of genetic parameters of growth traits in beef cattle is of economic value and of fundamental importance for selection programs in beef cattle, since it allows to premeditate the possibility of success with the selection. Writher has caused major changes in beef cattle breeding in Brazil, based primarily on growth traits such as weights of different age groups. These growth traits such as live weight can be measured in the same animal several times over their lifetime, weights are adjusted at certain standard ages, and arbitrary age classes are formed. The objective of this study was to estimate the components of (co) variances and genetic parameters, for characteristics of birth weight (PN), weaning weight (P205), weight yearling (P365) , Using single - character and multicaracteristic models with information from the database from 44,106 Nelore cattle, raised in pasture, born between 1978 and 2011 in the northern region of Brazil. Components of (co) variances and the genetic parameters were obtained by the method of maximum likelihood restricted (REML), using the WOMBAT application. For this, model analysis included fixed effects of group of contemporaries (sex, year and month of birth of the animal, year and month of weighing, herd and category (suckling or weaning)), Maternal conditions. Heritabilities were considered of medium to high magnitude, there being a possibility of genetic progress for growth characteristics, being able to be used as a selection criterion, and genetic correlations obtained were favorable, that is, the selection to increase one will entail improvement of the another.

1 INTRODUÇÃO

As características de crescimento são relevantes na avaliação da eficiência econômica de qualquer sistema de produção de bovinos de corte. Elas se destacam como critério de seleção, o que pode proporcionar elevados ganhos genéticos por geração. Com o desenvolvimento da pecuária e a necessidade de melhorar o rebanho para ser mais competitivo comercialmente, o pecuarista está, cada vez mais, buscando novos métodos para melhorar as características de interesse econômico do seu plantel (LIRA et al., 2008).

Nesse processo de desenvolvimento, os parâmetros genéticos são de extrema importância, pois constituem as ferramentas utilizadas para a obtenção de predições das respostas direta e correlacionadas à seleção, na elaboração de índices de seleção e na predição do valor genético dos animais (MERCADANTE et al., 1995). A informação desses parâmetros ajuda na tomada de decisões na seleção do rebanho, mediante avaliações genética, contribuindo com novos conhecimentos, em especial para o pecuarista de bovinos da raça Nelore, que segundo o IBGE (2013) é a raça com maior contingente no rebanho nacional.

Os pesos corporais observados ao longo da vida do animal são as principais fontes de informação na avaliação genética de gado de corte. No Brasil, as características de crescimento, que são os pesos padronizados em certas idades, normalmente são utilizadas em programas de seleção, isso porque são fáceis de medir e interpretar (ARAUJO NETO et al., 2011). Os programas estabelecem determinadas idades às quais os pesos são ajustados antes de serem avaliadas, essas idades recebem o nome de idades padrão.

As estimativas de parâmetros genéticos acuradas são importantes para avaliações genéticas e para obtenção de índices que maximizem a resposta à seleção e, conseqüentemente, a produção (MALHADO et al., 2009). Em vista dessa importância, vários métodos de estimação foram utilizados em análises genéticas para obter estimativas precisas, a este respeito, apresentado por Patterson e Thompson (1986) introduziu o método da máxima verossimilhança restrita (REML) no melhoramento animal.

Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi estimar os componentes de covariâncias e parâmetros genéticos para características de crescimento, por meio de modelos unicaracterística e multicaracterísticas em bovinos da raça Nelore da região Norte do Brasil.

Este trabalho foi dividido segundo as normas para elaboração e apresentação de Dissertação do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal do Piauí (PPGCA-UFPI) nas seguintes partes: Capa / Folha de rosto / Dedicatória e Agradecimentos / Sumário / Resumo / Abstract / Introdução / Revisão bibliográfica / *Capítulo 1 / Considerações finais / Referência bibliográfica.

* O Artigo científico referente ao capítulo 1 desta Dissertação será submetido a Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira (PAB).

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Pecuária de corte no Brasil

O grande consumo de carne bovina exigida pelos mercados internos e externos tem feito com que a pecuária de corte brasileira produza carnes em grande quantidade e de boa qualidade. Assim a cadeia produtiva da carne bovina brasileira vem se fortalecendo nos últimos anos e contribuindo para colocar o agronegócio em posição de destaque na economia internacional. Entretanto, a posição do Brasil no cenário mundial não está consolidada e, para que isto ocorra, há necessidade de se promover melhorias contínuas no rebanho bovino (SANTOS et al., 2012).

Em 2012, a produção nacional foi de 9,2 milhões de toneladas, representando aproximadamente 16% de toda produção mundial, no mesmo ano, o Brasil consta também como segundo maior rebanho do mundo, com 197,5 milhões de cabeças, aproximadamente 19,3% de todo rebanho mundial (PINTO et al., 2015), ficando apenas atrás dos Estados Unidos.

No cenário brasileiro, a região Norte aparece como uma grande produtora de carne bovina, com um efetivo de 16 milhões de cabeças, tendo o Estado do Pará como maior produtor (SANTOS et al., 2012). A pecuária de

corde desta região é composta, basicamente, por animais zebuínos puros ou mestiços criados a pasto, principalmente favorecendo por sua grande adaptação às condições climáticas desta região.

Um dos fatores determinantes para colocar o Brasil em posição de destaque como grande produtor de carne bovina tem sido a intensificação do uso do melhoramento genético como ferramenta para o aumento da eficiência da produção animal (MARQUES et al., 2013). Para isto são utilizados métodos de melhoramento animal como seleção, para o qual existem varias publicações atestando o seu beneficio no Brasil, principalmente nas características de crescimento (SILVA et al., 2015).

Na pecuária de corte, é fundamental selecionar animais visando melhorias nos desempenhos produtivos e reprodutivos, pois esses animais determinam a eficiência total de produção, tanto do ponto de vista genético como econômico (BOLIGON et al., 2008). Assim tornando a pecuária de corte no Brasil cada vez mais competitiva, fazendo-se necessários aumentos constantes de produtividade de carne bovina.

2.2 Raça Nelore

O Brasil apresenta o maior rebanho comercial de bovinos do mundo, com maioria composta por animais zebuínos (*Bos taurus indicus*), dentre os quais se destaca a raça Nelore, que é uma Raça bovina proveniente da Índia, chegou ao Brasil por volta do século XVIII, e se tornou predominante no rebanho brasileiro. Alastrou-se por toda a América do Sul e, principalmente no Brasil devido à sua alta fertilidade a pasto e capacidade de sobrevivência.

Na Raça Nelore, os animais conhecidos por Nelore (raça Nelore ou também Nelore Padrão) e os animais da raça Nelore variedade Mocha (Nelore Mocho), estes dois grupos genéticos compõem os maiores efetivos de zebuínos criados nas regiões do Brasil, e apresentam diferenças além da presença ou não de chifres, portanto são populações muito diferentes (AMBROSINI et al., 2016).

E nesses últimos 50 anos, a Raça Nelore vem sendo utilizada em programas de melhoramento animal e hoje é a raça base para o cruzamento de

gado de corte no Brasil. Isso se deve as importações na década de 1960, quando foram introduzidas de alguns touros importantes devido as suas características fenotípicas e que contribuíram para a caracterização, conformação e melhoramento do rebanho Nelore nacional (HISTÓRIA, 2011).

A busca dos criadores por animais melhores e mais eficientes incentivou o surgimento de programas de melhoramento animal, estes programas têm promovido importantes avanços na raça Nelore ao permitir a aceleração do progresso genético e maior difusão do material genético superior (SANTANA; JOSAHKIAN, 2011). Dentro deste enfoque de melhoristas, estudos em parâmetros genéticos passaram a ter atenção especial.

A relevância desta raça dentro da pecuária de corte nacional é indicada pela expressiva venda de semen no ano de 2012, atingindo 263.134 doses vendidas, que correspondeu a um aumento de 1,65% em relação ao ano de 2011, é de 27,46% a mais que em 2010 (AMARAL et al., 2014). E as vantagens destes animais no País são demasiadamente conhecidas e podem ser sumariadas pela capacidade de produção em sistemas com baixo nível e má distribuição da oferta de nutrientes, sob condições climáticas e sanitárias adversas (SANTOS et al., 2012).

2.3 Características de crescimento

Na pecuária de corte, os criadores estão cada vez mais preocupados com o crescimento animal, visto que o crescimento rápido é desejável nos bovinos de corte, sendo que animais que apresentam maiores ganhos de peso necessitam de menos dias para serem abatidos. Dessa forma o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil tem sido conduzido, principalmente pela seleção com base nos pesos corporal padronizados em diferentes idades, ganhos de peso e número de dias para atingir determinado peso (FERRIANI et al., 2013).

A melhoria do potencial genético de uma raça para produção de carne pode ser alcançada por meio de avaliações genéticas dos animais em características relacionadas com o crescimento e posterior seleção dos

indivíduos geneticamente superiores. As principais informações para avaliação genética são os pesos mensurados durante o período de crescimento

O peso ao nascer, na desmama, ao ano e sobreano, são características de crescimento que formam a base principal das informações utilizadas em avaliações genéticas na pecuária de corte, e o motivo de utilizar as características de crescimento como critério de seleção nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte, é o fato de elas serem de fácil mensuração e apresentarem herdabilidades com valores moderados, o que propicia ganhos genéticos razoáveis ao longo das gerações e por estarem diretamente relacionadas à quantidade produzida de carne (SILVA et al., 2012).

