



UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO
CAMPUS UNIVERSITÁRIO DE SINOP
INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E AMBIENTAIS
PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

**Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética sobre pesos
corporais de bovinos da raça Nelore**

Flávio Luiz de Menezes

Dissertação apresentada ao Programa de Pós Graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Mato Grosso, *Campus* Universitário de Sinop, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Zootecnia.

Área de concentração: Zootecnia.

Sinop, Mato Grosso

Fevereiro 2018

FLÁVIO LUIZ DE MENEZES

Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética sobre pesos corporais de bovinos da raça Nelore

Dissertação apresentada ao Programa de Pós Graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Mato Grosso, *Campus* Universitário de Sinop, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Zootecnia.

Área de concentração: Zootecnia.

Orientador: Prof. Dr. Cláudio Vieira de Araújo

Sinop, Mato Grosso

Fevereiro 2018

FICHA CATALOGRÁFICA

Autorizo a reprodução e divulgação total ou parcial deste trabalho, por qualquer meio convencional ou eletrônico, para fins de estudo e pesquisa, desde que citada a fonte.

Dados Internacionais de Catalogação na Fonte.

M543h Menezes, Flávio Luiz de.

Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética sobre pesos corporais de bovinos da raça Nelore / Flávio Luiz de Menezes. -- 2018
ix, 22 f. ; 30 cm.

Orientador: Cláudio Vieira de Araújo.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Mato Grosso,
Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais, Programa de Pós-Graduação
em Zootecnia, Sinop, 2018.

Inclui bibliografia.

1. parâmetros genéticos. 2. seleção. 3. zootecnia. I. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

Permitida a reprodução parcial ou total, desde que citada a fonte.



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO
PRÓ-REITORIA DE ENSINO DE PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
Avenida Alexandre Ferronato, 1200 - Reserva 35 - Distrito Industrial - Cep: -Sinop/MT
Tel : - Email : ppgzootecnia@ufmt.br

FOLHA DE APROVAÇÃO

TÍTULO : "Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética sobre pesos corporal de bovinos da raça Nelore"

AUTOR : Mestrando FLÁVIO LUIZ DE MENEZES

Dissertação defendida e aprovada em 09/02/2018.

Composição da Banca Examinadora:

Presidente Banca / Doutor(a) Cláudio Vieira de Araújo
Instituição UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO

Examinador Doutor(a) Momyka Marianna Massolini Laureano
Instituição UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO

Examinador Doutor(a) Felipe Gomes da Silva
Instituição UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO

Examinador Doutor(a) Eduardo Henrique Bevitori Kling de Moraes
Instituição UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO

SINOP_09/02/2018.

DEDICATÓRIA

Aos meus queridos pais Luiz Carlos de Menezes e Kátia Maria de Menezes, e meu irmão Luiz Augusto de Menezes por serem a minha base e meus pilares de confiança.

Hoje retribuo o carinho e felicidade com este momento importante que marca o final desta etapa da minha vida ,que sem sem vocês, não seria possível.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por tornar tudo possível.

À Universidade Federal de Mato Grosso/Campus Sinop pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento do Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

À Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores – ANCP pela concessão do banco de dados.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à pelo apoio financeiro para que esse trabalho pudesse ser realizado.

À professora Dr.(a) Monyka Marianna M. L por acompanhar e ajudar nesta minha jornada sempre me ajudando sem medir esforços.

Ao professor Dr. Felipe Gomes da Silva por aceitar gentilmente em fazer parte da minha banca e todas as contribuições neste trabalho.

Ao professor Dr. Cláudio Vieira de Araújo, por aceitar me orientar no curso, compartilhar do trabalho, partilhar da vivência profissional e um grande amigo.

Aos amigos de curta e longa data:

“Quem tem um amigo, mesmo que um só, não importa onde se encontre, jamais sofrerá de solidão; poderá morrer de saudades, mas não estará só.”

Amir Klink

A Família onde sempre permaneceu unida a mim compartilhando felicidades e dificuldades em especial meu espelho Luiz Carlos de Menezes (pai) a minha querida mãe Katia Maria de Menezes e ao meu irmão Luiz Augusto de Menezes.

A todas as pessoas que, direta ou indiretamente, colaboraram para a realização desta dissertação, pois sozinho é impossível concluir um trabalho como este.

BIOGRAFIA

Flávio Luiz de Menezes, filho de Luiz Carlos de Menezes e Kátia Maria de Menezes, nasceu em Belo Horizonte, Minas Gerais, no dia 06 de maio de 1991. Em março de 2011 ingressou no curso de Zootecnia da Universidade Federal de Mato Grosso Campus Sinop e em fevereiro de 2016 recebeu o grau de Bacharel em Zootecnia. Realizou estágio e participou de atividades de pesquisa na Embrapa Gado de Corte em 2015. Em março de 2016 iniciou o Mestrado no Curso de Pós-Graduação em Zootecnia, na linha de pesquisa em Melhoramento Genético animal, na Universidade Federal de Mato Grosso Campus Sinop.

RESUMO

MENEZES, Flávio Luiz. Dissertação de Mestrado (Zootecnia), Universidade Federal de Mato Grosso, *Campus* Universitário de Sinop, Janeiro 2018, 25 f. **Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética sobre pesos corporais de bovinos da raça Nelore.** Orientador: Prof. Dr. Cláudio Vieira de Araújo, Prof. Dr. Felipe Gomes da Silva e Prof(a) Dr(a) Monyka Marianna Massolini Laureano.

O objetivo foi avaliar a existência da heterogeneidade de variância, sua influência sobre a estimação de componentes de variâncias para os pesos corporais e seu impacto na avaliação genética de reprodutores da raça Nelore. Foram utilizadas informações de 43.331, 40.306, 35.024 e 31.697 registros de pesos corporais padronizados aos 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade, respectivamente, em animais participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), provenientes de rebanhos localizados nos estados de Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás. As classes de desvios-padrão (DP) foram formadas pela padronização de médias de rebanho-ano, com valores positivos compondo a classe de alto DP e valores iguais e menores que zero compondo a classe de baixo DP. O modelo linear misto utilizado para a obtenção de componentes de variâncias incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, idade da vaca ao parto como covariável, efeitos aleatórios genético aditivo, genético materno e o de ambiente permanente materno. Para os modelos dos pesos do pós-desmame (P365 e P450) removeu-se o efeito genético materno. Componentes de variâncias foram estimados pelo método da inferência Bayesiana utilizando o amostrador de Gibbs para a obtenção de médias *a posteriori*. De forma geral, as estimativas de médias dos pesos corporais na situação em que se desconsiderou a heterogeneidade de variância (análise geral) foram intermediárias às estimativas observadas entre as classes de DP. As estimativas de herdabilidade direta obtidas em análises sem considerar a heterogeneidade de variâncias (análise geral) foram iguais a 0,17; 0,22; 0,27 e 0,28 para P120; P210; P365 e P450, respectivamente, indicando melhor eficiência de resposta à seleção no período pós-desmame. Estimativas de herdabilidade materna de 0,09 e 0,07 para P120 e P210, respectivamente, indicam baixa acurácia e eficiência na seleção para melhoria da habilidade materna na raça Nelore do Centro Oeste. De forma geral, para os pesos corporais na pré e pós-desmame, ignorando-se a presença de heterogeneidade de variância, a ordenação dos valores genéticos dos reprodutores, sob maior intensidade de seleção, principalmente na fase de pré-desmame é mais influenciada pela classe de alto DP, que por sua vez é detentora de maior variabilidade genética aditiva. Ao considerar todos os reprodutores não se espera alterações na ordem dos mesmos.

