

Parâmetros e ganhos genéticos em características de crescimento de bovinos Tabapuã da Bahia

[Parameters and gains in genetic characteristics of Bahia Tabapuã bovine Growth]

B.M. Campos¹, F.F. Silva², R.M. Filho³, C.H.M. Malhado⁴, P.L.S. Carneiro⁴

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB – Itapetinga, BA

²Universidade Federal de Viçosa – UFV – Viçosa, MG

³Universidade Federal do Ceará – UFC – Ceará, CE

⁴Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB – Jequié, BA

RESUMO

Compararam-se dois modelos (com ou sem o efeito materno) na estimativa de parâmetros genéticos por meio do fator de Bayes (FB) e do critério de informação da *deviance* (DIC). Adicionalmente, avaliaram-se as tendências genéticas, maternas e fenotípicas em características de crescimento de bovinos da raça Tabapuã do estado da Bahia. O modelo que incluiu o efeito materno proporcionou menores valores de FB (167629,2; 117341,2 e 124804,8) e DIC (174550,0; 120242,7 e 128037,2) para pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, respectivamente. As estimativas médias, *a posteriori*, das herdabilidades diretas e maternas foram 0,33; 0,43 e 0,44 e 0,15; 0,14 e 0,16 para as três características, respectivamente. As tendências genéticas para o efeito direto foram de 0,4415 e 0,3613kg/ano para P205 e P365 e representam incrementos de apenas 0,25 e 0,15% nas médias das características ao ano. As tendências genéticas maternas para as três características demonstraram perdas e indicam ausência de seleção de matrizes para boa habilidade materna. Apesar de existir variabilidade genética suficiente para justificar ganhos genéticos via seleção, estes e os ganhos fenotípicos foram pequenos, sugerindo necessidade de melhorias genéticas e ambientais.

Palavras-chave: bovino de corte, efeito materno, inferência bayesiana

ABSTRACT

We compared two models (with or without maternal effect) in the estimation of genetic parameters through Bayes Factor (BF) and the Deviance Information Criterion (DIC). Additionally, we evaluated the genetic, maternal and phenotypic trends in Tabapuã bovine growth characteristics in the state of Bahia. The model that included the maternal effect provided smaller BF values (167,629.2; 117,341.2 and 124,804.8) and DIC (174,550.0; 120,242.7 and 128,037.2) for weights at 205 (W205), 365 (W365) and 550 (W550) days of age, respectively. The average estimates, *a posteriori*, the direct and maternal heritability (0.33, 0.43 and 0.44) and (0.15, 0.14 and 0.16) for the three characteristics, respectively. Genetic trends for direct effect were 0.4415 and 0.3613kg/year for W205 and W365 and presented increases of 0.25 and 0.15% in the average characteristics of the year. The phenotypic trend for W205 was 0.7039kg/year. Maternal genetic trends for the three characteristics showed losses and indicate absence of selection matrices for good maternal ability. Despite the magnitude of the estimated direct and maternal heritability, they indicate genetic gain opportunities, genetic and phenotypic trends indicated few direct gains and no gains for maternal ability.

Keywords: beef cattle, maternal effect, bayesian inference

INTRODUÇÃO

O conhecimento da influência materna em características de crescimento e a distinção adequada entre os efeitos genéticos diretos e maternos são fundamentais em programas de melhoramento genético. O efeito materno é caracterizado como uma contribuição sobre o fenótipo de um indivíduo atribuível diretamente ao fenótipo de sua mãe e, com a diminuição da idade de abate dos animais, sua importância tem sido cada vez mais considerada nas avaliações genéticas.

Tradicionalmente, os estudos abrangendo o uso de modelos com ou sem efeito materno são realizados por meio do método da máxima verossimilhança restrita (Cucco *et al.*, 2009; Baldi *et al.*, 2010; Cucco *et al.*, 2010). A inferência bayesiana é uma alternativa que apresenta vantagens em relação à metodologia frequentista na obtenção de estimativas de parâmetros genéticos. Segundo Resende *et al.* (2001), a inferência bayesiana pode ser utilizada tanto em pequenos quanto em grandes conjuntos de dados e em modelos mais complexos, enquanto na metodologia frequentista o aumento da complexidade dos modelos prejudica a confiabilidade das avaliações genéticas.

Métodos como o critério de informação Akaike (AIC), critério de informação bayesiano (BIC) e teste de razão de verossimilhança (LRT) têm sido muito utilizados na comparação de modelos. Entretanto, esses métodos penalizam modelos mais parametrizados e tendem a um viés na avaliação genética (López e Carabaño, 2003). Em estudos bayesianos, metodologias apropriadas, como o fator de Bayes (FB) Newton Raftery (1994) e o critério de informação da *deviance* (DIC) (Spiegelhalter *et al.*, 2002), têm sido comumente empregadas na comparação de modelos (Cardoso *et al.*, 2011; Nascimento *et al.*, 2011). Estes métodos são mais informativos, pois permitem quantificar o grau de superioridade de um modelo em relação ao outro e podem ser utilizados na seleção de dois ou mais modelos, sejam eles discretos ou contínuos, simples ou complexos (Silva *et al.*, 2008).