Estudos relacionados ao crescimento dos animais de corte são importantes em programas de melhoramento genético, por permitir subsídios à seleção para precocidade e ganho de peso (SOUZA et al., 2010). Essas características são influenciadas tanto pelos próprios genes dos animais como por fatores ambientais, o crescimento desses indivíduos na fase que antecede a desmama está intimamente ligado ao potencial de crescimento pré e pós-nascimento do bezerro, bem como à habilidade materna da vaca (SOUSA JÚNIOR et al., 2011).

O melhoramento genético das características de crescimento em bovinos é dependente da estimação acurada dos componentes de covariância, essa acurácia é influenciada pela quantidade e qualidade da informação, o modelo estatístico aplicado e o próprio método de estimação de componentes de covariância. A evolução de modernos programas estatísticos e de recursos computacionais tem facilitado o particionamento dos componentes de covariância, possibilitado estimativas mais acuradas dos efeitos genéticos e ambientais e melhores respostas à seleção (SOUSA et al., 2009).

2.4 Métodos de estimação de componentes de covariância

2.4.1 Máxima verossimilhança Restrita – REML

A predição de valores genéticos e os métodos de seleção dependem, essencialmente, de estimativas de componentes de variância. Os componentes de covariância são importantes na obtenção da estatística F, na construção de índices de seleção, na análise de modelos mistos com vistas à predição linear do tipo BLUP, na estimativa dos parâmetros genéticos, fenotípicos e de meio ambiente, no planejamento de programas de melhoramento genético (HENDERSON, 1986). São vários métodos de estimação de componentes de variância, dentre os quais podemos citar o Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML).

O método REML é utilizado em dados desbalanceados e adequado para estimação de parâmetros genéticos dos dados de melhoramento animal, pois além de considerar a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos, as estimativas caem sempre dentro do espaço paramétrico (BARBOSA et al., 2015). Esse método tem essa denominação, pelo fato de cada observação ser dividida em duas partes independentes, uma se referindo aos efeitos fixos e a outra aos efeitos aleatórios.

Este método é relevante no melhoramento animal para estimar as variâncias fenotípicas e outros componentes, as razões são justificadas pelas propriedades desses estimadores. O REML possui varias características desejáveis, quando as distribuições são normais, elas minimizam os vieses das estimativas de variâncias e covariâncias decorrentes de acasalamento seletivo, seleção através de gerações e descartes seqüenciais (FREITAS et al., 1994).

As vantagens dessa metodologia estão na capacidade de geração de estimativas não negativas de componentes de variância, não ser afetado por mudanças nos efeitos fixos, suficiência, consistência e eficiência, é flexível não exigindo delineamentos balanceados (RESENDE et al., 1996), além de reduzir o viés, em decorrência da seleção, e a capacidade de utilizar toda informação disponível (FALCÃO et al., 2009).

2.4.2 Inferência Bayesiana

Estimativas dos componentes de variância têm sido importantes na produção animal, para a obtenção dessas estimativas é essencial identificar um método estatístico adequado e que melhor represente o comportamento biológico das características em estudo. Embora a metodologia de Máxima verossimilhança Restrita (REML) venha sendo usada como padrão para a avaliação genética dos animais, ela apresenta algumas limitações, com isso faz se o uso da Inferência Bayesiana que consiste em uma abordagem estatística que trata os parâmetros populacionais como variáveis aleatórias (NOGUEIRA et al., 2003).

A estatística Bayesiana foi fundamentada no teorema de Thomas Bayes, em 1761, no melhoramento genético animal, o método bayesiano foi introduzido por Gianola e Fernando (1986). O método bayesiano tem propiciado novas perspectivas no que toca a questões relacionadas à estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos, a inferência bayesiana combina a informação a priori (OLIVEIRA et al., 2015).

A utilização da metodologia bayesiana para estimação de parâmetros genéticos aparece como alternativa de grande flexibilidade em relação aos modelos que podem ser utilizados nas análises e sua aplicação em análises genéticas permite a obtenção de densidades posteriores das variáveis estudadas e pode ser utilizada tanto em pequenos ou grandes conjuntos de dados, não sendo necessário o conhecimento da distribuição inicial do parâmetro que se deseja estimar (FARIA et al., 2007).

Inferência bayesiana é uma metodologia que vem ganhando espaço no melhoramento genético animal para solucionar problemas relacionados a estimação dos parâmetros genéticos e a vantagem de usar a inferência bayesiana no melhoramento animal é porque ela descreve os valores dos parâmetros usando probabilidade, pois ela apresenta o nível de incerteza que se tem sobre a característica em um evento amostral.

2.5 PARÂMETROS GENÉTICOS

2.5.1 Herdabilidade (h^2)

Os parâmetros genéticos são definidos pelos componentes de variância, nas diversas populações, ou seja, são específicos para determinada população. Eles apresentam papel relevante nos programas de melhoramento genético porque fornecem as informações necessárias para definição de índices de seleção e para avaliação genética (GUIMARÃES; FARIAS 2010), além disso é possível verificar se está havendo melhoramento genético no rebanho.

Na literatura menciona vários trabalhos com estimativas de parâmetros genéticos na raça Nelore e os objetivos desses estudos geralmente é conhecer o potencial genético do rebanho nacional. Portanto, torna-se necessário que sejam estimados parâmetros genéticos com precisão, com os quais se estima os coeficientes de herdabilidade e de correlação genética das características de importância econômica, que são importantes para o planejamento de programas de melhoramento genético mais eficiente (WEBER, et., al, 2009).

Para o melhoramento genético animal, a herdabilidade é um parâmetro de grande importância e mais adequado ao rebanho, pois estima a capacidade de transmitir características aos descendentes. Segundo Lira et al. (2008), é um parâmetro que mede a proporção da variância genética sobre a variância fenotípica, ou seja, é a proporção herdável da variabilidade total.

É representada com o símbolo h^2 e expressa o grau de confiança do valor fenotípico como indicador do valor genético, e deriva da terminologia de Wright (1921). Para a condução de um programa de melhoramento genético, é fundamental ter conhecimento sobre ela, porque muitas decisões são tomadas em função de sua magnitude.

É possível estimar herdabilidade no sentido amplo e no sentido restrito. Elas são estimadas a partir de uma análise de variância e seus valores podem variar de 0 a 1. Esses valores indicam que fatores tanto genéticos quanto ambientais influenciam a variância fenotípica (PIERCE, 2004). Herdabilidade igual a 1, as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são causadas

unicamente por diferenças genéticas entre os mesmos, quando é igual a 0, significa que a variabilidade de caráter não tem origem genética, neste caso não existe correlação alguma entre o valor genético e valor fenotípico da unidade de seleção (ALLARD, 1971).

A Herdabilidade no sentido restrito é mais útil, ela quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração (BORÉM; MIRANDA, 2005). Uma das funções mais importante da herdabilidade no sentido restrito é predizer o ganho devido á seleção, expressando confiança no fenótipo como estimador do valor genético.

Estudos de herdabilidade voltada para produção animal vem crescendo dentro do Brasil, pois o mesmo serve como auxílio em programas de melhoramento animal. E o número de trabalhos publicados contendo estimativas de herdabilidade para características de crescimento em bovinos de corte, é suficientemente grande para se conduzir análises visando determinar que fatores afetam essas características e fazer recomendações considerando valores combinados apropriados (GIANNOTTI et al., 2002).

Tabela 1. Estimativas de herdabilidades (h^2) do peso ao nascer (PN), aos 120 (P120), 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idades e raças de acordo com diversos autores.

<u>Autor (es)</u>	<u>Raça</u>	<u>Idade</u>	<u>h^2</u>	<u>Periódicos</u>
Pedrosa et al. (2014)	Nelore	PN	0,31	Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia
		P205	0,22	
Amaral et al. (2014)	Nelore	P205	0,19	Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal
		P365	0,24	
		P550	0,18	
Santos et al. (2012)	Nelore	P205	0,33	Acta Scientiarum
		P365	0,51	

		P550	0,41	
Lacerda et al. (2014)	Nelore	P205	0,21	Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal
		P365	0,21	
		P550	0,21	
Gonçalves et al. (2011)	Nelore	P205	0,6	Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia
		P365	0,68	
		P550	0,75	
Holanda et al. (2004)	Nelore	PN	0,23	Archivos de zootecnia
		P205	0,12	
SAKAGUTI et al. (2003)	Nelore	PN	0,36	Revista Brasileira de Zootecnia
		P120	0,43	
		P205	0,46	
		P365	0,36	
		P550	0,35	

2.5.2 Correlações genéticas

As estimativas de parâmetros genéticos permitem monitorar a eficácia de estratégia de melhoramento e assegurar que a pressão de seleção seja direcionada para as características de importância econômica, além de auxiliar na definição dos objetivos da seleção (RODRIGUES et., al 2010). Quando se objetiva estudar parâmetros genéticos, deve se utilizar material representativo da população, dentre os parâmetros podemos evidenciar as correlações genéticas.

Correlação genética é um parâmetro que indica o grau de associação genética entre duas características e de grande importância no melhoramento animal. A correlação permite prever como uma característica deverá se

comportar a partir de outras características (LIRA et al., 2008). As correlações entre duas ou mais características estimam o nível de união entre elas, sendo a origem e a grandeza da relação existente de grande importância no melhoramento em geral, pois visa aprimorar o material genético de um conjunto de caracteres que agem simultaneamente (GARNERO, 2010).

