



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA
PROGRAMA DE PÓS- GRADUAÇÃO INTEGRADO EM ZOOTECNIA NOS
TRÓPICOS**

MARCELA CRISTINA FLEXA DO AMARAL

**PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS EM
BOVINOS DE CORTE DA RAÇA TABAPUÃ CRIADOS NA AMAZÔNIA
BRASILEIRA**

PARAUPEBAS

2023

MARCELA CRISTINA FLEXA DO AMARAL

**PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS EM
BOVINOS DE CORTE DA RAÇA TABAPUÃ CRIADOS NA AMAZÔNIA
BRASILEIRA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal Rural da Amazônia como parte das exigências do Programa de Pós-graduação Integrado em Zootecnia nos Trópicos: área de concentração Tecnologia na Produção Animal, para obtenção do título de Mestre.

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Marília Danyelle Nunes Rodrigues.

Coorientadora: Prof^a. Dr^a Lais Costa Brito.

PARAUPEBAS

2023

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Bibliotecas da Universidade Federal Rural da Amazônia
Gerada automaticamente mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- A485p Amaral, Marcela Cristina Flexa do
 Parâmetros genéticos de características produtivas em bovinos de corte da raça
 Tabapuã criados na Amazônia Brasileira / Marcela Cristina Flexa do Amaral. - 2023.
 47 f.: il. color.
- Dissertação (Mestrado) - Programa de PÓS-GRADUAÇÃO em Produção Animal na
 AMAZÔNIA (PPGPAA), Campus Universitário de Parauapebas, Universidade Federal
 Rural Da Amazônia, Parauapebas, 2023.
 Orientador: Profa. Dra. Marília Danyelle Nunes Rodrigues
 Coorientador: Profa. Dra. Lais Costa Brito.
1. Amostragem de Gibbs. 2. Inferência Bayesiana. 3. Melhoramento genético. 4.
 Zebuíno. I. Rodrigues, Marília Danyelle Nunes, *orient.* II. Título
-

CDD 636.20821

MARCELA CRISTINA FLEXA DO AMARAL

**PARÂMETROS GENÉTICO DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS EM
BOVINOS DE CORTE DA RAÇA TABAPUÃ CRIADOS NA AMAZÔNIA
BRASILEIRA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal Rural da Amazônia, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Produção Animal, área de concentração Tecnologia na Produção Animal, para obtenção do título de Mestre.

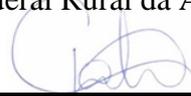
Aprovado(a) em 30 de janeiro de 2023

BANCA EXAMINADORA

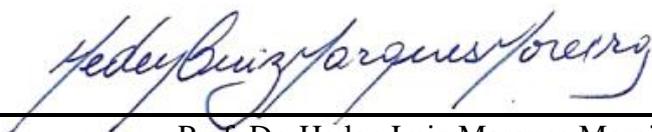


Prof. Dr^a. Marília Danyelle Nunes Rodrigues
Orientadora

Universidade Federal Rural da Amazônia – UFRA



Prof. Dr. Cristian Faturi
Universidade Federal Rural da Amazônia – UFRA



Prof. Dr. Heden Luiz Marques Moreira
Universidade Federal de Pelotas – UFPel



Prof. Dr. Leonardo Carvalho Castelo Branco
Universidade Federal Rural da Amazônia - UFRA

Dedico este trabalho à Deus e aos familiares que me apoiaram para que esse momento se concretizasse.

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar agradeço a vida.

À Deus pela oportunidade de iniciar e concluir mais uma etapa da vida, sem Ele nada seria possível.

À toda minha família que sempre apoiaram minhas decisões e ajudaram, cercando-me de carinho e amor, formando a minha base de sustentação. Em especial, aos meus queridos pais, Rogério e Kátia. Ao meu companheiro de vida, Neto, aos meus amados filhos, Maria Eduarda e Milton, que são meus tesouros mais preciosos. Minha irmã, Marcelly, e meus sobrinhos, Sofia e João Henrique.

À minha bisavó Maria Leonor (*“in memoriam”*).

Aos demais familiares que sempre me incentivaram, meus tios (padrinhos) Tânia e André, tio Pedro e tia Ana Ruth.

À Dona Margarida e o Sr. Joaquim, meus sogros, que também sempre me apoiaram e deram suporte em minhas decisões. Eduardo, André e Pedro (cunhados) pelo auxílio.

À Universidade Federal Rural da Amazônia – UFRA (Campus Parauapebas) e ao Curso de Pós-Graduação.

À professora Marília Nunes, pela orientação, oportunidade, otimismo e confiança para realização deste trabalho, além de ser uma “mãezona” para nós, orientados.