Dessa forma, objetivou-se comparar dois modelos (com ou sem o efeito materno) na estimativa de parâmetros genéticos e avaliar as

tendências genéticas, maternas e fenotípicas para P205, P365 e P550 em bovinos da raça Tabapuã do estado da Bahia.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisados registros de desempenho de 19.379; 13.887 e 12.015 animais para P205, P365 e P550, respectivamente. Os dados analisados foram provenientes do controle de desenvolvimento ponderal de animais da raça Tabapuã do estado da Bahia da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). Os animais foram criados em regime de pasto e nascidos no período de 1975 a 2010.

Para edição do banco de dados, análise descritiva e remoção dos *outliers*, foi utilizado o programa *Statistical Analysis Software* (Sas..., 2003). A formação dos grupos de contemporâneos (GC) considerou as seguintes fontes de variação: sexo, ano, época de nascimento, regime alimentar, condição de criação e fazenda e número da fazenda. Os GC com menos de três animais foram excluídos das análises.

Os dois modelos animais unicaracterísticos matriciais utilizados foram:

$$(M1) \mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e},$$

$$(M2) \mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{M}\mathbf{m} + \mathbf{W}\mathbf{ep} + \mathbf{e};$$

em que: \mathbf{y} = vetor de dados (P205, P365 e P550); $\boldsymbol{\beta}$ = vetor de efeitos fixos no modelo, associados à matriz de incidência \mathbf{X} ; \mathbf{a} = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo direto do animal, associado à matriz de incidência \mathbf{Z} ; \mathbf{m} = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético materno, associados à matriz de incidência \mathbf{M} ; \mathbf{ep} = vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente da vaca, associado à matriz de incidência \mathbf{W} ; \mathbf{e} = vetor dos efeitos aleatórios residuais.

Para o modelo M1, assume-se inicialmente a distribuição condicional dos dados (\mathbf{y}) como uma normal multivariada:

$$\mathbf{y}|\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \boldsymbol{\sigma}_e^2 \sim \text{NMV}(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a}, \mathbf{I}\boldsymbol{\sigma}_e^2),$$

em que: \mathbf{I} é a matriz identidade, e $\boldsymbol{\sigma}_e^2$ a variância residual.

Parâmetros e ganhos...

Quando se assume um modelo quantitativo infinitesimal, tem-se que a distribuição de \mathbf{a} é também normal multivariada:

$$\mathbf{a} | \mathbf{A}, \sigma_a^2 \sim NMV(\mathbf{0}, \mathbf{A}\sigma_a^2),$$

em que: \mathbf{A} é a matriz de parentesco genético aditivo, e σ_a^2 a variância genética aditiva na população em estudo.

A função de verossimilhança para cada animal é dada por:

$$L(\mathbf{y} | \beta, \mathbf{a}, \sigma_\varepsilon^2) \propto \left(\frac{1}{\sigma_\varepsilon^2}\right)^{\frac{n}{2}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_\varepsilon^2}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\mathbf{a})'(\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\mathbf{a})\right\}.$$

O segundo passo foi definir a distribuição *a priori* dos parâmetros do modelo.

Para o efeito fixo, foi definida uma *priori* do tipo constante, já que a noção do conhecimento *a priori* é vaga para β .

A distribuição *a priori* dos componentes de variância σ^2_a (variância genética aditiva) e σ^2_ε (variância residual) foi especificada como uma distribuição qui-quadrado escalonada invertida, da forma:

$$p(\sigma_i^2 | v_i, S_i^2) \propto (\sigma_i^2)^{-(\frac{v_i}{2}+1)} \exp\left[\frac{-v_i S_i^2}{2\sigma_i^2}\right], \text{ com } i = \varepsilon, a.$$

Quando foi assumida uma distribuição *a priori* informativa, substituíram-se em v os graus de liberdade da distribuição qui-quadrado e em S_i^2 , o valor inicial da variância. Tal estratégia é adotada visando fornecer mais informação ao modelo, de forma a aumentar a acurácia das estimativas (Morais *et al.*, 2010).

uniforme imprópria, substituindo-se $v = -2$ e $S_i^2 = \mathbf{0}$.