Palavras-chave: parâmetros genéticos, seleção, zootecnia

ABSTRACT

MENEZES, Flávio Luiz. Masters dissertation (Zootecnia), federal University of Mato Grosso, university *campus* of Sinop, January 2018, 25 f. **Heterogeneity of variances in the genetic evaluation of body weights of Nellore cattle.** Advisor: Prof. Dr. Cláudio Vieira de Araújo, Prof. Dr. Felipe Gomes da Silva and Prof(a) Dr(a) Monyka Marianna Massolini Laureano.

Aiming to evaluate the existence of variance heterogeneity and its influence on the estimation of variance components for body weights and their impact on the genetic evaluation of Nellore breeders. Data from 43,331, 40,306, 35,024 and 31,697 standardized body weight records were used at 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365) and 450 (P450) days of age, respectively, in animals participating in the Nellore Breeding Program of the National Association of Breeders and Researchers (ANCP) from herds located in the states of Mato Grosso, Mato Grosso do Sul and Goiás. The standard deviation classes (SD) were formed by the standardization of averages of herd-year classes, with positive values composing the high DP class and values equal to and less than zero composing the low DP class. The mixed linear model used to obtain variance component included the fixed effects of contemporaneous group, age of cow at calving as covariate, genetic additive effects, maternal genetic, maternal permanent environment. For models of post-weaning weights (P365 and P450), the maternal genetic effect was removed. Variance components were estimated by the restricted maximum likelihood method and also by Bayesian inference using the Gibbs sampler to obtain *a posteriori* means. In general, estimates of body weights mean in the situation where the variance heterogeneity was disregarded (general analysis), were intermediate to the estimates observed among the DP classes. The estimates of direct heritability obtained in analyzes without considering variance heterogeneity (general analysis) were equal to 0.17, 0.22, 0.27 and 0.28 for P120, P210, P365 and P450, respectively, indicating a better response to selection in the post-weaning period. Estimates of maternal heritability of 0.09 and 0.07 for P120 and P210, respectively, indicate low accuracy and efficiency in selection for improved maternal ability in the Nellore breed of the Midwest. In general, for body weights in pre and post weaning, ignoring the presence of variance heterogeneity, the ordering of genetic values of the breeders under higher selection intensity, mainly in the pre-weaning phase is more influenced by the class of high DP, which in turn has greater additive genetic variability. When considering all breeders it is not expected changes in the order of them.

Key words: genetic parameters, selection, zootechnics

SUMÁRIO

1.	CAPÍTULO I – CONSIDERAÇÕES INICIAIS	1
1.1.	Introdução geral	1
1.2.	Revisão bibliográfica	Erro! Indicador não definido.
1.2.1.	Interação genótipo-ambiente (IGA).....	1
1.2.2.	Heterogeneidade de variância.....	3
1.2.3.	Crescimento pré e pós-desmame	4
1.2.4.	Estimação de Componentes de (Co)Variâncias via Inferência Bayesiana	5
1.3.	Referências bibliográficas	6
2.	CAPÍTULO II – ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE DE REPRODUTORES DA RAÇA NELORE DA REGIÃO CENTRO OESTE PARA OS PESOS CORPORAIS AOS 120, 210, 365 E AOS 450 DIAS.....	9
2.1.	Introdução	9
2.2.	Material e metodos	10
2.3.	Resultado e Discussão	12
2.4.	Conclusão	21
2.5.	Referências bibliográficas	22

1. CAPÍTULO I – CONSIDERAÇÕES INICIAIS

1.1. Introdução geral

Os bovinos apresentam grande importância no agronegócio mundial, pois as criações são exploradas desde a ocupação/abertura de áreas servindo como alimentação humana, fonte de proteína, produção de adubo orgânico (Andrioli & Gutterres, 2014), matéria-prima para mercado industrial (couro, pêlos, chifres, sangue), abastecendo assim as indústrias de calçados, vestuário, botões, sabões, cola e produtos farmacêuticos (Senger et al., 2017).

Estão presentes nos diversos sistemas de produção resultando nas mais distintas combinações entre os recursos genéticos, ambientais e socioeconômicos disponíveis, associados ainda às práticas de manejo utilizadas e das possíveis interações entre estes, assim os sistemas de produção mais eficientes são, aqueles que aperfeiçoam todos os recursos durante o processo de produção (Meister & Moura, 2007).

Nesses sistemas de produção, a variação de características, economicamente importantes, nos animais é controlada pela herança genética e pelo ambiente, mas também pela ação conjunta destes dois efeitos, podendo constituir a interação genótipo-ambiente(IGA).

Em se tratando do processo de seleção, isto implica que os animais identificados como superiores em um determinado ambiente não serão necessariamente os melhores, se transferidos para um ambiente diferenciado ou se sua progênie for mantida em condições, ambientais, distintas ao ambiente no qual esses animais foram selecionados, principalmente se o ambiente for de pior qualidade ou sofrer condições adversas (Zampar & Mourão, 2009).

A heterogeneidade de variância é uma forma de IGA aonde animais podem apresentar diferenças na expressão de seu genótipo em relação a variabilidade de níveis de produção.

Objetivou-se avaliar a existência da heterogeneidade de variância e sua influência sobre a estimação de componentes de variâncias para os pesos corporais aos 120, 210, 365 e aos 450 dias e verificar seu impacto na avaliação genética e a classificação de reprodutores da raça Nelore.

1.1.1. Interação genótipo-ambiente (IGA)

O avanço da produtividade na pecuária são, em sua maioria, provenientes dos ganhos genéticos, dos avanços nas áreas de nutrição, de sanidade animal, dos sistemas de manejo e das práticas de gestão mais eficientes. Importante destacar que além da consistente melhoria do padrão tecnológico da atividade nessas áreas, há ainda um perfil muito heterogêneo entre as regiões produtoras dos estados brasileiros, fato este observado em todo o território nacional.

A variação das características, nos animais de interesse econômico é controlada pela herança genética e ambiental, além da ação conjunta destes dois efeitos, conhecida como IGA. A expressão genética das características está sob a influência de um grande número de genes que constituem o genótipo de indivíduo, dessa forma, a ação destes está relacionada ao conjunto de efeitos contidos no ambiente.