A relevância da correlação genética para o melhoramento genético está no fato de possibilitar prever o quanto à seleção de uma característica qualquer irá influenciar outra característica, positivamente ou negativamente e em qual intensidade (GUIMARÃES; FARIA, 2010). Ela diz o quanto às características distintas podem ser afetadas por um mesmo conjunto de genes, cuja explicação genética está no fenômeno pleiotropia.

A literatura distingue duas causas de correlações fenotípicas, a correlação genética, que a causa principal é o pleiotropismo, quando um gene afeta duas ou mais características e a outra é a correlação ambiental, quando duas características estão influenciadas pelas mesmas variações nas condições ambientais. Correlação ambiental quando apresenta valores negativos, mostra que as características são favorecidas pelo ambiente, e valores positivos, indica que o ambiente pode tanto prejudicar ou beneficiar as características.

A correlação é estimada por análise de variância, e seus valores pode variar de -1 a 1, ou seja, a correlação pode ser negativa ou positiva para determinadas características. Entretanto, faltam pesquisas sobre peso adulto de raças zebuínas em condições brasileiras, desde abordagens de quais pesos devem ser considerados na avaliação genética até a magnitude das correlações com pesos e ganhos de peso obtido em idades jovens (BOLIGON et al., 2009).

Pesos padronizados a determinadas idades e taxas de ganho de peso em um dado período têm sido as características mais comumente utilizadas em programas de seleção, principalmente, por serem correlacionadas positivamente com outras características de igual interesse econômico e por apresentarem facilidade de obtenção, além de responderem favoravelmente aos processos de seleção impostos, uma vez que apresentam coeficientes de herdabilidade geralmente elevados (LÔBO, 2002).

Conhecer as correlações genéticas entre as características de crescimento é um aspecto crucial para se definir novos critérios de seleção, uma vez que a demanda do mercado têm mostrado a necessidade de mudanças nos critérios de seleção já adotados (FARIA et al., 2008). A importância dos estudos de correlações em bovinos de corte está no fato que a seleção para uma determinada característica pode causar resposta em outra geneticamente e nos permite conhecer as relações entre as características de importância para o melhoramento genético animal.

3 REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento de plantas**. São Paulo: Edgar Blucer, 1971, 381p.

AMARAL, R. S. et al. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovinos Nelore mocho do Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n. 2, p. 261-271, 2014.

AMBROSINI, D. P. et al. Interação genótipo x ambiente via modelos de normas de reação para características de crescimento em bovinos Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 2, p. 177-186, 2016.

ARAUJO NETO, F. R.; LÔBO, R. B.; MOTA, M. D. S.; OLIVEIRA, H. N. D. Genetic parameter estimates and response to selection for weight and testicular traits in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**, v. 10, n. 4, p. 3127-3140, 2011.

BARBOSA, L. et al. Comparação entre modelos para estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho em suínos da raça Large White. **Revista Ceres**, v. 55, n. 1, p. 60-65, 2015.

BOLIGON, A. A. et al. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p. 2320-2326, 2009.

BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. D.; RORATO, P. R. N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 4, p. 596-601, 2008.

BOREM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 4. Ed. Viçosa : UFV, 2005. v. 1. 525p.

FALCÃO, A. J. S. et al. Efeitos do número de animais na matriz de parentesco sobre as estimativas de componentes de variância para produção de leite usando os métodos de máxima verossimilhança restrita e Bayesiano. **Revista Brasileira Zootecnia**, v.38, n.8, p.1478-1487, 2009.

FARIA, C. U. et al. Estimativas de correlações genéticas entre escores visuais e características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando modelos bayesianos linear-limiar. **Ciência Animal Brasileira**, v. 9, n. 2, p. 327-340, 2008.

FARIA, C. U. et al. Inferência bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, v. 8, n. 1, p. 75-86, 2007.

FERRIANI, L. et al. Parâmetros genéticos de características de carcaça e de crescimento de bovinos da raça Nelore. **Archivos de zootecnia**, v. 62, n. 237, p. 123-129, 2013.

FREITAS, A. R. et al. Uso da máxima verossimilhança restrita e transformação canônica para estimação de parâmetros genéticos de características de crescimento em bovinos. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 23, n. 3, p. 394-401, 1994.

GARNERO, A. V. et al. Estimação de parâmetros genéticos entre pesos pré e pós-desmama na raça Nelore. **Archivos de Zootecnia**, v. 59, n. 226, p. 307-310, 2010.

GIANNOTTI, J. G.; PACKER, I. U.; MERCADANTE, M. E. Z. . Meta-análise para estimativas de correlação genética entre pesos ao nascer e desmama de bovinos. **Scientia Agricola** , Piracicaba, v. 59, n.3, p. 435-440, 2002.

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

GONÇALVES, F. M. et al. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia** , v. 63, n. 1, p. 158-164, 2011.

GUIMARÃES, P. H .R.; FARIA, C. U. Caracterização da raça Nelore Mocho no Brasil: Revisão bibliográfica. **PUBVET**, Londrina, v. 4, n. 37, Ed. 142, Art. 956, 2010.

HENDERSON, C. R. Recent developments in variance and covariance estimation. **Journal of Animal Science**, v. 63, n. 1, p. 208-216, 1986.

HISTÓRIA da raça Nelore. Zebu para o mundo. Disponível em: http://www.zebuparaomundo.com/zebu/index.php?option=com_content&task=view&id=357&Itemid=75.. Disponibilizado em: 14 jan. 2011.

HOLANDA, M. C. R. et al. Tendências genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco, Brasil. **Archivos de zootecnia**, v. 53, n. 202, p. 185-194, 2004.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Estatística da produção pecuária**. Dezembro de 2013. Disponível em: <www.ibge.gov.br/.../abate-leite-couroovos_201303_publ_completa.pdf>. Acesso em: 02 de mar. 2017.

LACERDA, J. J. et al. Parâmetros e tendências genéticas para características de crescimento em bovinos da raça Nelore no Estado da Bahia utilizando inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n. 1, p. 10-9, 2014.

- LIRA, T.; ROSA, E. M.; GARNERO, A. V. Parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em zebuínos de corte (REVISÃO). **Ciência Animal Brasileira**, v. 9, n. 1, p. 1-22, 2008
- LÔBO, R. N. B. et al. Correlações entre características de crescimento, abate e medidas corporais em tourinhos da raça Nelore. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 33, n.2, p. 93-100, 2002.
- MALHADO, C.H.M et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas e produtivas de búfalas mestiças no Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.10, n.4, p.830- 839, 2009.
- MARQUES, E. G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características de crescimento, carcaça e perímetro escrotal de animais da raça Nelore avaliados em provas de ganho em peso em confinamento. **Bioscience Journal**, v. 29, n. 1, 2013.
- MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B.; REYES, A. Parâmetros genéticos para características de crescimento em zebuínos de carne. **Archives Latino americanos de Production Animal**, v. 3, n. 1, p. 45-89, 1995.
- NOGUEIRA, D.A. et al. Análise clássica e bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. **Ciência e Agrotecnologia, Lavras**, v. 27, p. 1614-1624, 2003.
- PATTERSON, H. Desmond; THOMPSON, Robin. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, p. 545-554, 1971.
- PEDROSA, V. B. et al. Utilização de modelos unicaracterística e multicaracterística na estimação de parâmetros genéticos na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 66, n. 6, p. 1802-1812, 2014.
- PIERCE, B. A. Genética: um enfoque conceitual. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2004. p. 758.
- OLIVEIRA, A. P. et al. Inferência bayesiana na avaliação genética de bovinos da raça Tabapuã do nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 28, n. 4, p. 227-234, 2015.
- PINTO, C. et al. Incerteza e Flexibilidade na Pecuária de Corte Brasileira: o Valor da Opção de Confinamento. **BBR - Brazilian Business Review**, v. 12, n. 6, p. 102-123, 2015.
- RESENDE, M. D. V. Et al. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v. 32, n. 33, p. 18-45, 1996.

RODRIGUES, A. E. et al. Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas em búfalos na Amazônia Oriental. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.62, n.3, p.712-717, 2010.

SAKAGUTI, E. S. et al. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 4, p. 864-874, 2003.

SANTANA, J. G.; JOSAHKIAN, A. L. Efeitos da endogamia em zebuínos com ênfase na raça nelore. **Cadernos de Pós-Graduação da FAZU**, v. 1, 2011.

SANTOS, L. H. et al. Estrutura populacional e tendências genéticas e fenotípicas da raça Guzerá no Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 13, n. 4, p. 1032-1043, 2012.

SANTOS, G. C. J. et al Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos nelore da região Norte do Brasil. **Acta Scientiarum Animal Sciences**, v. 34, p. 97-101, 2012.

SANTOS, N. P. S. et al. Estimação de parâmetros genéticos de pesos em diferentes idades em bovinos da raça Nelore criados no Meio Norte do Brasil usando Amostragem de Gibbs. **Acta Tecnológica**, v. 7, n. 2, p. 1-7, 2012.

SILVA, J. A. I. et al. Análise genética de características de crescimento e perímetro escrotal em bovinos da raça Brangus. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 8, p. 1166-1173, 2012.

SILVA, J. A. I. et al. Influência de fatores ambientais sobre pesos pré-desmama de bovinos cruzados Aberdeen Angus x Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 16, n. 2, p. 278-289, 2015.

SOUSA JÚNIOR, S. C. et al. Estimação bayesiana de componentes de (co) variância de características ponderais na raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.12, n.2, p.350-358, 2011.