À Prof. Dr^a Lais Costa e ao Prof. Dr. Anderson Soares (Universidade Federal Rural da Amazônia - Campus Capanema), pela ajuda durante a realização do trabalho e o grupo de estudo de Melhoramento Genético Animal (MeGA). Em especial aos integrantes Alexandre, Brena, Kaio e Syanne, sempre prestativos nos pedidos de ajuda, principalmente, ao executar o programa R, não é Brena! Noites sonhando com a letra R perseguindo a gente (hehehe...).

Ao professor Rommel e ao seu orientado Carlos que disponibilizaram um tempinho para me ensinar como rodar os dados no servidor da UFPA e foram pacientes ao mostrar um pouco da introdução do Linux, fácil não foi, mas deu para conduzir as análises.

Aos amigos do mestrado, Luciely, Poliana, Cláudia, Andrey, Paula, Caio e Cleiton pelas conversas compartilhadas, momentos de estudo e risos. À Natália (Bibi) pela força e incentivo para iniciar o mestrado e acreditar na minha aprovação no processo seletivo.

À ABCZ (Associação Brasileira do Criadores de Zebu) pela concessão dos dados.

À FAPESPA (Fundação Amazônia de Amparo a Estudos e Pesquisas) pelo apoio financeiro ao longo do curso.

A todos que contribuíram e acreditaram diretamente ou indiretamente para a conclusão do curso.

RESUMO

A bovinocultura na Amazônia Legal avançou nos últimos anos, ganhando destaque no cenário produtivo nacional da atividade bovina. A raça zebuína, Tabapuã, inserida no contingente produtivo de carne na região, também se destacou, em virtude da sua boa adaptabilidade em regiões tropicais e precocidade produtiva e reprodutiva. Contudo, o conhecimento a respeito da genética desta raça ainda é sutil na Amazônia Legal, necessitando realizar mais trabalhos sobre a raça na região com o intuito de realizar a seleção dos melhores animais num programa de melhoramento genético. Desta forma, o objetivo desse estudo foi estimar os parâmetros genéticos de bovinos da raça Tabapuã com pesos padronizados em peso 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade. Para estimar os parâmetros genéticos dos animais, foram empregados dados de crescimento de bovinos Tabapuã da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), criados em regime de pastagem. Foram utilizadas 91.992 informações de animais Tabapuã pertencentes a Amazônia Legal, referentes aos estados Amazonas, Mato Grosso, Maranhão, Rondônia, Pará e Tocantins. Para os efeitos sistemáticos foram incluídos os grupos de contemporâneo (GC) que continham informações de ano de nascimento, estação de nascimento (divididos em estação chuvosa e menos chuvosa) e fazenda. A idade da vaca ao parto (IVP) foi incluída como efeito linear e quadrático no modelo. Para a estimação dos componentes de variância, foi empregado o método bayesiano, utilizando a cadeia de Markov via Monte Carlo (MCMC) pelo método de Amostragem de Gibbs, executados através do programa da família F90 (BLUPF90). A herdabilidade direta aditiva (h_d^2) para características P205, P365 e P550 dias de idade foram 0,15, 0,32 e 0,47, respectivamente. Para herdabilidade aditiva materna (h_m^2), a característica P205 foi 0,05. As correlações genéticas aditivas foram de moderado a alto entre os pares de pesos, superior a 0,47, indicando alto grau de associação entre as características de P365550. Os valores de h_d^2 estimados foram de baixos a alto para as características avaliadas pelo método bayesiano. Portanto, houve variabilidade genética em animais da raça Tabapuã, o que sugere ganho genético por meio de seleção. Além de resposta correlacionada entre as características.

Palavras-chave: Amostragem de Gibbs; Inferência Bayesiana; Melhoramento genético; Zebuino.