A IGA existe quando avaliamos no mínimo dois genótipos e nos diferentes ambientes sendo genótipos as raças e as linhagens, e o ambiente as variações em qualquer fator que não tenha origem genética (clima, topografia, tipo manejo). Quando há diferença entre dois ou mais genótipos em um ambiente, e esta não se mantém constante em outro, significa que existe interação (Faria et al., 2011).

São inúmeros os fatores que podem causar a IGA, no quesito ambiental pode-se citar as variações de temperatura e qualidade da forragem, já do ponto de vista genético visa compreender os mecanismos responsáveis as diversas respostas.

Quando selecionamos reprodutores, fazemos uma avaliação genética a favor dos genes mais favoráveis para as características que desejamos melhorar. A seleção natural, ocorre em conjunto com a seleção praticada pelo homem, que opera em favor das características adaptativas, sobrevivência e reprodução. E assim, dentro de um ambiente específico, seja uma região, um estado ou um país, os rebanhos vão se adaptando a essa situação de produção.

Em sistemas intensivos onde a alimentação não é limitante serão favorecidos os genes que promovem maiores consumos dos animais, proporcionando maiores ganhos em peso. Já nos ambientes extensivos, onde a oferta de forragem varia conforme as condições climáticas, devido a sazonalidade na produção forrageira, prevalecerão os genes que melhorem a eficiência de uso dos alimentos reduzindo as exigências de manutenção, devido à redução de tamanho do trato digestivo e de alguns órgãos, como o fígado. Porém, a genética adaptada aos ambientes intensivos não é obrigatoriamente eficiente em condições de produção extensivas.

A existência da IGA adquire importância a partir do momento em que há diferença entre os ambientes, de seleção e de produção, o que pode implicar em desempenho diferenciado, proporcionando resposta à seleção significativamente diferente da esperada.

1.1.2. Heterogeneidade de variância

A seleção dos animais de importância econômica pode ser enfatizada sobre diferentes formas. Hammond (1947) avaliando esta temática propôs que animais que apresentam seus melhores desempenhos nos ambientes definidos superiores a cada espécie pelo fato do animal estar em sua máxima expressão genética.

Falconer (1952) relata que a seleção genética de animais em ausência de diferentes ambiente conduziria a um erro, visto que os animais teriam o genótipo semelhantes, mas a expressão dos genes aconteceria em somente alguns ambientes, conduzindo desempenhos diferenciados em diferentes ambiente.

Visto que essa interação pode também provocar alterações nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais e, por consequência, resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção.

A heterogeneidade de variância consiste em diferenças de expressão de um mesmo genótipo em diferentes extratos de produção. Assim, a presença de heterogeneidade de variância pode ser vista como uma forma de IGA e pode comprometer o resultado do processo de seleção caso a fonte dessa heterogeneidade sejam fatores ambientais. Consequentemente, a seleção será realizada mais em função do ambiente que propriamente pelo genótipo do animal.

Dickerson (1962) sugeriu que heterogeneidade de variâncias dentro de um mesmo rebanho implica na existência da influência ambiental na expressão dos genes, já que a base genética dos animais é semelhante, mas o desempenho é desigual.

Carneiro et al. (2006) avaliaram a amplitude dos efeitos da heterogeneidade de variâncias, foi verificado que a intensidade de seleção utilizada tem importância na avaliação, onde obteve como resultado na avaliação de vacas e touros com acurácia da predição dos valores genéticos prejudicada pelas médias de DP entre rebanhos, podendo levar a erros quando é realizada a classificação de animais superiores.

Sabendo disso, Martins (2002) relatou que as causas de haver heterogeneidade de variâncias entre rebanhos estão diretamente relacionadas com a composição genética do rebanho causadas pela seleção, composição racial ou pela IGA.

Ferreira et al.(2014) avaliando o efeito da heterogeneidade de variância sobre o peso aos 205 dias de animais da raça Nelore no bioma Amazônia constataram indicio de presença de IGA, com parâmetros de herdabilidade de 0,27, 0,33 e 0,26 respectivamente classes de alto, médio e baixo DP.

Carvalho et al.(2013) avaliaram a heterogeneidade de variâncias sobre pesos corporais de 205 e 365 dias de idade comparando três regiões e estimaram correlações genéticas, indicando que para o peso de 205 dias de idade(0,85 a 0,96) não haver indícios da presença da IGA, contrário para o peso corporal com 365 dias de idade (0,72 a 0,85).

Araujo *et al.* (2011), avaliaram peso ao ano e obteve as estimativas de herdabilidade para as classes de desvio-padrão baixo e alto onde foram respectivamente de 0,34 e 0,36 para,estes similares encontrado nesta pesquisa,. Porém, mesmo com valores próximos de herdabilidade, a correlação genética de 0,71 alcançada para este peso nas classes alta e baixa do desvio padrão fenotípico implica a presença de IGA. Neste mesmo estudo, a correlação genética entre classes de desvio-padrão foi igual ou menor que 0,84, implicando que a variância de uma característica nas duas classes de desvio-padrão, variou de forma semelhante, mostrando pouca alteração no ranking dos Touros nas duas classes de desvio-padrão.

1.1.3. Crescimento pré e pós-desmame

Crescimento ponderal de bovinos é de grande importância para se conhecer a curva de crescimento destes indivíduos, que apresenta duas fases importantes, sendo estas no aleitamento e no pós-aleitamento, designado na literatura de pré e pós-desmame.

A avaliação do animal no período pré-desmame é feita por meio dos pesos ao nascimento e à desmama. Nesta fase, é considerada a habilidade materna, que mostra a dependência do animal em relação a sua mãe. A habilidade materna é o efeito da vaca sobre o desenvolvimento da sua cria, como por exemplo demonstra a sua capacidade de produção de leite influenciando o desempenho do bezerro, não sendo este determinado somente pelo seu potencial genético.

O desempenho da primeira fase de vida do animal é explicado a em grande parte de como será o tratamento da vaca com sua prole comumente chamada de habilidade materna, com o passar da vida do animal perde a dependência da mãe, conseqüentemente seu desempenho final é explicado em parte pelos desafios enfrentados durante sua vida e de sua mãe.

Uma das estratégias no final do pré-desmame é de um bezerro viável e sadio e com peso dentro ou superior a média de sua raça. Pensando que a grande maioria da produção de bezerros é feita para a matriz a produção de leite em altos níveis não é o principal objetivo e sim a produção de leite que atenda as exigências do bezerro (PEROTTO, 2008).

Touros com bons índices de de peso ao desmame nas suas proles, significa que este animal tem uma boa capacidade de produzir uma boa matriz sendo refletindo em suas netas.

A idade da vaca ao parto é de grande importância sendo que na literatura se observa como efeito quadrático positivo, isto é, a vaca ao longo da sua vida reprodutiva tem um pico onde desmama seus melhores bezerros e, conseqüentemente, este potencial vai reduzindo com passar da idade da vaca.