SOUSA, J. E. R. et al . Estimativas de componentes de covariância e parâmetros genéticos de pesos corporais em caprinos Anglo-Nubiano. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 4, n. 2, p. 211-216, 2009.

SOUZA, L. A. et al. Curvas de crescimento em bovinos da raça Indubrasil criados no Estado do Sergipe. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 41, n. 4, p. 671-676, 2010.

WEBER, T. et al. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas e de conformação na fase pré-desmama em uma população da raça Aberdeen Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 5, p. 832-842, 2009.

WRIGHT, S. The relative importance of heredity and environment in determining the piebald pattern of guinea-pigs. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 6, n. 6, p. 320-332, 1920.

4 CAPITULO I

AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS NELORE NO NORTE DO BRASIL

Avaliação de características de crescimento de bovinos Nelore no Norte do Brasil

Amauri Felipe Evangelista⁽¹⁾ e Severino Cavalcante de Sousa Júnior⁽²⁾

⁽¹⁾ Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Universidade Federal do Piauí – (UFPI), Teresina, Brasil. E-mail: amaurifelipe17@hotmail.com ⁽²⁾ Universidade Federal do Piauí – (UFPI), Parnaíba, Brasil. E-mail: sevzoo@yahoo.com.br

Resumo: O objetivo com este trabalho foi estimar os componentes de covariância e parâmetros genéticos das características peso ao nascer (PN), à desmama (P205), ao ano (P365) e sobreano (P550), utilizando modelos uni e multicaracterísticas com informações de 44.106 animais da raça Nelore, nascidos entre 1978 e 2011 da região Norte do Brasil. Os componentes de covariâncias e parâmetros genéticos foram obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), usando o aplicativo WOMBAT, com modelos que incluíram o efeito genético aditivo direto e materno, como aleatórios, e grupo de contemporâneo (sexo, ano e mês de nascimento do animal e da pesagem, rebanho e categoria (mamando ou desmamando)) como efeito fixo. Os coeficientes de herdabilidade direta estimados para as características estudadas foram de média magnitude, variando de 0.32 (unicaracterística) a 0.48 (multicaracterísticas). A herdabilidade materna para PN e P205 foram 0.16 e 0.08, respectivamente, indicando que diminuiu o efeito materno ao longo da trajetória de crescimento. A correlação genética entre as características foi alta, com valores positivos e superiores a 0.73. Os valores de herdabilidade direta indicam que os rebanhos da região apresentam variabilidade genética aditiva nessas características, portanto, espera-se progresso genético considerável utilizando essas características para a seleção.

Termos para indexação: Avaliação genética, correlação, herdabilidade, zebu.

Evaluation of growth traits of Nelore cattle in Northern Brazil

26
27

28 Abstract: The aim of this study was to estimate covariance and genetic parameters for birth
29 weight (PN), weaning weight (P205), yearling weight (P365), and post-yearling (P550), using
30 single and multitrait models, with information from of 44,106 animals from Nelore breed
31 born between 1978 and 2011 in Northern Brazilian. The (co) variance and genetic parameters
32 were obtained by using the Restricted Maximum Likelihood (REML) method, using
33 WOMBAT software, with models which included direct additive genetic and maternal genetic
34 effects as random effects, and contemporary group (sex, year and month of birth and of
35 weighting, herd, and category (nursing or weaning)) as fixed effect. The coefficient of direct
36 heritability estimated for traits in study presented average magnitude, ranging from 0.32
37 (single-trait) to 0.48 (multitrait). Maternal heritability for PN and P205 were 0.16 and 0.08,
38 respectively, indicating that maternal effect decreased during growth. Genetic correlation
39 between traits was high, showing positive values, higher than 0.73. Average magnitudes of
40 direct heritability values indicate that Nelore herds from Brazil Northern have additive
41 genetic variability for the traits studied. Thus, significant progress it is expected by using
42 these traits for selection.

43 Index terms: Correlation, genetic evaluation, heritability, Zebu cattle.

44

45

Introdução

46

47 O Brasil apresenta o maior rebanho comercial de bovinos do mundo, cujo efetivo em
48 sua maioria é composto por animais zebuínos (*Bos indicus*), dos quais 80% pertencem à raça
49 Nelore (FERREIRA et AL., 2015). É uma raça que se adapta bem a vários ambientes e
50 condições meteorológicas, e há um número importante de estudos sobre os parâmetros

51 genéticos de características de crescimento (MARTÍNEZ-GONZÁLEZ et al., 2010), assim a
52 bovinocultura de corte destaca-se como elemento histórico do desenvolvimento brasileiro,
53 fazendo com que a cadeia produtiva de carne se fortaleça, tornando um componente
54 importante do agronegócio.

55 Em programas de melhoramento de bovinos da raça Nelore, avaliação de pesos em
56 diferentes idades, tem se tornado um critério de seleção de grande importância na
57 bovinocultura de corte. Em geral, os pesos padronizados para 120, 205, 365 e 550 dias de
58 idade são analisados com modelos multicaracterísticas, na edição desses pesos, alguns
59 registros obtidos fora de intervalos não são utilizados (PASSAFARO et al., 2016), isso faz
60 que os pesos padronizados apresentem maior acuraria, assim, as análises uni e
61 multicaracterísticas são adequados para a análise genética de crescimento.

62 Algumas pesquisas têm demonstrado vantagens da utilização de modelos
63 multicaracterísticas de análise em comparação aos métodos unicaracterística, por melhor
64 representarem os resultados de seleção em rebanhos comerciais de gado de corte, já que esses
65 consideram diversas características conjuntamente para a formação dos índices de seleção e
66 fatores de descarte (PEDROSA et al., 2014). No âmbito do melhoramento animal, os métodos
67 utilizados na estimação dos componentes de covariância e parâmetros genéticos, têm um
68 papel relevante, neste contexto, a este respeito, o método da máxima verossimilhança restrita
69 (REML), tornou-se cada vez mais frequente nas avaliações genéticas.

70 O conhecimento dos componentes de (co) variâncias dessas características permite
71 ganho no sentido desejado da seleção, pois a mesma mede a relação existente entre duas ou
72 mais características. Os parâmetros genéticos devem ser estimados, pois a herdabilidade são
73 indicativos da fração dos genes de efeito genético aditivo pode ser passado de geração a
74 geração e a correlação irá indicar a mudança genética de uma característica poderá influenciar
75 na outra (MARQUES et al., 2013).

76 O objetivo deste estudo foi estimar os componentes de covariâncias e parâmetros
77 genéticos das características de crescimento, por meio de modelos unicaracterística e
78 multicaracterísticas em bovinos da raça Nelore da região Norte do Brasil.

79

80 **Material e Métodos**

81

82 Os dados analisados são provenientes de rebanhos da raça Nelore nascido entre 1978 e
83 2011, participantes do Programa de desenvolvimento ponderal da Associação Brasileira de
84 Criadores de Zebu (ABCZ), que este estão localizado nos sete estados da região Norte do
85 Brasil (Amazonas, Acre, Amapá, Roraima, Rondônia, Pará e Tocantins). As características
86 estudadas foram pesos ao nascer (PN), ao desmame (P205), ao ano (P365) e sobreano (P550),
87 padronizados para os pesos ao nascer, 205, 365 e 550 dias de idade, respectivamente.

88 A padronização baseia-se em uma pesagem anterior e uma posterior a idade padrão de
89 referência, com desvio de 60 dias. Para o ajuste dos pesos às idades padrão (PN, 205, 365, e
90 550 dias de idade), primeiramente foi necessário a obtenção do ganho médio diário (GMD),
91 sendo a razão da diferença entre os pesos posterior e anterior à idade que se desejava
92 padronizar, pelo número de dias no período compreendido entre as duas pesagens, como
93 mostrado a seguir: $GMD = (Pp - Pa) / (Ip - Ia)$ sugerido por GARNERO et al., 2002.

94 Em que: Pp = peso posterior à idade-padrão; Pa = peso anterior à idade-padrão; Ia =
95 idade do animal em dias na pesagem anterior à idade-padrão e Ip = idade do animal em dias
96 na pesagem posterior à idade-padrão. Posteriormente foram calculados os pesos padronizados
97 de acordo com as seguintes formulas: $\text{Peso padronizado} = Pa + GMD \times da$; Peso padronizado
98 $= Pp - GMD \times dp$

99 No qual, **Pa** é o peso a idade anterior à idade padrão, **Pp** é peso a idade posterior à
100 idade-padrão; **GMD** é o ganho médio diário, **da** corresponde aos dias compreendidos entre a

101 idade anterior e a idade padrão e **dp** corresponde aos dias compreendidos entre a idade
102 posterior e a idade padrão.

103 Para a realização deste trabalho, partiu-se de um banco de dados que constava com
104 44.106 registros de animais. A edição dos dados consistiu em eliminar: registros de pesos com
105 idade acima de 660 dias; animais sem identificação do pai e/ou da mãe; animais com menos
106 de 3 pesagens; e grupos contemporâneos com menos de 3 animais. Os grupos de
107 contemporâneos (GC) foram formados de maneira a identificar apropriadamente a condição
108 ambiental de criação e a permitir melhor comparação do desempenho dos animais.

109 Os efeitos considerados para a formação dos GC foram: sexo, ano e mês de
110 nascimento do animal, ano e mês da pesagem, rebanho e categoria (mamando ou
111 desmamando). Uma análise de consistência dos dados foi feita com finalidade de excluir
112 registros com possíveis erros de medição (outliers), através da constatação de uma
113 variabilidade expressiva dentro de cada grupo contemporâneo, foram excluídos os registros de
114 peso que apresentavam valores fora do intervalo de 3 desvios-padrão em relação à média do
115 grupo, por meio do software *Statistical Analysis System* versão 9.0 (SAS, 2003).