ABSTRACT

Cattle farming in the Legal Amazon has advanced in recent years, gaining prominence in the national productive scenario of bovine activity. The zebu breed, Tabapuã, included in the meat production contingent in the region, also stood out, due to its good adaptability in tropical regions and productive and reproductive precocity. However, knowledge about the genetics of this breed is still subtle in the Legal Amazon, requiring further work on the breed in the region in order to select the best animals in a genetic improvement program. Thus, the aim of this study was to estimate the genetic parameters of Tabapuã cattle with standardized weights at 205 (W205), 365 (W365) and 550 (W550) days of age. To estimate the genetic parameters of the animals, data on the growth of Tabapuã cattle from the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ), raised on pasture, were used. 91,992 data were used on Tabapuã animals belonging to the Legal Amazon, referring to the states of Amazonas, Mato Grosso, Maranhão, Rondônia, Pará and Tocantins. For systematic effects, contemporary groups (CG) that contained information on year of birth, season of birth (divided into rainy and less rainy season) and farm were included. Cow age at calving (CVI) was included as a linear and quadratic effect in the model. For the estimation of the variance components, the Bayesian method was used, using the Markov chain via Monte Carlo (MCMC) by the Gibbs Sampling method, executed through the F90 family program (BLUPF90). The direct additive heritability (h_a^2) for traits W205, W365 and W550 days of age were 0.15, 0.32 and 0.47, respectively. For maternal additive heritability (h_m^2), the W205 trait was 0.05. Additive genetic correlations were moderate to high between weight pairs, greater than 0.47, indicating a high degree of association between P365550 traits. The estimated h_a^2 values ranged from low to high for the traits evaluated by the Bayesian method. Therefore, there was genetic variability in animals of the Tabapuã breed, which suggests genetic gain through selection. In addition to correlated response between the characteristics.

Keywords: Gibbs sampling; Bayesian inference; Genetic improvement; Zebu.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

| | |
|---|----|
| Gráfico 1- Efetivo do rebanho de bovinos no Brasil em função dos anos..... | 13 |
| Figura 1- Rebanho bovino no Brasil, na Amazônia Legal e no resto do Brasil entre 1974 e 2019..... | 14 |
| Figura 2- Touro Tabapuã..... | 16 |
| Figura 3 (A, B e C) - Gráfico de traço dos componentes de (co)variância das cadeias bicaracterísticas de P205365, P205550 e P365550, respectivamente..... | 37 |
| Figura 4(A, B e C) - Histograma das densidades posteriores das herdabilidades de acordo com o tamanho da cadeia e após o burn-in (queima) em traços bicaracterísticos entre os pesos P205365, P205550 e P365550..... | 37 |

LISTA DE TABELAS

| | |
|---|----|
| Tabela 1 -Estimativas de herdabilidade (h^2) para pesos padronizados aos 205 (P205), 240 (P240), 365 (P365), 450 (P450), 480 (P480) e 550 (P550) dias de idade de bovinos da raça Tabapuã..... | 19 |
| Tabela 2 -Número de registros de bovinos da raça Tabapuã em parte dos estados da Amazônia Legal..... | 34 |
| Tabela 3 -Estatísticas descritivas para os pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em bovinos da raça Tabapuã da Amazônia Legal..... | 35 |
| Tabela 4 -Definição do número total de iterações, descarte (“burn-in”) e salvamento (“thin”) para multicaracterísticas entre os pesos aos P205365, P205550 e P365550 dias de idade..... | 36 |
| Tabela 5 -Parâmetros bicaracterístico dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em bovinos da raça Tabapuã da Amazônia Legal..... | 38 |
| Tabela 6 – Correlação fenotípica e genética bicaracterístico entre os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em bovinos da rala Tabapuã da Amazônia Brasileira..... | 41 |

SUMÁRIO

| | | |
|------------|-------------------------------------|-----------|
| 1 | CONTEXTUALIZAÇÃO | 12 |
| 2 | REVISÃO DE LITERATURA | 13 |
| 2.1 | Pecuária na Amazônia | 15 |
| 2.2 | Raça Tabapuã | 16 |
| 2.3 | Parâmetros Genéticos | 17 |
| 2.3.1 | Herdabilidade e Correlação | 18 |
| 2.4 | Modelos Mistos | 20 |
| 2.5 | Inferência Bayesiana | 23 |
| 3 | REFERÊNCIAS | 25 |
| 4 | INTRODUÇÃO | 32 |
| 5 | MATERIAL E MÉTODOS | 33 |
| 6 | RESULTADOS E DISCUSSÃO | 35 |
| 7 | CONCLUSÃO | 42 |
| 8 | REFERÊNCIAS | 42 |

1 CONTEXTUALIZAÇÃO

A bovinocultura no Brasil tem grande importância, visto que o país possui um dos maiores rebanhos do mundo (FREITAS JUNIOR; BARROS, 2020a). De acordo com dados do IBGE, a produção nacional atingiu nos últimos dez anos 235.314.948 cabeças de gado (SIDRA, 2020). Em relação a Amazônia Legal, a atividade foi introduzida no bioma por volta de 1644, com animais provenientes das ilhas de Cabo Verde e a criação ocorria nos quintais das casas. Anos após, a criação de bovinos foi transferida para a Ilha do Marajó, por volta de 1680. A intensificação da pecuária, a partir da década de 60, ocorreu em decorrência da política de ocupar, desenvolver e integrar a Amazônia (LOURENÇO JÚNIOR; GARCIA, 2006).