Na fase pós aleitamento, temos duas características importantes que são comumente usadas nas bases de dados dos programa de melhoramento, que são peso ao ano (12 meses) e o peso ao sobreano (18 meses). Estes pesos tem como finalidade identificar animais que apresentam ganho de peso acelerado, terminando a engorda em menos tempo, que são determinados de animais precoces.

1.1.4. Estimação de Componentes de (Co)Variâncias via Inferência Bayesiana

Para sucesso na prática da seleção, em um programa de melhoramento a adoção do modelo que melhor represente o efeito biológico é fundamental que se conheça a maior parte das fontes de variações acerca da expressão fenotípica na obtenção de estimativas que conduzam a predições de valores genéticos acurados.

A utilização da inferência bayesiana no melhoramento genético animal, iniciou-se por meio de Daniel Gianola, com o desenvolvimento de diferentes estudos em melhoramento animal na década de 1990 (GIANOLA & FERNANDO 1986). Os fundamentos do método bayesiano consistem em descrever todos os erros que podem existir em torno de um parâmetro, usando como medida do erro a probabilidade de que o parâmetro tome determinados valores. No caso em que se necessita de uma estimação pontual de dado parâmetro, pode-se usar a moda, média ou mediana.

O teorema de Bayes estabelece um vetor teta não observável e um vetor observável y , com a seguinte equação $p(\theta/y) \propto p(\theta) p(y/\theta)$, onde :

$p(\theta)$ - Densidade de probabilidade *a priori* de θ , a qual reflete o grau de conhecimento acumulado sobre os possíveis valores de θ , antes da obtenção de informações contidas em y ;

$p(y/\theta)$ - Modelo amostral - função de verossimilhança, se visto como função de θ , com y fixo, que representa a contribuição de y ao conhecimento de θ ;

$p(\theta/y)$ - Densidade de probabilidade *a posteriori* de θ , a qual é a junção do grau de conhecimento prévio sobre θ “atualizado por informações adicionais” contidas em y ;

Portanto, a teoria da Bayesiana tem como critério o uso de probabilidades condicionais, em que se atribui uma confiança inicial na variável resposta θ (*a priori*), se admite um conhecimento inicial da natureza dos dados, além da função de verossimilhança, com intuito de usar na análise as duas informações.

Com posse do resultado da inferência baiesana o Amostrador de Gibbs conta com um sistema de amostragem conhecido como Metodo de Monte Carlo via cadeias de Markov que realizará uma simulação em um conjunto de dados aleatório coletados do espaço amostral que gera uma distribuição de medias *a posteriori* $p(\theta/y)$.

Um dos critério para análise de convergência de cadeia é o diagnóstico de Geweke (GEWEKE 1991), fundamentado em um teste Z de igualdade de médias em cima de uma função logaritima da distribuição condicional. O teste é realizado comparando por uma função $l_i = \log p(y|\theta^j, M_i)$ nos 10% (n_a) dos dados iniciais e do 50% (n_b) últimos dados.

Para que a análise seja validada, espera que seja não significativa, isto é a cadeia seja igual do começo ao fim, caso contrario faz necessário descartar ou aumentar numero de ciclos da cadeia, com intuito de adequar os dados para estimar reais parâmetros genéticos.

1.2. Referências bibliográficas

ANDRIOLI, E.; GUTTERRES, M. Processos alternativos ao tratamento dos resíduos sólidos gerados pela indústria coureiro-calçadista. In: **XX Congresso Brasileiro de Engenharia Química, Florianópolis, SC**. 2014.

ARAÚJO, C., BTTENCOURT, T., ARAÚJO, S., LÔBO, R. B., & BEZERRA, L. A. F. (2011). Estudo da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 40(9), 1902-1908.

CARNEIRO, A. P. S.; TORRES, R. A.; LOPES, P. S.; EUCLYDES, R. F.; CARNEIRO, P. L. S.; CUNHA, E. E. Erros na classificação de touros, vacas e touros jovens geneticamente

- superiores avaliados na presença de heterogeneidade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 5, p. 1907-1914, 2006.
- CARVALHO, C. V. D., BITTENCOURT, T. C. C., LÔBO, R. B., PINTO, L. F. B., NASCIMENTO, M. C. Interação genótipo-ambiente sobre os pesos aos 205 e 365 dias de idade em bovinos da raça Nelore em diferentes regiões do Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 14, n. 1, p. 10-20, 2013.
- CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. et al. Efeito da interação genótipo-ambiente na avaliação genética de Bovinos de corte. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 13, n. 2, 2007.
- DICKERSON, G. E. Implications of genetic-environmental interaction in animal breeding. **Animal Science**, v. 4, n. 1, p. 47-63, 1962.
- FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. **The American Naturalist**, v. 86, n. 830, p. 293-298, 1952.
- FARIA, C.U., TERRA, J.P, YOKOO, M.J.I., et al. Interação genótipo-ambiente na análise genética do peso ao desmame de bovinos Nelore sob enfoque bayesiano. **Acta Scientiarum. Animal Sciences** Maringá, v. 33, n. 2, p. 213-218, 2011
- FERREIRA, J. L. et al. Impact of heterogeneity of residual variance on genetic estimate of Nellore cattle from Amazônia bioma. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n. 2, p. 281-288, 2014.
- GEWEKE, J. **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments**. Minneapolis, MN, USA: Federal Reserve Bank of Minneapolis, Research Department, 1991.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 63, p. 217-244, 1986.
- HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. **Biological Reviews**, v. 22, n. 3, p. 195-213, 1947.
- MEISTER, L.C.; MOURA, A. D. Diagnóstico da cadeia produtiva agroindustrial bovinocultura de corte estado de Mato Grosso. **FAMATO/FABOV**, Cuiabá, 2007.
- Mr. Bayes, & Price, M. An essay towards solving a problem in the doctrine of chances. by the late rev. mr. bayes, frs communicated by mr. price, in a letter to john canton, amfrs. **Philosophical Transactions (1683-1775)**, p. 370-418, 1763.
- PATTERSON, H. D., THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.
- PEROTTO, D. Habilidade materna em bovinos de corte. In: Congresso brasileiro de raças Zebuínas, 7., 2008, Uberaba. **Anais...** Uberaba: Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. Uberaba, 2008. p. 81-101.

SENGER, F., PIOVEZAN, A. P., TRIZOTTO, C. et al. Produtos naturais de origem animal usados na fabricação de medicamentos. **Anuário Pesquisa e Extensão Unoesc Xanxerê**, v. 2, p. 13501, 2017.

TORAL, B., L. F., ALENCAR, M. M., FREITAS, A. R. Abordagens frequentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia= Brazilian Journal of Animal Science**, p. 43-53, 2007.