116 Após edição dos dados, restaram 15.148 observações de peso pertencentes a 3.115
117 animais nascidos entre os anos de 1995 a 2011 e criados em regime alimentar a pasto, com
118 peso médio ao nascer de 34 kg. O peso médio e o número de registros por idade estão
119 representados na figura 1. Em determinadas faixas de idade o número de registros é bem
120 menor, principalmente nas idades próximas ao nascimento e ao final da curva.

121 Os modelos de análise utilizados são descritos, sob forma matricial, como: Peso ao
122 nascer (PN) e pesos ao desmame (P205) foram realizadas segundo o modelo descrito em (A),
123 enquanto que para P365 e P550 o modelo é descrito em (B).

124 Modelo (A) $Y = x\beta + Z1a + Z2m + \epsilon$;

$$V \begin{bmatrix} a \\ m \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma^2 a & 0 & 0 \\ 0 & A\sigma^2 m & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma^2 e \end{bmatrix}$$

125
 126 em que: Y = vetor de observações (PN e P205); X = matriz de incidência que associada aos
 127 efeitos fixos; β = vetor de solução dos efeitos fixos (grupo de contemporâneos); $Z1$ matriz de
 128 incidência associada ao efeito genético aditivo direto de cada animal; a = vetor do efeito
 129 genético aditivo direto; $Z2$ matriz de incidência associada ao efeito genético aditivo materno
 130 de cada animal; m = vetor do efeito genético aditivo materno; ε = vetor dos efeitos residuais;
 131 A = matriz de numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos; $\sigma^2 a$ = variância
 132 genética aditiva direta; $\sigma^2 m$ = variância genética aditiva materna; I = matriz identidade; e $\sigma^2 \varepsilon$
 133 = variância residual.

134 Para o peso ajustado do peso ao nascer (PN) e aos 205 (P205) dias de idade, foi
 135 aplicado um modelo considerando como efeitos aleatórios, efeitos genéticos (aditivo direto),
 136 efeitos genéticos (aditivo materno) e efeito ambiental, como efeitos fixos, considerou-se os
 137 grupos contemporâneos.

138 Modelo (B) $Y = X\beta + Za + \varepsilon$;

$$139 \quad V \begin{bmatrix} a \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma^2 a & 0 \\ 0 & I\sigma^2 e \end{bmatrix}$$

140 em que: Y = vetor de observações (P365 e P550); β = vetor de solução dos efeitos fixos (grupo
 141 de contemporâneos); Z matriz de incidência associada ao efeito genético aditivo direto de
 142 cada animal; a = vetor do efeito genético aditivo direto; e, ε = vetor dos efeitos residuais; A =
 143 matriz de numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos; $\sigma^2 a$ = variância
 144 genética aditiva direta; I = matriz identidade; e $\sigma^2 \varepsilon$ = variância residual.

145 Para as análises do P365 e P550 foi utilizado um modelo semelhante ao descrito
 146 anteriormente, com os mesmos efeitos fixos, porem, considerando-se como aleatório apenas o
 147 efeito genético aditivo direto e efeito ambiental.

148 Os componentes de variâncias genética, residual e fenotípica, utilizados para a
149 obtenção das estimativas de herdabilidades e correlações, foram estimados pelo método da
150 máxima verossimilhança restrita, utilizando-se o software WOMBAT (MEYER, 2007).
151 Nesse estudo, em análises preliminares, verificou-se que ao incluir o efeito de ambiente
152 permanente, a convergência foi dificultada e valores incomuns foram estimados,
153 provavelmente em razão do volume de dados disponível, que partiu de 44.106 informações e
154 com a consistência dos dados o numero de informações reduziu para 15.148.

155

156 **Resultados e Discussão**

157

158 As médias observadas dos pesos ao nascer, 205, 365 e 550 dias de idade e seus
159 respectivos desvios-padrão foram iguais a 34.01 ± 8.10 ; 167.52 ± 23.86 ; 217.67 ± 32.84 ; e
160 $278,23 \pm 41.85$, com coeficientes de variação de 23,81%, 14,24%, 15,08% e 15,04%, são
161 apresentados na tabela 1. Para os pesos PN, P205, P365 e P550, foram formados 157, 289,
162 122 e 87 grupos de contemporâneos que apresentaram, respectivamente, 950, 1157, 1036 e
163 1167 animais.

164 As estimativas de variâncias genéticas aditivas, materna, ambiental e fenotípicas são
165 apresentadas na Tab. 2, para as características PN, P205, P365 e P550. As variâncias
166 genéticas aditivas das análises multicaracterísticas foram superiores às estimadas nas análises
167 unicaracterística. Essa diferença no aumento do componente de variância genético aditivo no
168 modelo multicaracterísticas reflete a redução do viés existente nas análises que consideram
169 apenas o desempenho de uma característica individualmente ou que consideram somente duas
170 características como critério de avaliação (PEDROSA et al., 2014).

171 Os resultados deste trabalho confirmam com Boligon et al. (2009), analisando animais
172 da raça nelore, obtiveram estimativas de variância genética aditiva superiores em análises

173 multicaracterística, quando comparada com as unicaracterística. Com exceção o peso a
174 desmama, houve aumento nas estimativas de variâncias genéticas aditivas nos diferentes
175 pesos de bovinos quando avaliados nas análises, em outra pesquisa, avaliando pesos ao
176 nascimento, à desmama, ao ano e sobreano, Meyer et al., (1993) observaram aumento nas
177 estimativas da variância genética aditiva em análises envolvendo três ou quatro pesos
178 simultaneamente em relação às análises unicaracterística.

179 No caso da variância genética materna, as estimativas obtidas das análises
180 multicaracterística foram maiores que as obtidas na análise unicaracterística, a elevada
181 variância genética materna na análise multicaracterística supostamente é resultante das
182 diferenças na partição das variâncias genética direta e materna em relação às análises
183 unicaracterística. Em gado de corte, os efeitos maternos são importantes para as
184 características de crescimento até a desmama, embora efeitos significativos permaneçam após
185 a desmama e tenham sido identificados para pesos em idades avançadas, os modelos que não
186 incluem os efeitos maternos conduzem a superestimativas de herdabilidade direta (BALDI et
187 al., 2010).

188 As estimativas da variância residual para as características foram mais altas nas
189 análises multicaracterística em comparação às estimadas nos modelos unicaracterística. Isso
190 se deve à influência da pré-seleção existente no período da desmama, em que muitos animais
191 são descartados antes de atingirem a idade ao sobreano e, conseqüentemente, uma possível
192 subestimação da variância residual é aferida nos modelos unicaracterística (PEDROSA et al.,
193 2014). Isso mostra a importância de analisar todas as características simultaneamente, pois
194 facilitará durante o processo de descarte e seleção dos animais.

195 Para as variâncias fenotípicas obtidas pelo modelo unicaracterística foram menores em
196 comparação ao multicaracterística. De acordo com Pelicione et al. (2009), as diferenças nas
197 variâncias fenotípicas entre modelos, principalmente nas idades finais, podem ser reflexo, ao

198 menos em parte, de vieses na amostra, como consequência do descarte nas fases pós-
199 desmama. Outra hipótese seria a diferença referente ao maior viés proporcionado pelo uso da
200 metodologia unicaracterística quando comparada a multicaracterísticas e isso resultara
201 mudanças das herdabilidades e correlações entre as características.

202 Em termos gerais, as estimativas de herdabilidade direta pelas análises
203 multicaracterísticas foram superiores que as obtidas pelas análises unicaracterística,
204 principalmente para o peso a desmama (Tabela 3). Baldi et al. (2010), obtiveram estimativas
205 de herdabilidade diretas superiores em análises multicaracterísticas em relação às obtidas por
206 análises unicaracterística, isso mostra que parte do efeito genético materno não é considerada
207 uma vez que une todas as características.

208 Em análise unicaracterística obtiveram-se valores de herdabilidades direta de 0.47,
209 0.32, 0.43 e 0.44, respectivamente, para PN, P205, P365 e P550, na mesma ordem, para
210 análise multicaracterística, as herdabilidades foram de 0.48, 0.34, 0.44 e 0.45. As
211 herdabilidades maternas nas análises unicaracterística para as características PN e P205
212 foram 0.16 e 0.08, na mesma ordem, para análise multicaracterística as herdabilidades foram
213 0.16 e 0.09. Esses resultados são condizentes com o trabalho de BOLIGON et al., (2009).

214 As herdabilidades direta estimadas foram de magnitude alta e indicam boa relação
215 entre o fenótipo e genótipo dos indivíduos, mostrando que o fenótipo é um bom indicador do
216 genótipo dos indivíduos. Portanto, a seleção desses indivíduos pelo fenótipo poderá promover
217 ganho genético na população.

218 As herdabilidades estimadas para PN foi considerada de média alta, a estimativa estão
219 de acordo com os valores descritos na literatura para animais da raça Nelore (Machado et al.,
220 1999; Pádua e Silva 1994) em que nesses trabalhos, as estimativas variaram 0.48 e 0.46.
221 Entretanto, o valor da herdabilidade neste estudo é superior aos observados por Passafaro et
222 al. (2016), Sousa Junior et al. (2014) e Faria et al. (2012), que estimaram valores,

223 respectivamente, 0.22, 0.15 e 0.36. Porém, a estimativa de herdabilidade de 0.48 estimada nas
224 análises multicaracterística e 0.47 estimada na unicaracterística é inferior ao resultado de 0,59
225 obtido por MARTÍNEZ-GONZÁLEZ et al., (2010) e 0.53 por LOPES et al., (2016).