Para assumir uma distribuição *a priori* não informativa, a qui-quadrada foi reduzida em uma

Após definidas as distribuições acima, considerando-se independência entre as distribuições *a priori*, pôde-se escrever a distribuição conjunta *a posteriori* dos parâmetros do modelo.

$$p(\beta, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_\varepsilon^2 | \mathbf{y}) \propto (\beta, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_\varepsilon^2) p(\mathbf{y} | \beta, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_\varepsilon^2) = p(\beta) p(\mathbf{a} | \sigma_a^2) p(\sigma_a^2) p(\sigma_\varepsilon^2) p(\mathbf{y} | \beta, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_\varepsilon^2).$$

em que se omitiu o condicionamento dos hiperparâmetros (parâmetros que auxiliam na especificação da *priori* e conhecida matriz de parentesco \mathbf{A}).

Considerando-se a distribuição *a priori* dos componentes de variância como um qui-quadrado invertida, tem-se que a distribuição conjunta *a posteriori* pode ser reescrita:

$$p(\beta, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_\varepsilon^2 | \mathbf{y}) \propto \sigma_\varepsilon^{2\left(\frac{n+v_\varepsilon}{2}+1\right)} \exp\left[-\frac{(\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\mathbf{a})'(\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\mathbf{a}) + v_\varepsilon S_\varepsilon^2}{2\sigma_\varepsilon^2}\right] \sigma_a^{2\left(\frac{q+v_a}{2}+1\right)} \exp\left[-\frac{(\mathbf{a}'\mathbf{A}^{-1}\mathbf{a} + v_a S_a^2)}{2\sigma_a^2}\right].$$

Ao se assumir a distribuição uniforme para σ_a^2 e σ_ε^2 , basta fazer $v_i = -2$ e $S_i^2 = 0$ ($i = a, \varepsilon$) na expressão acima.

No contexto bayesiano, a inferência é obtida a partir da distribuição conjunta *a posteriori*, logo as distribuições *a posteriori* condicionais completas para cada parâmetro são:

$$\begin{aligned} \beta_i | \beta_{-i}, a, \sigma_a^2, \sigma_\varepsilon^2, y &\sim \text{NMV}(\hat{\beta}_i, (X_i' X_i)^{-1} \sigma_\varepsilon^2); \\ a_i | \beta, a_{-i}, \sigma_a^2, \sigma_\varepsilon^2, y &\sim \text{NMV}((\hat{a}_i, Z_i' Z_i + A_{i,i}^{-1} a)^{-1} \sigma_\varepsilon^2); \\ \sigma_a^2 | \beta, a, \sigma_\varepsilon^2, y &\sim \chi^{-2}(q + v_a), \end{aligned}$$

em que o parâmetro de escala é $a' A^{-1} a + v_a S_a^2$;

$$\sigma_\varepsilon^2 | \beta, a, \sigma_a^2, y \sim \chi^{-2}(n + v_\varepsilon);$$

em que o parâmetro de escala é $(y - X\beta - Z_a)'(y - X\beta - Z_a)$.

Por se tratar de distribuições que já estão implementadas em *softwares*, as aproximações para as distribuições marginais foram feitas pela implementação do amostrador de Gibbs, por meio de métodos de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC).

Para o modelo M2, a função de verossimilhança e as distribuições *a priori* para os parâmetros seguem o mesmo desenvolvimento do modelo M1, porém contendo, além dos efeitos aditivo direto e residual, os efeitos maternos e de ambiente permanente como aleatórios.

O ajuste dos modelos M1 e M2 aos dados foi avaliado por meio de dois critérios bayesianos: critério de informação de *deviance* (DIC) e *deviance* baseada no fator de Bayes (FB).

O DIC é um meio de comparação de modelos, o qual sugere que comparações entre modelos sejam baseadas na distribuição *a posteriori* da *deviance* de cada modelo. É composto por uma medida de ajuste global, média *a posteriori* da *deviance*, e uma penalização por complexidade do modelo (número efetivo de parâmetros, pD), que é calculada pela diferença. A diferença entre a média *a posteriori* da *deviance* e a *deviance* é baseada na média *a posteriori* dos parâmetros do modelo.

A *deviance* do modelo i pode ser definida como:

$$D(\theta)_i = -2 \log p(y | \theta, M_i).$$

Um estimador de Monte Carlo é obtido por:

$$\bar{D}(\theta)_i = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m -2 \log p(y | \theta^{(j)}, M_i).$$

A complexidade do modelo i como número efetivo de parâmetros é determinada por:

$$p_{Di} = \bar{D}(\theta)_i - D(\bar{\theta})_i;$$

em que: $D(\bar{\theta})_i = -2 \log p(y | \bar{\theta}, M_i)$ e $\bar{\theta}$ é a média *a posteriori* dos parâmetros. Finalmente, o DIC é calculado por:

$$DIC_i = \bar{D}(\theta)_i + p_{Di}.$$

Obtém-se

$\log p(y | \theta^{(j)}, M_i) - \sum_{k=1}^n \log p(y_k | \theta^{(j)}, M_i)$ e, ao final de m ciclos, avalia-se $\bar{\theta} = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \theta^{(j)}$ para se obter $D(\bar{\theta})_i = \sum_{k=1}^n -2 \log p(y_k | \bar{\theta}, M_i)$, em que:

$$DIC_i = 2\bar{D}(\theta)_i - D(\bar{\theta})_i.$$

Menores valores de DIC indicam melhor ajuste do modelo, ou seja, um modelo mais próximo do modelo ideal.