ZAMPAR, A., MOURAO, G. B. A importância da interação genótipo-ambiente na bovinocultura leiteira - Parte I. Piracicaba: Agripoint Ltda., 2009

2. CAPÍTULO II – ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE DE REPRODUTORES DA RAÇA NELORE DA REGIÃO CENTRO OESTE PARA OS PESOS CORPORAIS AOS 120, 210, 365 E AOS 450 DIAS

2.1. Introdução

A pecuária bovina assume, atualmente, grande importância no agronegócio mundial e nesse contexto, o Brasil assume posição de destaque na produção de carne bovina. Entretanto, os sistemas de produção brasileiro é bem diversificado e oriundo de diversas regiões, culturas grupos genéticos e disponibilidade de recursos.

Diante da diversificação desses variados fatores, advem a necessidade de realizar a seleção genética dos animais pela identificação dos melhores genótipos que possibilite, melhores desempenhos em seus respectivos ambientes onde serão explorados.

A interação genótipo ambiente (IGA) é caracterizada por diferenças obtidas nas respostas dos genótipos em ambientes diferentes que, quando presentes, podem levar ao erro no momento da avaliação genética, alterando a ordem dos genótipos quando criados em ambientes diferentes (Araújo et al., 2011).

A heterogeneidade de variâncias pode ser considerada uma manifestação de IGA, caso a heterogeneidade seja advinda de fatores ambientais, o processo de seleção pode ser comprometido, fazendo com que este procedimento seja realizado, em sua maioria, em função do ambiente e não do genótipo do animal.

Valente et al. (2008), citaram que parte dos efeitos da IGA sob a presença da heterogeneidade de variância é causado pelos diversos ambientes gerando queda da performance, de filhos de avaliados.

Como na maioria das vezes o ambiente de criação do progenitor não é o mesmo ambiente de sua prole, ambos poderão apresentar desempenhos diferentes, levando assim à necessidade de se realizar estudos sobre a IGA no desempenho dos animais criados nas diferentes regiões do país.

Para o segmento da pecuária a IGA merece atenção, pois a existência da mesma pode comprometer o planejamento do progresso genético esperado, bem como conduzir na utilização de animais considerados, erroneamente, superiores às determinadas condições ambientais.

Dessa forma, objetivou-se avaliar a existência da heterogeneidade de variância, sua influência sobre a estimação de parâmetros genéticos e seu impacto na avaliação genética de reprodutores da raça Nelore para os pesos corporais aos 120, 210, 365 e aos 450 dias de idade.

2.2. Material e metodos

Utilizaram-se informações de 43.331, 40.306, 35.024 e 31.697 registros de pesos corporais padronizados aos 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade, respectivamente, de animais participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore-Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), provenientes de 411, 387, 361 e 328 reprodutores, de rebanhos localizados nos estados de Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás, nascidos entre os anos de 1990 a 2014.

A matriz de parentesco apresentou 57.664 animais e os meses de nascimento foram agrupados em estações 1 e 2, que correspondem aos meses de menor e maior incidência de chuvas (de abril a setembro e de outubro a março, respectivamente).

Os grupos de contemporâneos foram compostos pela combinação dos efeitos fixos de rebanho, ano e estação de nascimento dos animais e sexo do animal. Foram consideradas informações de grupo de contemporâneos com no mínimo quatro observações. A idade da vaca ao parto foi utilizada como covariável com média de $76 \pm 37,36$ meses.

Para avaliar a influência de variâncias heterogêneas nos dados sobre a classificação genética dos animais, foram realizadas análises univariadas para cada peso (análise geral) desconsiderando-se a heterogeneidade de variâncias e análises bivariadas com os dados de cada peso corporal considerados como características distintas em classes de desvios-padrão fenotípico. As classes de desvios-padrão (DP) foram formadas pela padronização de médias de classes de rebanho-ano. Classes de rebanho-ano com desvios-padrão positivos compuseram a classe de alto DP e valores iguais e menores que zero compuseram a classe de baixo DP. Para a conectividade genética foram considerados somente informações de reprodutores com no mínimo três progênies em cada classe de DP, e ainda, com progênies em ambas as classes de DP.

O modelo linear misto utilizado para a obtenção de componente de variância para os efeitos genético aditivo, genético materno, de ambiente permanente materno e ambiente

temporário, representado como $y = X\beta + Z1a + Z2 m + Z3 pm + e$, em que: y = vetor de observações, β = vetor de efeitos fixos (grupo de contemporâneos e idade da vaca ao perto), a = vetor de efeito genético aditivo direto, m = valor do efeito genético maternal, pm = vetor do efeito de ambiente permanente maternal, e = vetor de efeito residual, X = matriz de incidência que associa β com y , $Z1$ = matriz de incidência do efeito genético direto, $Z2$ = matriz de incidência do efeito genético maternal, $Z3$ = matriz de incidência do efeito de ambiente permanente maternal.

Para os modelos dos pesos do pos desmame (365 e 450) desconsiderou-se o efeito genético materno.

Os componentes de covariância, herdabilidade e correlações genéticas foram estimados por inferência bayesiana (IB), por meio de amostrador de Gibbs através do programa GIBBS1F90 (Misztal, 2007), para obtenção de médias à posteriori utilizando cadeias de tamanho de 500.000 rounds, salvando a cada 10 amostras, com período de descarte de 50.000 ciclos iniciais.

Para diagnóstico das cadeias utilizou-se o critério de Geweke (GEWEKE 1991) ao nível de 5% de probabilidade, utilizando seguinte expressão :

$$Z_i = \frac{\bar{l}_i^A - \bar{l}_i^B}{\sqrt{\frac{S_A^2}{n_A} + \frac{S_b^2}{n_B}}}$$

Em que : $n_A = 4.500$; $\bar{l}_i^A = \frac{1}{n_A} \sum_{j=1}^{n_A} l_i^{(j)}$; $n_B = 22.500$; $\bar{l}_i^B = \frac{1}{n_B} \sum_{j=n^*}^m l_i^{(j)}$, $n^* = 22.500$ e m = tamanho da cadeia;

Foram calculadas as correlações de *Spearman* entre os valores genéticos dos reprodutores que continham no mínimo 15 progênes em cada classe de DP, sendo o número de reprodutores de 179, 154, 147 e 130 respectivamente, para P120, P210, P365 e P450. Em seguida calculou-se a correlação de *Spearman* para os 20% melhores touros classificados em análise que desconsiderou as classes de DP.

Foi também composto um índice com o mesmo fator de ponderação para todos os pesos corporais, expresso como: $\text{Índice} = (P120 * 0.25) + (P210 * 0.25) + (P365 * 0.25) + (P450 * 0.25)$, considerado somente reprodutores que continham mínimo 20 progênes (10 filhos em cada classe de cada peso), e posteriormente, calculou-se as correlações de *Spearman*

a partir do índice contendo 100%,75%, 50% e 25% dos reprodutores mais positivos, que correspondeu à 112, 84, 56 e 28 dos reprodutores.