226 Os resultados das herdabilidade direta no PN foram de média a alta magnitude, e
227 indicam que a seleção para aumentar o peso pode resultar no incremento da média dessa
228 característica. Entretanto, a seleção para aumentar o PN não é recomendada, pois poderia
229 acarretar em aumento da incidência de partos distócicos, deve-se procurar manter o PN
230 próximo à média da raça, uma vez que bezerros que nascem leves têm maior probabilidade de
231 vir a óbito (FARIA et al., 2012).

232 Para PN, observou-se herdabilidade materna (0.16) de baixa magnitude nas duas
233 análises. Apesar da baixa magnitude, as estimativas de herdabilidade materna indicam que, na
234 fase em que os bezerros ficam aos cuidados da vaca, ainda há influência da mãe sobre o
235 desempenho do bezerro, fato que justifica a inclusão do efeito materno no modelo, para a
236 busca de maior acurácia na partição das variâncias (AMBROSINI et al., 2016).

237 A herdabilidade direta estimadas para P205 (desmama) foi igual a 0.32 nas análises
238 unicaracterística e 0.34 na análise multicaracterística, considerada moderada. Estão de acordo
239 com os valores descritos na literatura para animais da raça Nelore (Santos et al., 2012 e
240 Boligon et al., 2010) em que, nesses trabalhos, as estimativas foram 0,33. A estimativa
241 observada para o peso à desmama, neste trabalho, é superior às outras relatadas em trabalhos
242 consultados, Amaral et al. (2014), Malhado et al. (2010) e Lacerda et al., (2014),
243 respectivamente, 0.19, 0.20 e 0.21, todos os resultados em rebanhos de nelore.

244 Para P205, observou-se baixa herdabilidade materna no modelo unicaracterística
245 (0.08) e no modelo multicaracterísticas (0.09), indicando redução da influência dos efeitos
246 maternos para essa característica em relação ao PN. Isso demonstrando que parte do efeito
247 genético materno é desconsiderada quando não se utilizam todas as características

248 conjuntamente (PEDROSA et al., 2014). A herdabilidade materna do P205 estimada nesse
249 estudo foi inferior a herdabilidade direta, o que também é coerente com outros estudos (LIRA
250 et al., 2013, BOLIGON et al 2010 e ARAUJO et al., 2016).

251 O efeito materno teve pouca importância no peso a desmama, por motivo da alta
252 variância aditiva e baixa variância materna estimadas nessa característica em relação ao PN.
253 Laureno et al. (2011), São poucos os estudos que incluem o efeito materno na avaliação do
254 peso ao sobreano, entretanto a baixa magnitude dessa herdabilidade é esperada, uma vez que a
255 influência dos efeitos maternos em pesos pós-desmama é menor. Entretanto, Albuquerque
256 (2001), relata que em idades pós-desmama, apesar da baixa relevância, o efeito materno
257 continua presente.

258 O peso ao desmame deve constar em programas de seleção, pois é uma medida que
259 serve para indicar sua habilidade materna, que é muito importante na exploração, pois os
260 ganhos em peso alcançados à desmama apresentam custos inferiores aos obtidos em idades
261 mais avançadas (SANTOS et al., 2012).

262 Para P365, o valor estimado da herdabilidade direta (0.43) e (0.44), respectivamente
263 nas análises unicaracterística e multicaracterística, é considerada de alta magnitude. O
264 presente trabalho, apresentaram valores semelhantes aos estimados por Araujo Neto et al.,
265 (2011) e MOREIRA et al., (2015) ambos em bovinos da raça Nelore, e superiores aos
266 encontrados por Lopes et al. (2012), Souza et al.(2011), Araujo Neto et al., (2011) e Araújo et
267 al.(2016), em bovinos Nelore. Entretanto, foram inferiores em trabalhos encontrados por
268 Gonçalves et al. (2011), Santos et al.,(2012) e TORAL et al., (2014).

269 As estimativas de herdabilidade direta para P550 obtidas neste estudo são semelhantes
270 aos valores estimados por Boligon et al., (2013), Ferreira et al., (2015) e Lira et al., (2013). Já
271 nos trabalhos de Lopes et al. (2012), Gonçalves et al. (2011) e Tíneo et al., (2016), que
272 avaliando o peso corporal em rebanho Nelore, encontraram valores superiores,

273 respectivamente, 0.46, 0.75 e 0.71. As herdabilidades diretas aqui estimadas para P365 e
274 P550, no rebanho Nelore, indicou valores moderados, mostrando que existe a possibilidade de
275 ganhos genéticos por meio da seleção direta

276 Ficou evidente que a herdabilidade (direta) das características PN, P205, P365 e P550
277 com valores de médias alta magnitudes, indicando grande variabilidade genética aditiva direta
278 no Nelore da região Norte, que realizando uma seleção massal, há chance de progresso
279 genético nas características de crescimento. O baixo valor de herdabilidade materna
280 apresentados no P205 (0.08) em relação ao PN (0.16) é explicado pelo fato do efeito materno
281 exercer menor contribuição nesta fase, pois este efeito tende a diminuir ao longo do tempo,
282 sendo mínimo quando se chega na idade adulta.

283 A avaliação de uma característica utilizando-se análise multicaracterística, ela se faz
284 pela ajuda das outras, através dessas análises, podemos obter os resultados das correlações. As
285 correlações genéticas entre as características analisadas para o modelo multicaracterística
286 (Tab. 4) foram altas (0.88, 0.86, 0.83, 0.84, 0.81 e 0.86) e positivas, variando de 0.81
287 (P205xP550) a 0.88 (PNx205), e indicam que grande parte dos genes de ação aditiva que
288 influencia no PN também influencia no P205, P365 e P550, além de indicar fortes associações
289 genéticas entre todas as características.

290 No geral, observa-se a diminuição das correlações à medida que aumenta a distância
291 entre as pesagens. Resultados semelhantes foram encontrados por Ferraz Filho et al.(2002). No
292 entanto, resultados superiores para este parâmetro, foram encontrados por Cucco et al. (2010),
293 Sousa Júnior et al., (2011) e Oliveira et al. (2015), resultados inferiores foram encontrados por
294 Lacerda et al., (2014) e Souza et al., (2011).

295 De modo geral, são esperadas correlações altas entre as pesagens, pois o peso a idade
296 mais jovem é um componente do peso a idade posterior (OLIVEIRA et al., 2015). As
297 correlações genéticas entre as características estudadas foram superiores em magnitude à

298 fenotípica (0.56, 0.52, 0.48, 0.83, 0.74 e 0,87). À medida que se distanciava os pesos dos
299 animais, as correlações diminuían.

300

301

Conclusão

302

303 Os valores da herdabilidade dos pesos obtido nas análises unicaracterística e
304 multicaracterísticas são de magnitude alta, indicando que pode ser utilizada a seleção. O
305 rebanho Nelore criado na região Norte do Brasil e este rebanho apresentam grande potencial
306 de resposta à seleção individual para o aumento de peso. A herdabilidade materna foi
307 moderada, apresentou influencia sobre as características e mostrou a importância desse efeito
308 nos modelos de avaliação genética, com o objetivo de estimar parâmetros genéticos com
309 maior precisão.

310 A correlação genética entre as características foram de alta magnitude, indicando a
311 possibilidade de ganho genético, mostrando que a seleção para o cada um desses pesos,
312 acarretará na melhoria da outra, indicando que a seleção ainda pode ser feita na idade jovem.
313 A correlação fenotípica foi positiva e de alta magnitude entre os pesos, mostrou que a
314 superioridade dos animais jovens, permanecerá com o avanço da idade.