O FB é uma medida global de ajuste dada pela razão entre as distribuições marginais dos dados $p(y | M_1)$ sob dois modelos diferentes $(M_i, i = 1, 2)$, de modo que:

$$FB = \frac{p(y | M_1)}{p(y | M_2)}$$

Pode ser demonstrado que $p(y | M_i) = E^{-1}[p^{-1}(y | \theta, M_i)]$ é um estimador de Monte Carlo (Newton e Raftery, 1994):

$$\log f_i = \log \left[\frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \exp(-\log p(y | \theta^{(j)}, M_i) - c) \right] + c$$

e finalmente:

$$FB = \exp(-\log f_1 + \log f_2).$$

A cada ciclo de Gibbs, foi salvo o $\log p(y | \theta^{(j)}, M_i) = \sum_{k=1}^n \log p(y_k | \theta^{(j)}, M_i)$ e, no final dos m ciclos, o FB pôde ser obtido como descrito acima, de modo que valores maiores que 1 suportam M_1 , enquanto valores menores suportam M_2 .

A *deviance* baseada no estimador do FB para o modelo i é igual a $-2\log f_i$, e menores valores dessa *deviance* indicam melhor ajuste.

Como o *Gibbs sampler* é um algoritmo iterativo, fez-se necessária a verificação da convergência da cadeia. Primeiro rodou-se uma amostra piloto com uma cadeia total de 100000 iterações, um período de descarte *burn-in* de 10000 e 1 de intervalo de salvamento *thinning* para todas as características. Em seguida, aplicou-se o critério de Raftery e Lewis para se definir a quantidade ideal de iterações necessárias para que o amostrador de Gibbs apresentasse convergência à distribuição estacionária (Raftery e Lewis, 1992).

Após a definição do número de iterações da cadeia total (total), de *burn-in* e *thinning*, uma nova análise foi realizada, e sua convergência testada, aplicando-se o critério de Geweke, em

$$\hat{p}(y | M_i) = \frac{1}{\frac{1}{m} \sum_{j=1}^m p^{-1}(y | \theta^{(j)}, M_i)},$$

em que m é o número do ciclos de Gibbs e $\theta^{(j)}$, amostra da distribuição *a posteriori* dos parâmetros no ciclo j . Para se evitarem erros de precisão ao se calcular FB, calculou-se $f_i = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \exp(-\log p(y | \theta^{(j)}, M_i) - c) \exp c$, em que c é o maior valor de $-\log p(y | \theta^{(j)}, M_i)$, tomando-se o logaritmo:

que valores acima de 0,05 *p-value* corresponderam à convergência da cadeia (Geweke, 1992). Os testes dos critérios de Raftery e Lewis e Geweke foram realizados por meio do pacote estatístico BOA (Bayesian Output Analysis), implementado no programa R (R Development ..., 2010).

Na análise bayesiana, para cada parâmetro do modelo de regressão adotado, foram consideradas 300000 iterações (total), com um período de aquecimento *burn-in* de 30000 e 3 de *thinning* para P205, para P365, 500000, 50000 e 5, e para P550, 100000, 10000 e 1, respectivamente.

As estimativas das tendências genéticas diretas, maternas e fenotípicas para as características foram obtidas pela regressão linear ponderada da variável dependente (valores genéticos e pesos observados) sobre o ano de nascimento do animal, por meio do procedimento PROC REG (Sas..., 2003).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Todos os modelos obtiveram convergência a 5% ($P > 0,05$) pelo critério de Geweke. O modelo M2 foi o mais indicado por apresentar menores valores para FB e DIC em todas as características (Tab. 1).

A superioridade do modelo M2 evidencia a importância dos efeitos maternos sobre o

desempenho em bovinos de corte. De acordo com Silva *et al.* (2013), o fenótipo do animal, além de ser caracterizado pela porção genética proveniente da mãe durante a formação do gameta (genótipo do bezerro), pode também ser caracterizado pelo ambiente materno (genótipo

da vaca) oferecido ao filho até a desmama. Além disso, em animais criados a pasto, o efeito materno pode influenciar até mesmo em idades superiores pelo fato de estes permanecerem mais tempo com a mãe (Bolignon *et al.*, 2006).

Tabela 1. Valores do fator de Bayes (FB) e critério de informação da *deviance* para os pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em animais da raça Tabapuã do estado da Bahia

Modelos*	-2 log f _i (FB)	DIC
P205		
M1	168362,5	174810,9
M2	167629,6	174550,0
P365		
M1	117353,8	120693,6
M2	117341,2	120242,7
P550		
M1	125206,6	128941,4
M2	124804,8	128037,2

*Modelo animal sem os efeitos genéticos maternos e de ambiente permanente materno M1 e modelo animal contendo os efeitos genéticos maternos e de ambiente permanente materno M2.