2.3. Resultado e Discussão

As médias e respectivos desvios-padrão para pesos corporais aos 120 (P120), 210 (P210) dias, aos 365 (P365) e aos 450 (P450) dias de idade foram maiores na classe de alto desvio-padrão fenotípico (DP) (Tabela 1). Entretanto os desvios-padrão foram similares em ambas classes.

De forma geral, as estimativas de médias dos pesos corporais na situação em que se desconsiderou a heterogeneidade de variância (análise geral) foram intermediárias às estimativas observadas entre as classes de DP. Ainda, as estimativas médias obtidas para os P120 e P210 na classe de alto DP excederam, aproximadamente, em 12% àquelas observadas na classe de baixo DP, enquanto que para pesos corporais na pós-desmame esse percentual foi de aproximadamente 18%. Os desvios-padrão entre as classes de DP, em todos os pesos corporais, mativeram-se proporcionais em relação às estimativas de médias, resultando em estimativas de coeficientes de variação foram similares em todas as situações, em média de 15%, corroborando com os dados encontrados por Sirol (2007).

Para a média do peso á desmama (P120),Carvalho et al. (2013) avaliaram animais Nelore na região do Centro-Oeste obtendomedía de $183,53 \pm 16,64$ Kg, com coeficiente de variação de 9 %, indicando uma menor variabilidade nos dados. No contexto bayesiano Faria et al. (2011), encontraram valores de peso corporal ao desmame de 187 ± 28 kg , sendo este resultado é oriundo de dados de 6 estados.

Lira et al. (2013) avaliou pesos corporais pós-desmame de bovinos Nelore nos estados do Pará e Mato Grosso com valores médios para peso padronizado aos 365 e aos 450 dias de idade de $244 \pm 35,23$; $282,5 \pm 41,65$ com coeficiente de variação em torno dos 15,48%, similares encontrado no trabalho.

Tabela 1. Numero de reprodutores(N), média, Desvio padrão (DP), Coeficiente padrão (Cv) nas diferentes classes de desvios padrão fenotípico.

Peso	n° de pais	Classe	n° de GC	N	Média	DP	Cv
P120	411	Baixo	289	21224	119,56	18,06	15,10
		Alto	309	22107	134,06	18,65	13,91
		Geral	598	43331	126,96	19,74	15,55
P210	387	Baixo	315	21206	173,96	24,81	14,26

		Alto	276	19100	195,83	26,95	13,76
		Geral	591	40306	184,32	28,06	15,22
P365	361	Baixo	302	18943	216,06	30,97	14,34
		Alto	258	16081	255,64	39,68	15,52
		Geral	560	35024	234,23	40,38	17,24
P450	328	Baixo	275	14906	250,80	34,09	13,59
		Alto	243	16791	296,71	45,65	15,38
		Geral	518	31697	275,12	46,64	16,95

As estimativas de componentes de variâncias genética aditiva, em todos os pesos corporais, com excessão de P120, aumentaram da classe de baixo para alto DP, refletindo que o aumento da variância entre as classes de DP foi acompanhado do aumento de variância genética. Por outro lado, estimativas de variância ambiental foram maiores na classe de baixo DP para os pesos corporais na pré-demama e maiores na classe de alto DP nos pesos corporais pós-desmame.

As estimativas de herdabilidade direta obtidas em análise geral foram iguais a 0,17; 0,22; 0,27 e 0,28 para P120; P210; P365 e P450, respectivamente, indicando melhor eficiência de resposta à seleção no período pós-desmame. Estimativas de herdabilidade materna de 0,09 e 0,07 par P120 e P210, respectivamente, indicam baixa eficiência na seleção para melhoria da habilidade materna na raça Nelore do Centro Oeste.

A exemplo das estimativas de desvios-padrão entre as classes de DP para P120, as estimativas de variâncias genética aditiva também foram próximas em ambas classes, resultando em estimativas de herdabilidade semelhantes (0,20 e 0,21). Por outro lado, a estimativa de correlação genética de 0,56, indica que para essa característica, apesar de apresentar-se as mesmas variabilidades fenotípica e genética aditiva entre as classes de DP, houve presença de IGA.

Para P210 a estimativa de herdabilidade na classe de baixo DP foi semelhante à obtida em análise geral (0,22) e inferior à estimativa proveniente da classe de alto DP (0,27). Nos demais pesos corporais, P365 e P450, observaram-se maiores estimativas de herdabilidade nas classes de DP em relação àquelas obtidas em análise geral, com maiores discrepâncias nas estimativas obtidas na classe de alto DP, apresentando incrementos de, aproximadamente, 40% em ambos pesos corporais.

As estimativas de correlações genética aditiva para P210, P365 e P450, iguais a 0,84; 0,78 e 0,85, respectivamente, indicam redução da importância da heterogeneidade de variâncias e da presença de IGA para os pesos corporais nessas idades.

Tabela 2. Médias a posteriori de Componentes de variâncias e seus desvios(Dp) pelo método de Amostrador de Gibbs, Intervalo de Máxima Densidade (HPD=95%) e critério de Geweke (probabilidade associada) da genética aditiva (σ^2_a), ambiente permanente materno (σ^2_{pm}), materno (σ^2_m), variância residual (σ^2_e), herdabilidade direta(h^2) e correlação genética (r_c) para o peso aos 120 dias de idade nas diferentes classes de desvios padrão fenotípico.

Peso padronizado aos 120 dias(P120)			
	Classe		
	Baixo	Alto	Geral
σ^2_a	57,69 \pm 5,84	58,44 \pm 6,20	47,39 \pm 4,11
HPD=95%	(46,87 - 69,69)	(46,34 - 70,37)	(39,67 - 55,80)
Geweke	0,04 (0,97)	0,07 (0,94)	0,04 (0,97)
σ^2_{pm}	19,30 \pm 3,65	37,5 \pm 3,84	39,33 \pm 2,63
HPD=95%	(12,32 - 26,45)	(30,07 - 45,00)	(34,13 - 44,41)
Geweke	0,15 (0,88)	0,04 (0,97)	0,03 (0,98)
σ^2_m	35,39 \pm 4,12	45,74 \pm 4,37	23,57 \pm 2,69
HPD=95%	(27,80 - 43,55)	(37,38 - 54,48)	(18,27 - 29,02)
Geweke	0,26 (0,79)	0,08 (0,94)	0,06 (0,95)
σ^2_e	164,24 \pm 4,31	139,90 \pm 4,20	164,14 \pm 2,77
HPD=95%	(155,80 - 172,70)	(131,80 - 148,20)	(158,90 - 169,70)
Geweke	0,01 (0,99)	0,07 (0,94)	0,04 (0,97)
h^2	0,21 \pm 0,02	0,21 \pm 0,02	0,17 \pm 0,01
r_g	0,56 \pm 0,06		

Tabela 3 . Médias a posteriori de Componentes de variâncias e seus desvios(Dp) pelo método de Amostrador de Gibbs, Intervalo de Máxima Densidade (HPD=95%) e critério de Geweke (probabilidade associada) da genética aditiva (σ^2_a), ambiente permanente materno (σ^2_{pm}), materno (σ^2_m), variância residual (σ^2_e), herdabilidade direta(h^2) e correlação genética (r_c) para o peso aos 210 dias de idade nas diferentes classes de desvios padrão fenotípico.