315

316

317

318

319

320

321

322

323

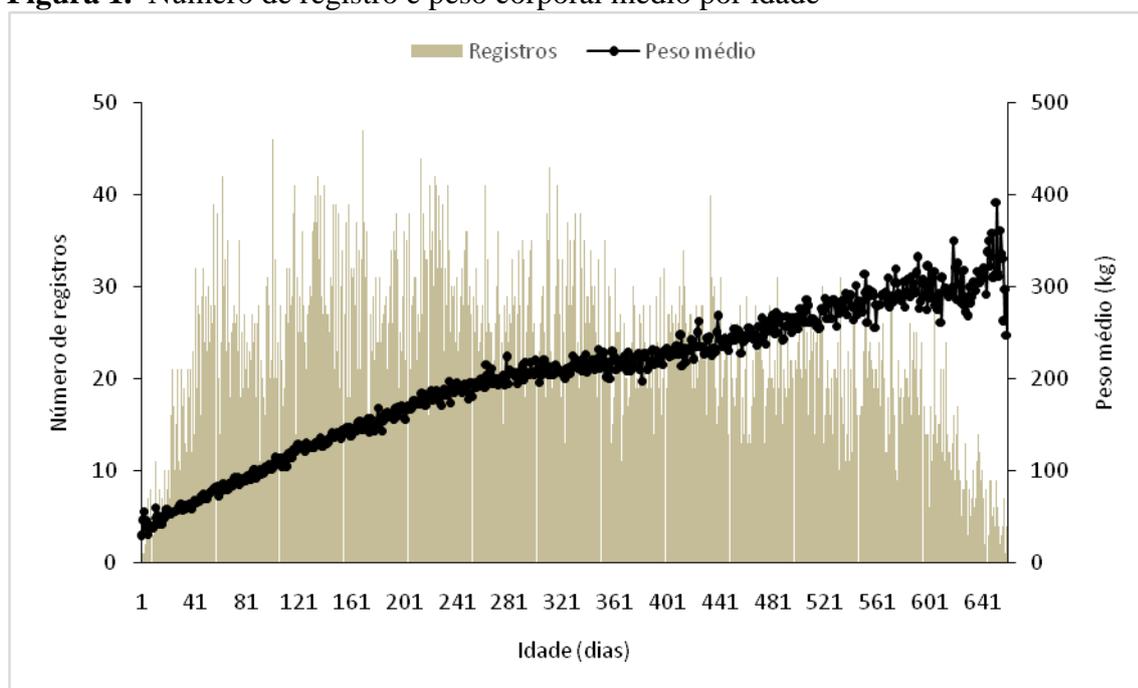
Referências Bibliográficas

- 324 ALBUQUERQUE, L. G. Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from
325 birth to 600 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal breeding and Genetics**, v. 118,
326 n. 2, p. 83-92, 2001. DOI: 10.1046/j.1439-0388.2001.00279.x
- 327
328 AMARAL, R. S.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; AMBROSINI, D. P.;
329 MALHADO, C. H. M. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de
330 crescimento em bovinos Nelore mocho do Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Saúde e**
331 **Produção Animal**, v.15, n.2, p.261-271, 2014. DOI: 10.1590/S1519-99402014000200003.
- 332
333 AMBROSINI, D. P.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, P. L. S. et
334 al. Interação genótipo x ambiente via modelos de normas de reação para características de
335 crescimento em bovinos Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 2, p. 177-186,
336 2016. DOI: 10.1590/S0100-204X2016000200010.
- 337
338 ARAUJO NETO, F. R.; LÔBO, R. B.; MOTA, M. D. S.; OLIVEIRA, H. N. D. Genetic
339 parameter estimates and response to selection for weight and testicular traits in Nelore
340 cattle. **Genetics and Molecular Research**, v. 10, n. 4, p. 3127-3140, 2011. DOI:
341 10.4238/2011.December.19.1.
- 342
343 ARAÚJO, C. V.; NEHLS, W. F.; LAUREANO, M. M. M.; ZUBLER, R., LÔBO, R. B.;
344 FIGUEIREDO, L. G. G.; BEZERRA, L. A. F. Modelos de regressão aleatória para
345 características de crescimento de bovinos da raça Nelore do estado de Mato Grosso. **Arquivo**
346 **brasileiro de medicina veterinária zootecnia**, v. 68, n. 2, p. 448-456, 2016.
347 DOI:10.1590/1678-4162-8340.
- 348
349 BALDI, F.; ALENCAR, M. M.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de parâmetros
350 genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchin utilizando modelos
351 de dimensão finita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 11, p. 2409-2417, 2010. DOI:
352 10.1590/S1516-35982010001100013.
- 353
354 BOLIGON, A. A.; SILVA, J. A. V.; SESANA, R. C.; SESANA, J. C.; JUNQUEIRA, J. B.;
355 ALBUQUERQUE, L. G. D. Estimation of genetic parameters for body weights, scrotal
356 circumference, and testicular volume measured at different ages in Nelore cattle. **Journal of**
357 **animal science**, v. 88, n. 4, p. 1215-1219, 2010. DOI: 10.2527/jas.2008-1719.
- 358 BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L. G.; MERCADANTE, M. E.; LÔBO, R. B.
359 Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça
360 Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2320-2326, 2009. DOI:
361 10.1590/S1516-35982009001200005.
- 362
363 BOLIGON, A.A.; BIGNARDI, A.B.; MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B.;
364 ALBUQUERQUE, L.G. Principal componentes and fator analytic models for birth to mature
365 weights in Nelore cattle. **Livestock Science**, v.152, p.135-142, 2013.
366 DOI.org/10.1016/j.livsci.2013.01.005
- 367
368 CUCCO, D. C.; FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; BALIEIRO, J. C. C.; MATTOS, E. C.;
369 VARONA, L. Genetic parameters for post-weaning traits in Braunvieh cattle. **Genetics and**

- 370 **Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 9, n.1, p. 545-553, 2010. DOI: 10.4238/vol9-
371 1gmr764
- 372
- 373 FARIA, L. C.; QUEIROZ, S.; LÔBO, R. B.; BUZANSKAS, M.; VENTURINI, G.;
374 MUNARI, D.; OLIVEIRA, J. Análise genética de características reprodutivas na raça
375 Brahman. **Archivos de zootecnia**, v. 61, n. 236, p. 559-567, 2012. DOI: 10.4321/S0004-
376 05922012000400008
- 377
- 378 FERRAZ FILHO, P. B.; RAMOS, A. A.; SILVA, L. O. C.; SOUZA, J. C.; ALENCAR, M.
379 M. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes
380 idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**, v. 7, n. 1, p. 65-69,
381 2002. DOI: 10.5380/avs.v7i1.3970.
- 382
- 383 FERREIRA, J. L., LOPES, F. B.; PEREIRA, L. S.; NEPOMUCENO, L. L.; GARCIA, J. A.
384 S.; LÔBO, R. B.; SAINZ, R. D. Estimacão de componentes de (co) variâncias para
385 características de crescimento em bovinos Nelore criados no Trópico Úmido do Brasil por
386 meio de regressão aleatória. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 3, p. 1713-1724, 2015.
387 DOI: 10.5433/1679-0359.2015v36n3p1713.
- 388
- 389 GARNEIRO, A. V; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F. Comparação de alguns critérios de
390 seleção para crescimento na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 3, p. 714-
391 718, 2001. DOI: 10.1590/S1516-35982001000300016.
- 392
- 393 GONÇALVES, F. M.; PIRES, A. V.; PEREIRA, I. G.; GARCIA, D. A.; FARAH, M. M.;
394 MEIRA, C. T.; CRUZ, V. A. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho
395 Nelore. **Arquivo brasileiro de medicina veterinária e zootecnia**, v. 63, n. 1, p. 158-164,
396 2011.
- 397
- 398 LACERDA, J. J.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; MALHADO, C. H.
399 M. Parâmetros e tendências genéticas para características de crescimento em bovinos da raça
400 Nelore no Estado da Bahia utilizando inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e**
401 **Produção Animal**, v. 15, n. 1, p. 10-9, 2014. DOI:10.1590/S1519-99402014000100003.
- 402
- 403 LAUREANO, M. M. M.; BOLIGON, A. A.; COSTA, R. B.; FORNI, S.; SEVERO, J.L.P.;
404 ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas de crescimento e
405 reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e**
406 **Zootecnia**, v.63, n.1, p.143-152, 2011. DOI: 10.1590/S1519-99402014000100003.
- 407
- 408 LIRA, T. S.; PEREIRA, L. S.; LOPES, F. B.; LÔBO, R. B.; DE JESUS SANTOS, G. C.;
409 FERREIRA, J. L. Tendências genéticas para características de crescimento em rebanhos
410 Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v. 14, n. 1,
411 p. 23-31, 2013. DOI: 10.5216/cab.v14i1.16785.
- 412 LOPES, F. B.; MAGNABOSCO, C. U.; PAULINI, F.; DA SILVA, M. C.; MIYAGI, E. S.;
413 LÔBO, R. B. Analysis of longitudinal data of Nellore cattle from performance test at pasture
414 using random regression model. **SpringerPlus**, v. 1, n. 1, p. 1-7, 2012.
- 415
- 416 LOPES, F. B.; SILVA, M. C; MAGNABOSCO, C. U.; NARCISO, M. G.; SAINZ, R. D.
417 Selection Indices and Multivariate Analysis Show Similar Results in the Evaluation of