A contribuição do efeito materno na variação fenotípica foi crescente com o aumento da idade dos animais, apresentando valores de 111,07; 167,89 e 377,89 para a variância materna e 99,5; 143,50 e 139,38 para a variância do efeito permanente (Tab. 2). Esses resultados indicam a possibilidade de exploração da variabilidade desses efeitos para a seleção de matrizes com boa habilidade materna. Silva *et al.* (2013) também observaram a contribuição do efeito materno na variação fenotípica total em animais

criados em regime de pasto para P205, P365 e P550. Para esses autores, a contribuição do efeito materno na variação fenotípica indica que há uma tendência de esses animais sofrerem maior influência dos efeitos maternos e que a inclusão destes no modelo de avaliação deve ser ponderada de acordo com a estratégia metodológica empregada para se obterem estimativas dos parâmetros genéticos mais acurados.

Tabela 2. Estimativas da média *a posteriori* dos componentes de variância e parâmetros genéticos para os pesos ajustados aos 205, 365 e 550 dias de idade em animais da raça Tabapuã do estado da Bahia para os modelos M1 e M2

Modelos*	Componentes de variância kg ² (¹)				Parâmetros genéticos(²)		
	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{ep}	σ^2_e	σ^2_p	h^2_d	h^2_m
P205							
M1	250,27	----	----	350,64	600,92	0,41	----
M2	246,86	111,07	99,5	278,15	735,58	0,33	0,15
P365							
M1	306,82	----	----	537,08	843,90	0,36	----
M2	511,88	167,89	143,50	340,18	1163,45	0,43	0,14
P550							
M1	531,95	----	----	1126,01	1657,97	0,32	----
M2	1018,39	377,89	139,38	762,44	2298,11	0,44	0,16

*Modelo animal sem os efeitos genéticos maternos e de ambiente permanente da vaca M1 e modelo animal contendo os efeitos genéticos maternos e de ambiente permanente da vaca M2. (¹) σ^2_a , variância genética direta; σ^2_m , variância genética materna; σ^2_{ep} , variância de efeito permanente; σ^2_e , variância residual; σ^2_p , variância fenotípica. (²) h^2_a , herdabilidade aditiva e h^2_m , herdabilidade materna.

Parâmetros e ganhos...

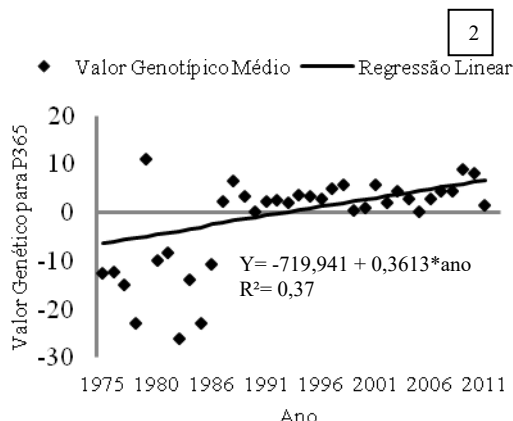
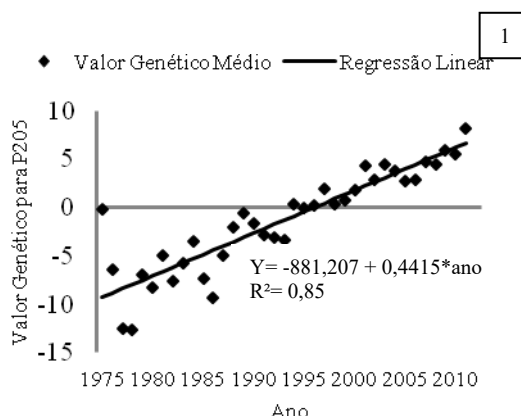
As médias *a posteriori* das herdabilidades diretas para o modelo M2 foram de média a alta magnitude (Tab. 2), indicando possibilidade de ganhos por seleção. Nesse caso, o uso do fenótipo do animal torna-se interessante como critério de seleção, visto que muito da variação dos pesos é decorrente do efeito genético direto.

Em geral, as estimativas de herdabilidades maternas para características de peso são de baixas magnitudes. Entretanto, as herdabilidades maternas pelo modelo M2 apresentaram valores que justificam a seleção para esse efeito na raça Tabapuã do estado da Bahia. As médias *a posteriori* das herdabilidades foram de 0,15 (P205); 0,14 (P365) e 0,16 (P550) (Tab. 2), sendo esses valores superiores aos encontrados por Souza Júnior *et al.* (2011); Lacerda *et al.*, (2014), em zebuínos do Nordeste do Brasil.