Peso padronizado aos 210 dias(P210)			
	Classe		
	Baixo	Alto	Geral
σ^2_a	110,54 ±11,96	153,81 ±15,29	118,55 ±9,48
HPD=95%	(87,27 - 133,80)	(124,70 - 184,70)	(100,80 - 137,70)
Geweke	0,16 (0,8728)	0,07 (0,94)	0,08 (0,94)
σ^2_{pm}	52,91 ±6,65	78,00 ±7,73	87,00 ±4,95
HPD=95%	(39,63 - 65,81)	(63,02 - 93,42)	(77,35 - 96,79)
Geweke	0,10 (0,92)	0,16 (0,87)	0,03 (0,98)
σ^2_m	53,86 ±6,51	67,16 ±8,09	29,91 ±4,77
HPD=95%	(41,38 - 66,57)	(51,90 - 83,42)	(20,94 - 39,58)
Geweke	0,08 (0,94)	0,27 (0,79)	0,07 (0,94)
σ^2_e	281,65 ±8,10	271,42 ±9,60	290,34 ±5,98
HPD=95%	(266,00 - 297,90)	(252,60 - 290,40)	(278,80 - 302,30)
Geweke	0,02 (0,98)	0,04 (0,97)	0,07 (0,94)
h^2	0,22 ±0,02	0,27 ±0,02	0,23 ±0,02
r_g	0,85 ±0,04		

Tabela 4 Médias a posteriori de Componentes de variâncias e seus desvios(Dp) pelo método de Amostrador de Gibbs, Intervalo de Máxima Densidade (HPD=95%) e critério de Geweke (probabilidade associada) da genética aditiva (σ^2_a), ambiente permanente materno (σ^2_{pm}), variância residual (σ^2_e), herdabilidade direta(h^2) e correlação genética (r_c) para o peso aos 365 dias de idade nas diferentes classes de desvios padrão fenotípico.

Peso padronizado aos 365 dias(P365)			
	Classe		
	Baixo	Alto	Geral
σ^2_a	189,97 ±16,13	288,60±24,75	177,64 ±13,97
HPD=95%	(158,30 - 221,20)	(241,10 - 338,9)	(150,80 - 205,80)
Geweke	0,06 (0,95)	0,10 (0,92)	0,05 (0,96)
σ^2_{pm}	66,1 ±6,93	80,29 ±9,32	82,54 ±5,29
HPD=95%	(52,82 - 79,69)	(62,31 - 98,71)	(72,16 - 92,91)
Geweke	0,07 (0,94)	0,02 (0,98)	0,04 (0,97)
σ^2_e	322,01 ±10,95	402,73 ±15,92	394,97 ±8,85
HPD=95%	(300,6 - 343,4)	(370,20 - 432,90)	(377,80 - 412,70)
Geweke	0,02 (0,98)	0,09 (0,93)	0,03 (0,98)
h^2	0,33 ±0,03	0,37 ±0,03	0,27 ±0,02
r_g	0,8 ±0,04		

Tabela 5 Médias a posteriori de Componentes de variâncias e seus desvios(Dp) pelo método de Amostrador de Gibbs, Intervalo de Máxima Densidade (HPD=95%) e critério de Geweke (probabilidade associada) da genética aditiva (σ^2_a), ambiente permanente materno (σ^2_{pm}), variância residual (σ^2_e), herdabilidade direta(h^2) e correlação genética (r_g) para o peso aos 450 dias de idade nas diferentes classes de desvios padrão fenotípico.

Peso padronizado aos 450 dias(P450)			
	Classe		
	Baixo	Alto	Geral
σ^2_a	193,08 ±20,68	323,07 ±26,63	206,25 ±16,74
HPD=95%	(154,70 - 234,8)	(272,60 - 375,50)	(174,8 - 240,3)
Geweke	0,06 (0,95)	0,08 (0,94)	0,05 (0,96)
σ^2_{pm}	69,68 ±9,77	71,59 ±10,06	78,06 ±6,42
HPD=95%	(51,11 - 89,16)	(52,14 - 91,54)	(65,54 - 90,60)
Geweke	0,02 (0,98)	0,00 (1)	0,00 (1)
σ^2_e	379,42 ±14,10	434,39 ±16,92	445,06 ±10,62
HPD=95%	(352,10 - 407,20)	(402,10 - 467,70)	(424,30 - 465,90)
Geweke	0,06 (0,95)	0,08 (0,94)	0,05 (0,96)
h^2	0,30 ±0,03	0,39 ±0,03	0,28 ±0,02
r_g	0,85 ±0,03		

As estimativas de herdabilidade direta para P120 e P210 (Tabela 4 e 6) foram semelhantes as encontradas por Sirol (2007), que obtiveram valores iguais a 0,21 e 0,22, respectivamente. No mesmo trabalho, foi encontrado estimativas de herdabilidade direta para os pesos corporais 365 dias e 450 dias de 0,22 e 0,34, respectivamente. Ferreira et al.(2014) verificaram para o peso corporal aos 205 dias de idade estimativas de herdabilidade variando de 0,26 a 0,33, valores superiores aos observados por Fridrich et al. (2008) para animais criados na região do Centro-Oeste.

O teste de Geweke demonstrou que os tamanhos de cadeias obtidas em cada peso corporal, que geraram as *medias posteriores* adequadas. Para todos os parâmetros, o valor de p sempre foi maior que o nível de significância fixado (5%), os valores ficaram dentro dos intervalos de máxima densidade (HPD) demonstrando a validade da análise bayesiana.

Campelo et al. (2003) avaliaram a influencia da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos da raça Tabapuã utilizando os pesos de 120, 240 e 420 dias de idade constatando maiores estimativas de herdabilidade nas classes de altos desvios. Para todos os pesos, as correlações dos valores genéticos dos animais nos diversas classes foram superiores a nível de não ocorrer alterações na classificações dos animais.

Todas as estimativas de correlações de *Spermam* foram de altas magnitudes (de 0,86 a 0,98) quando comparamos todos animais, todavia, selecionando-se os 20% melhores reprodutores com bases nos valores genéticos dos pesos corporais em análise geral, ou seja, ignorando-se a presença de heterogeneidade de variâncias, os percentuais de correlação com as classes de DP diminuíram.