- 418 Growth and Carcass Traits in Beef Cattle. **PloS one**, v. 11, n. 1, p. e0147180, 2016. DOI:
419 10.1371/journal.pone.0147180
- 420
- 421 MACHADO, P. F. A.; AQUINO, L. H.; GONÇALVES, T. M. Estimativas de parâmetros
422 genéticos e critérios de seleção em características ponderais de bovinos Nelore. **Ciência e**
423 **Agrotecnologia**, v. 23, n. 1, p. 197-204, 1999.
- 424
- 425 MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; JAMES, R.P. Genetic improvement and
426 population structure of the Nelore breed in Northern Brazil. **Pesquisa Agropecuária**
427 **Brasileira**, v.45, n.10, p.1109-1116, 2010.
- 428
- 429 MARQUES, E. G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características de
430 crescimento, carcaça e perímetro escrotal de animais da raça Nelore avaliados em provas de
431 ganho em peso em confinamento. **Bioscience Journal**, v. 29, n. 1, 2013.
- 432
- 433 MARTÍNEZ-GONZÁLEZ, J. C.; GARCÍA-ESQUIVEL, F. J.; PARRA-BRACAMONTE, G.
434 M.; CASTILLO-JUÁREZ, H.; CIENFUEGOS-RIVAS. Genetic parameters for growth traits
435 in Mexican Nellore cattle. **Tropical animal health and production**, v. 42, n. 5, p. 887-892,
436 2010.
- 437
- 438 MEYER, K.; CARRICK, M.J.; DONNELLY, B.J.P. Genetic parameters for growth traits of
439 Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. *Journal of Animal Science*,
440 v.71, p.2614-2622, 1993.
- 441
- 442 MEYER, K.; WOMBAT. A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by
443 restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science**, v.8, n.11,
444 p.815-821, 2007.
- 445
- 446 MOREIRA, H. L., CANOVA, É. B.; MUNARI, D. P.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.;
447 DE PAZ, C. C. P. Parâmetros genéticos para período de gestação e características de
448 crescimento pré e pós desmame em bovinos Nelore. **Boletim de Indústria Animal**, v. 72, n.
449 2, p. 130-135, 2015. DOI: 10.17523/bia.v72n2p130.
- 450
- 451 OLIVEIRA, A. P.; MALHADO, C. H. M.; BARBOSA, L. T.; MARTINS FILHO, R.;
452 CARNEIRO, P. L. S. et al. inferência bayesiana na avaliação genética de bovinos da raça
453 tabapuã do nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 28, n. 4, p. 227-234, 2015. DOI:
454 10.1590/1983-21252015v28n425rc.
- 455
- 456 PÁDUA, J.T.; SILVA, R.G. Avaliação genética do desempenho de bovinos mestiços
457 Chianina x Nelore. 1. Fatores envolvidos e estimação de parâmetros genéticos. **ARS**
458 **Veterinária**, Jaboticabal, v.10, n.1, p. 15- 25, 1994.
- 459
- 460 PASSAFARO, T.L.; FRAGOMENI, B.O.; GONÇALVES, D.R.; MORAES, M.M.;
461 TORAL, F.L.B. Análise genética do peso em um rebanho de bovinos Nelore. **Pesquisa**
462 **Agropecuária Brasileira**, v.51, n.2, p.149-158, 2016. DOI: 10.1590/S0100-
463 204X2016000200007.
- 464

- 465 PEDROSA, V. B.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B.; PINTO, L. F. Utilização de modelos
466 unicaracterística e multicaracterística na estimação de parâmetros genéticos na raça Nelore.
467 **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 66, n. 6, p. 1802-1812, 2014.
468 DOI: 10.1590/1678-6170
- 469
470 PELICIONI, L. C.; ALBUQUERQUE, L. G.; QUEIROZ, S. A. Estimação de componentes
471 de co-variância para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzerá
472 empregando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 1,
473 p. 50-60, 2009. DOI:10.1590/S1516-35982009000100007.
- 474
475 SANTOS, N. P. S.; FIGUEIREDO FILHO, L. A. S.; SARMENTO, J. L. R.; MARTINS
476 FILHO, R.; BIAGIOTTI, D.; NETO, A. A. R. Estimação de parâmetros genéticos de pesos
477 em diferentes idades em bovinos da raça Nelore criados no Meio Norte do Brasil usando
478 Amostragem de Gibbs. **Acta Tecnológica**, v. 7, n. 2, p. 1-7, 2012.
- 479
480 SANTOS, G. C. J. ; LOPES, F. B.; MARQUES, E. G.; SILVA, M. C.; CAVALCANTE, T.
481 V.; FERREIRA, J. L. Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de
482 idade de bovinos nelore da região Norte do Brasil. **Acta Scientiarum Animal Sciences**, v.
483 34, p. 97-101, 2012. DOI: 10.4025/actascianimsci.v34i1.12172
- 484 SAS Institute, SAS (Statistical Analysis System). **User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute
485 Inc., 2003.
- 486
487 SOUSA JÚNIOR, S. C.; ARAÚJO NETO, F.; OLIVEIRA, H.; SANTOS, D.;
488 ALBUQUERQUE, L. G.; RUFINO, J. E.; MARTINS FILHO, R. Estimação bayesiana de
489 componentes de (co) variância de características ponderais na raça Tabapuã. **Revista**
490 **Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.12, n.2, p.350-358, 2011.
- 491
492 SOUSA JÚNIOR, S. C.; OLIVEIRA, S. M. P.; ALBUQUERQUE, L.G.; BOLIGON, A. A.;
493 MARTINS FILHO, R. Estimativas de Herdabilidades e Correlações Genéticas para
494 Características de Crescimento da Raça Tabapuã Utilizando Modelo de Regressão
495 Aleatória. **Revista Científica de Produção Animal**, v. 12, n. 2, p. 154-157, 2014. DOI:
496 10.15528/2176-4158/rcpa.v12n2p154-157
- 497
498 SOUZA, J. C.; SILVA, L. O. C.; GONDO, A.; FREITAS, J. A.; MALHADO, C. M.;
499 SERENO, J. R. B.; LAMBERSON, W. R. Parâmetros e tendência genética de peso de
500 bovinos criados a pasto no Brasil. **Archivos de zootecnia**, v. 60, n. 231, p. 457-465, 2011.
501 DOI: 10.4321/S0004-05922011000300035
- 502
503 TINEO, J. S. A.; RAIDAN, F. S. S.; SANTOS, D. C. C.; TORAL, F. L. B. Influência da
504 idade e do peso no início do teste na análise genética de características de crescimento,
505 reprodução e escores visuais de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a
506 pasto. **Archivos de zootecnia**, v. 65, p. 29-34, 2016.
- 507
508 TORAL, F. L. B.; PEREIRA, J. C. C.; BERGMANN, J. A. G.; JOSAHKIAN, L. A.
509 Parâmetros genéticos do peso desde o nascimento até 730 dias de idade na raça Indubrasil.
510 **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.49, n.8, p.595-603, 2014. DOI: 10.1590/S0100-
511 204X2014000800003.
- 512

513 **Figura 1.** Número de registro e peso corporal médio por idade

514

515

516

517 **Tabela 1.** Estatística descritiva das características analisadas na população de bovinos Nelore

518 da Região Norte do Brasil.

Características	Animais	GC	Média	DP	Min	Max	CV%
PN	950	157	34.01	8.10	15.5	55.00	23.81
P205	1157	289	167.52	23.86	97.00	239.00	14.24
P365	1036	122	217.67	32.84	122.00	335.00	15.08
P550	1167	87	278.23	41.85	177.00	416.00	15.04

519 PN – Peso ao Nascer; P205 – Peso aos 205; P365 – Peso aos 365; P550 – Peso aos 550 dias;

520 GC – Grupo de Contemporâneo; DP – Desvio Padrão; Min – Mínimo; Max - Maximo; CV –

521 Coeficiente de Variância.

522

523

524 **Tabela 2.** Estimativas de componentes de variância para características de crescimento em
 525 bovinos da raça Nelore por meio de análises unicaracterística e multicaracterísticas.

Componentes de variância	PN	P205	P365	P550
Unicaracterística				
σ^2a	153.21	108.51	198.75	245.66
σ^2m	52.15	27.90	-	-
σ^2e	120.63	201.57	263.47	312.67
σ^2p	325.99	337.98	462.22	558.33
Multicaracterísticas				
σ^2a	174.72	128.03	218.68	261.28
σ^2m	58.24	37.65	-	-
σ^2e	131.04	210.85	278.57	319.35
σ^2p	364.00	376,53	497.25	580.63

526 PN – Peso ao Nascer; P205 – Peso aos 205; P365 – Peso aos 365; P550 – Peso aos 550 dias;

527 σ^2a – variância aditiva; σ^2m – variância materna; σ^2a – variância ambiental; σ^2a – variância
 528 fenotípica.

529
 530
 531
 532
 533
 534
 535
 536
 537
 538
 539
 540
 541
 542
 543

544 **Tabela 3.** Estimativas de herdabilidades direta e materna para características de crescimento
 545 em bovinos da raça Nelore por meio de análises unicaracterística e multicaracterísticas.

HERDABILIDADES	PN	P205	P365	P550
Unicaracterística				
h ² a	0.47	0.32	0.43	0.44
h ² m	0.16	0.08	-	-
Multicaracterística				
h ² a	0.48	0.34	0,44	0.45
h ² m	0,16	0.09	-	-

546 PN – Peso ao Nascer; P205 – Peso aos 205; P365 – Peso aos 365; P550 – Peso aos 550 dias;

547 h²a – herdabilidade animal; h²m– herdabilidade materna.

548

549

550

551

552 **Tabela 4.** Estimativas das correlações genéticas (triangular superior) e fenotípica (triangular
 553 inferior) entre características de crescimento na raça Nelore

	(PN)	(P205)	(P365)	(P550)
(PN)		0.88	0.86	0.83
(P 205)	0.56		0.84	0.81
(P365)	0.52	0.83		0.86
(P550)	0.48	0.74	0.87	

554 PN – Peso ao Nascer; P205 – Peso aos 205; P365 – Peso aos 365; P550 – Peso aos 550 dias

555

556

557

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Estudos de parâmetros genéticos na bovinocultura de corte são uma das alternativas em programas de melhoramento, para selecionar animais com grande potencial para produção de carne. Dessa forma, os parâmetros genéticos surgiram como uma alternativa pra fazer avaliações genéticas e são notórios os benefícios que os mesmos trazem aos pecuaristas, melhorando significativamente o rebanho. Sendo assim, devem-se estimular estudos que almejem determinar os parâmetros genéticos, visto que os mesmos são essenciais para conferir melhorias e ajustes na produção. Em virtude disso, pesquisas no âmbito do melhoramento animal, voltada aos parâmetros genéticos, fazem-se necessárias, principalmente no Brasil, pois devem ser desenvolvidas a fim de proporcionar animais que possam expressar o máximo de seu potencial produtivo.