O progresso genético no rebanho foi avaliado pelas tendências genéticas e permitiu avaliar a mudança ocasionada pelo processo de seleção para determinadas características ao longo dos

anos. As tendências genéticas, maternas e fenotípicas, foram calculadas com base no modelo M2 para todos os pesos (Fig. 1 a 6).

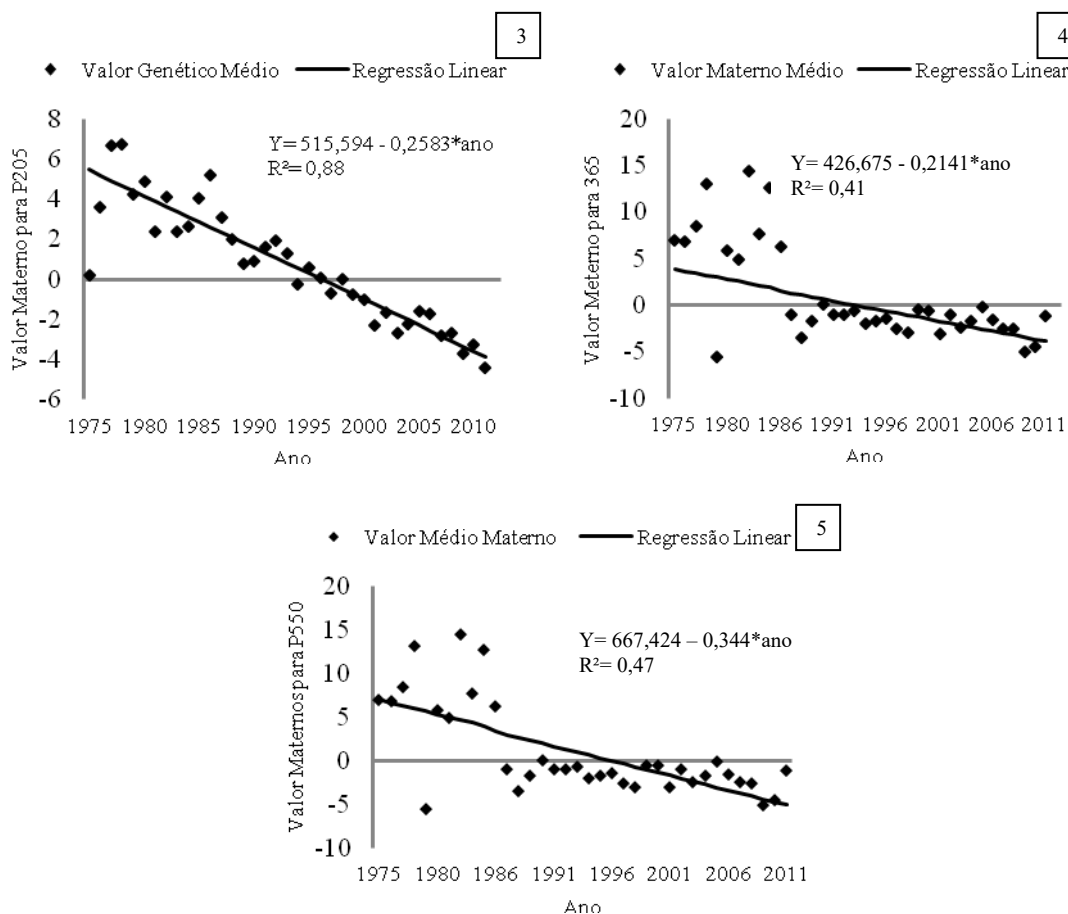
As tendências genéticas dos efeitos diretos para P205 e P365 foram significativas ($P < 0,0001$) e iguais a 0,4415 e 0,3613kg/ano (Fig. 1 e 2). Os ganhos acumulados, em 35 anos, foram de 15,45 e 12,64kg para P205 e P365 e representaram incrementos de 0,25 e 0,15% na média do peso, respectivamente. É possível obter uma taxa de mudança genética anual de 1 a 3% da média da população sob estudo. Incrementos superiores têm sido registrados em rebanhos bovinos de diferentes raças (Lima *et al.*, 2005, na raça Nelore Mocha, e Souza Júnior *et al.*, 2011, na raça Nelore. Resultados inferiores foram observados por Ferraz Filho *et al.* (2002), que encontraram ganhos de 0,1134; 0,2068 e 0,2757kg/ano, para P205, P365 e P550, e por Caires *et al.* (2012), de 0,0509kg/ano (P205) e 0,1249kg/ano (P365), ambos em animais da raça Tabapuã. A tendência genética para P550 não foi significativa em decorrência do menor número de registros.



Figuras 1 e 2. Tendências genéticas para as características peso aos 205 e 365 dias de idade, respectivamente, em bovinos da raça Tabapuã, no estado da Bahia, por meio da inferência bayesiana.