Ainda, com exceção do P365, em que essa diminuição foi proporcional para ambas classes de DP (17%), maiores reduções foram observadas para estimativas obtidas na classe de baixo DP (26 a 36%) e principalmente para os pesos corporais na pré-desmame, revelando que o efeito de heterogeneidade de variância sobre a avaliação de reprodutores é mais marcante para os animais de maior valor genético predito.

Nesse contexto, de uma forma geral para os pesos coroprais na pré e pós-demama, ignorando-se a presença de heterogeneidade de variância, a ordenação dos valores genéticos dos reprodutores, sob maior intensidade de seleção, é mais influenciada pela classe de alto DP, que por sua vez é detentora de maior variabilidade genética aditiva.

Sob maior pressão de seleção identificou-se que em todos os pesos a classificação é alterada, mas para pré-desmame este efeito foi mais acentuado (Tabela 6).

Valores de correlações de *Spearman* para P120 na relação de baixa para geral (0,86) e alta para geral (0,92) foram altas indicam pouca mudança de ordenação de reprodutores,

quando aumenta a intensidade de seleção com os 20% melhores touros. A classe de alto para baixo demonstrou não haver correlação de *Spearman* ($p=0,93$), com correlações baixas tanto no estrato baixo para geral (0,57) quanto no alto para geral (0,66), denotando que quando avaliamos todos os animais não haver reordenação de ranking, porém quando atuamos em uma seleção intensa os animais podem ser reordenados.

Valores de correlações de de *Spearman* para P210 se comportou de mesma forma que o peso corporal de 120 dias, onde aumentando a pressão de seleção o valor de alto para geral (0,8) foi de magnitude alta implicando em pouca mudança no ordenamento dos animais (Tabela 6).

Tabela 6 .Estimativas de correlação Spearman (acima da diagonal) entre todos os touros com 15 progênies em cada classe de desvio-padrão fenotípico e para os 20% melhores touros para análise geral (abaixo da diagonal) para pesos corporais aos 120 dias (P120) e 210 dias(P210) de idade.

Classe	P120			P210		
	Baixo	Alto	Geral	Baixo	Alto	Geral
Baixo		0,66 ($p<0,01$)	0,86 ($p<0,01$)		0,89($p<0,01$)	0,96($p<0,01$)
Alto	-0,02($p=0,93$)		0,92($p<0,01$)	0,21($p=0,27$)		0,97($p<0,01$)
Geral	0,57($p<0,01$)	0,66($p<0,01$)		0,61($p<0,01$)	0,8($p<0,01$)	

Valores de correlações de *Spearman* para P365 e P450 se mantiveram com uma alta magnitude quando comparadas com todos animais e os 20% melhores A altas correlações indicam pouca mudança na ordenação (Tabela 7).

Tabela 7. . Estimativas de correlação Spearman (acima da diagonal) entre todos os touros com 15 progênies em cada classe de desvio-padrão fenotípico e para os 20% melhores touros para análise geral (abaixo da diagonal) para pesos corporais aos 365 dias (P365) e 450 dias(P450) de idade.

Classe	P365			P450		
	baixo	Alto	Geral	Baixo	Alto	Geral
Baixo		0,83($p<0,01$)	0,94($p<0,01$)		0,89($p<0,01$)	0,95($p<0,01$)
Alto	0,45($p=0,013$)		0,96($p<0,01$)	0,45($p=0,019$)		0,98($p<0,01$)
Geral	0,78($p<0,01$)	0,8($p<0,01$)		0,7($p<0,01$)	0,84($p<0,01$)	

Para o índice geral as estimativas de correlação de *Spearman*, a medida que aumentou a intensidade de seleção o ranqueamento dos animais foram alterados quando estes foram selecionados como alto DP ou baixo DP comparado com análise geral (Tabela 8).

Tabela 8 .Estimativas de correlação Spearman considerando índice geral dos valores genéticos em todos os pesos

		100%			50%		
		Vgb	vga	vgg			
					vgb	Vga	vgg
75%	Vgb	1	0,86	0,93	1	0,55	0,76
	Vga	0,72	1	0,96	0,49	1	0,89
	Vgg	0,86	0,93	1	0,78	0,74	1

De forma geral, verificou-se maior influência do efeito da heterogeneidade de variâncias sobre a avaliação genética dos reprodutores, quando se aplica maior intensidade seletiva para o peso, com maiores correlações entre predições de mérito genético na classe de alto DP com a análise geral.

Por outro lado, maiores correlações entre as classes de DP com análise geral foram verificadas para peso ao ano e sobreano, indicando menor efeito da heterogeneidade de variâncias.

2.4. Conclusão

Verificou-se baixa influência da interação genótipo ambiente sob a forma de heterogeneidade de variâncias, exceto para o P120, Ainda, a mesma apresentou impacto sobre a avaliação genética para pesos corporais de reprodutores sob maior intensidade seletiva. Ao considerar todos os reprodutores não espera-se alterações na ordem do mesmos.

2.5. Referências bibliográficas

- ARAÚJO, C. V.; BITTENCOURT, T. C. B. S. C.; ARAÚJO, S. I.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; Estudo de heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.40, n.9, p.1902-1908, 2011.
- CAMPELO, J. E. G. et al. Influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 55, n. 6, p. 685-693, 2003.
- CARVALHO, C. V. D., BITTENCOURT, T. C. C., LÔBO, R. B., PINTO, L. F. B., NASCIMENTO, M. C. Interação genótipo-ambiente sobre os pesos aos 205 e 365 dias de idade em bovinos da raça Nelore em diferentes regiões do Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 14, n. 1, p. 10-20, 2013.
- FARIA, C. et al. Interação genótipo-ambiente na análise genética do peso ao desmame de bovinos Nelore sob enfoque bayesiano. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 33, n. 2, 2011.
- FERREIRA, J. L. et al. Impact of heterogeneity of residual variance on genetic estimate of Nellore cattle from Amazônia bioma. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n. 2, p. 281-288, 2014.
- FRIDRICH, A. B. et al. Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos dos pesos aos 205 e 365 dias de idade de bovinos Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 60, n. 4, p. 917-925, 2008.
- GEWEKE, J. **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments**. Minneapolis, MN, USA: Federal Reserve Bank of Minneapolis, Research Department, 1991.
- LIRA, T.S. et al. Interação genótipo-ambiente em pesos pós-desmama de bovinos Nelore criados nos estados do Maranhão, Mato Grosso e Pará. **Acta Veterinaria Brasilica**, v. 7, n. 4, p. 282-287, 2013.
- MISZTAL, I. 2007. URL: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>
- SIROL, M. L. F. G. Análise da heterogeneidade de variância em características de crescimento de bovinos da raça nelore. 2007.
- VALENTE, B. D.; SILVA, M. A.; SILVA, L. O. C.; BERGMANN, J.A.G.; PEREIRA, J.C.C.; FRIDRICH, A. B.; FERREIRA, I. C.; CORRÊA, G. S. S.; Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais Nelore das regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.60, n.2, p.389-400, 2008.