As tendências genéticas maternas foram significativas ($P < 0,001$) com valores de -0,2583; -0,2141 e -0,3344kg/ano, para P205, P365 e P550, respectivamente (Fig. 3, 4 e 5). Perdas acumuladas em 35 anos de estudos apresentaram valores de 9,0; 7,4 e 11,7kg/ano, o que é corroborado pelas correlações negativas e altas entre os efeitos aditivos diretos e maternos (-0,84, -0,93 e -0,97, para P205, 365 e 550,

respectivamente). Esses valores pressupõem ausência de seleção de matrizes com boa habilidade materna, embora haja variabilidade suficiente no rebanho (Tab. 2). O comportamento decrescente para as tendências maternas deve-se, segundo Gonçalves *et al.* (2011), à ênfase (seleção) para as características de produção (desempenho ponderal) em animais destinados para corte.



Figuras 3, 4 e 5. Tendências maternas para as características peso aos 205, 365 e 550 dias de idade, respectivamente, em bovinos da raça Tabapuã, no estado da Bahia, por meio da inferência bayesiana.

A tendência fenotípica para P205 mostrou-se significativa ($P < 0,0001$) e igual a $0,7039 \text{ kg/ano}$ e representou um ganho de apenas $24,63 \text{ kg}$ durante o período estudado (Fig. 6). Esse ganho relatado é considerado modesto e reflete pequenos ganhos genéticos e ambientais. Outros estudos com zebuínos do Nordeste (Amaral *et al.*, 2014; Lacerda *et al.*, 2014) evidenciaram ganhos superiores. As tendências fenotípicas para os pesos aos 365 e 550 dias de idade não foram significativas.

De um modo geral, os resultados evidenciam variabilidade genética aditiva e materna, o que poderia favorecer a seleção com possibilidade de

ganhos genéticos diretos e maternos. O efeito genético direto foi pequeno, entretanto compôs maior parte do efeito fenotípico. Apesar disso, as magnitudes das tendências para o efeito genético aditivo direto indicam que a seleção para os pesos analisados não levaram a ganhos satisfatórios. Ao analisar o efeito maternal sobre as mesmas características, sugere-se inexistência de seleção de fêmeas com boa habilidade materna. Em estudos com zebuínos, Bolignon *et al.* (2006) e Lacerda *et al.* (2014) mostraram que o efeito genético tem sido menor que o efeito fenotípico, e, nesses casos, as melhorias no ambiente tornam-se um fator determinante para o ganho fenotípico.

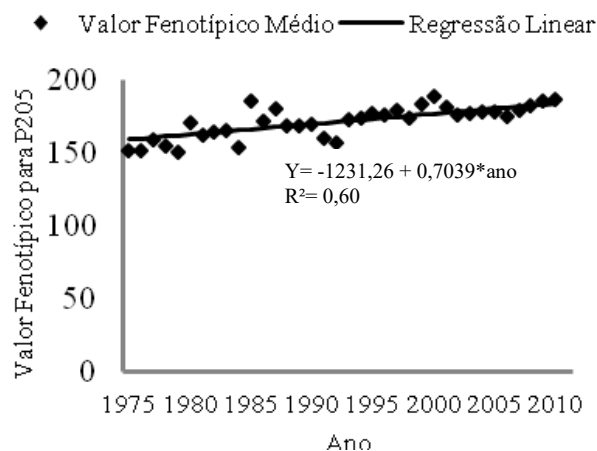


Figura 6. Tendência fenotípica para a característica peso aos 205 dias de idade (P205) em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, por meio da inferência bayesiana.

CONCLUSÕES

O modelo M2, que considerou a inclusão dos efeitos materno e ambiente permanente, mostrou melhor ajuste para as três características por meio dos critérios de avaliação bayesianos (FB e DIC) e deve ser incluído nas avaliações genéticas, de forma a aumentar a acurácia das estimativas. As estimativas médias *a posteriori* dos coeficientes de herdabilidades indicam existência de variabilidade genética aditiva direta no Tabapuã no estado da Bahia, evidenciando oportunidade de ganho genético com a seleção; as estimativas médias *a posteriori* das herdabilidades maternas foram de baixa magnitude, mas superiores aos valores observados em outros estudos, indicando possibilidades de ganhos por seleção. Embora exista variabilidade que permita a seleção para habilidade materna, observou-se inexistência de seleção ao longo dos anos. Também há variabilidade genética suficiente para justificar ganhos genéticos diretos via seleção, estes e os ganhos fenotípicos foram pequenos, sugerindo necessidade de melhorias genéticas e ambientais.

REFERÊNCIAS

AMARAL, R.S.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R. *et al.* Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovinos Nelore mocho do nordeste brasileiro. *Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.*, v.15, p.261-271, 2014.

BALDI, F.; ALENCAR, M.M.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim utilizando modelos de dimensão finita. *Rev. Bras. Zootec.*, v.11, p.2409-2417, 2010.

BOLIGNON, A.A.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T. *et al.* Herdabilidades para ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal ao sobreano e tendências genéticas e fenotípicas para ganho de peso da desmama ao sobreano em bovinos Nelore: Angus. *Rev. Bras. Zootec.*, v.35, p.1323-1328, 2006.

CAIRES, D.N.; MALHADO, C.H.M.; SOUZA, L.A.S. *et al.* Tabapuã breed in northeastern Brazil: genetic progress and population structure. *Rev. Bras. Zootec.*, v.41, p.1858-1865, 2012.

CARDOSO, L.L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F.F. *et al.* Hierarchical bayesian models for genotype x environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. *Rev. Bras. Zootec.*, v.40, p.294-300, 2011.

CUCCO, D.C.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. *et al.* Genetic parameters for postweaning traits in Brauvieh cattle. *Genet. Mol. Res.*, v.9, p.545-553, 2010.

CUCCO, D.C.; FERRAZ, J.B.S.; PINTO, L.F.B. *et al.* Genetic parameters for pre-weaning traits in Brauvieh cattle. *Genet. Mol. Res.*, v.8, p.291-298, 2009.

- FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C. *et al.* Tendência genética de efeitos direto e materno sobre os pesos à desmama e pós-desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. *Rev. Bras. Zootec.*, v.31, p.635-640, 2002.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; DAVID, A.P.; SMITH, A.F.M. (Eds.). *Bayesian statistics*. New York: Oxford University, 1992. cap.4, p.625- 631.
- GONÇALVES, F.M.; PIRES, A.V.; PEREIRA, I.G. *et al.* Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.63, p.158-164, 2011.
- LACERDA, J.J.D.; CANEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R. *et al.* Parâmetros e tendências genéticas para características de crescimento em bovinos da raça Nelore no estado da Bahia utilizando inferência bayesiana. *Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.*, v.15, p.10-19, 2014.
- LIMA, A.E.S.; FERRAZ FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C. *et al.* Efeitos genéticos diretos e maternos e suas tendências em pesos à desmama de bovinos da raça Nelore mocha, na região pecuária de Goiás. *Arch. Vet. Sci.*, v.10, p.69-74, 2005.
- LÓPEZ, R.P.; CARABAÑO, M.J. Comparing alternative random regression models to analyse firts-lactation daily yield data in hostein-friesian cattle. *Livest. Prod. Sci.*, v.82, p.81-86, 2003.
- MORAIS, T.S.S.; SILVA, F.F.; SILVA, C.H.O. *et al.* Análise bayesiana de sensibilidade do modelo AR(1) para dados em painel: uma aplicação em dados temporais de microarrays. *Rev. Bras. Biom.*, v.28, p.171-192, 2010.
- NASCIMENTO, M.; SILVA, F.F.; SÁFADI, T. *et al.* Abordagem bayesiana para avaliação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de alfafa. *Pesqui. Agropecu. Bras.*, v.46, p.26-32, 2011.
- NEWTON, M.A.; RAFTERY, A.E. Approximate bayesian inference with the weighted likelihood bootstrap. *J. R. Stat. Soc. Ser. B.*, v.56, p.33-48, 1994.
- R DEVELOPMENT core team: a language and environment for statistical computing. Versão 3.1.0. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2010. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acessado em: 10 jan. 2010.
- RAFTERY, A.E.; LEWIS, S.M. Comment: one long run with diagnostics: implementation strategies for Markov chain Monte Carlo. *Stat. Sci.*, v.7, p.493-497, 1992.
- RESENDE, M.D.V.; DUDA, L.L.; GUIMARÃES, P.R.B. *et al.* Análise de modelos lineares mistos via inferência bayesiana. *Rev. Mat. Estat.*, v.19, p.41-70, 2001.
- SAS user's guide, versão 8.2.1. Cary: SAS, 2003.
- SILVA, F.F.; SÁFADI, T.; MUNIZ, J.A. *et al.* Comparação bayesiana de modelos de previsão de diferenças esperadas nas progênieis no melhoramento genético de gado Nelore. *Pesqui. Agropecu. Bras.*, v.43, p.37-45, 2008.
- SILVA, R.M.; SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C. *et al.* Parâmetros e tendências genéticas para pesos de várias idades em bovinos Nelore. *Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.*, v.14, p.21-28, 2013.
- SOUZA JÚNIOR, C.; SILVA, L.O.C.; GONDO, A. *et al.* Parâmetros e tendências genética de peso de bovinos criados à pasto no Brasil. *Arch. Zootec.*, v.60, p.457-456, 2011.
- SPIEGELHALTER, D.J.; BEST, N.G.; CARLIN, B.P. *et al.* Bayesian measures of model complexity and fit. *J. R. Stat. Soc. Ser. B. Stat. Meth.*, v.64, p.583-616, 2002.