De acordo com Santos et al. (2019), a Amazônia contribuiu efetivamente para o crescimento da pecuária brasileira, sendo que boa parte dessa expansão ocorreu principalmente nos estados do Mato Grosso, Pará, Rondônia e Tocantins. Um dos fatores que contribuiu foi a implementação de políticas e programas de saúde animal, que tornou favorável investimentos na produção. Esses investimentos abordam a inclusão de tecnologias, tanto de forma mais básica quanto as mais complexas.

Com o advento da tecnologia, a produção bovina cresceu em muitas regiões brasileiras, em virtude da adoção de sistemas intensivos de produção. Situação semelhante ocorreu na Amazônia. Contudo, os impactos negativos da pecuária devido ao aumento das áreas de pastagem e, conseqüentemente o desmatamento de grandes áreas, gerou grandes impactos ambientais (FREITAS JUNIOR; BARROS, 2020a). Como uma das alternativas para minimizar os impactos gerados pela agropecuária, principalmente a bovina, tecnologias são adotadas com o objetivo de aumentar a eficiência na produção, mas em faixas reduzidas de área.

O melhoramento genético animal é uma das técnicas utilizadas e contribui com a melhoria genética dos rebanhos, através da seleção de animais com potencial genético superior. No entanto, determinar quais animais são geneticamente superiores é uma tarefa árdua (PEREIRA, 2008). A avaliação genética é o meio de se conhecer o valor genético do animal. Para isso, é necessário estimar os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos da população avaliada.

Diversos trabalhos são realizados para saber o potencial genético de diversas raças no país (FERREIRA et al., 2015; PAIVA et al., 2019; SENA et al., 2013). Não tem sido diferente na região amazônica (EVANGELISTA et al., 2019a), em que a bovinocultura de corte tem avançado substancialmente em virtude do melhoramento genético animal também. A raça Tabapuã se encontra nesse conjunto de pesquisa (CAMPOS et al., 2016), contudo, ainda há

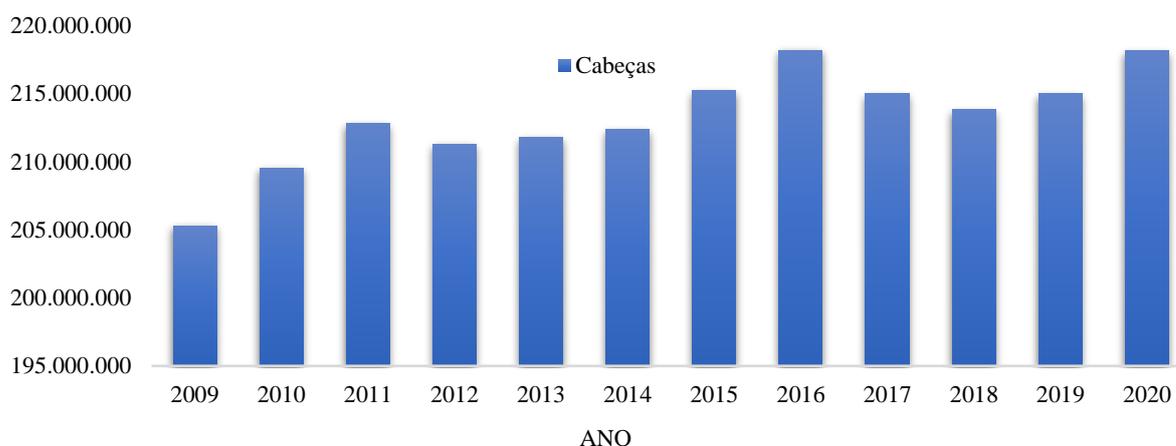
necessidade de mais pesquisas, afim de determinar como a população desta raça está alinhada, (BARRETO, 2021)e além disso corroborar com outros trabalhos realizados.

Pesquisas para estimar os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para características de crescimento em populações Tabapuã são realizadas em maior grau no Nordeste e Sudeste do país, o que tem contribuído para evolução da raça nessas regiões. Em relação ao bioma amazônico, pouco se sabe sobre a população dessa região, haja vista, como uma raça de grande progresso na produção de carne, percebe-se a importância de conhecer a composição genética e realizar a seleção dos animais nos estados da Amazônia Legal, sendo esta a razão para realizar este trabalho.

2 REVISÃO DE LITERATURA

Com tradição na pecuária de corte, o Brasil segue como um dos líderes em produção e exportação de carne bovina (XIMENES, 2020), com um efetivo bovino brasileiro de 218.150.298 cabeças no ano de 2020, de acordo com o gráfico 1 (IBGE, 2022).

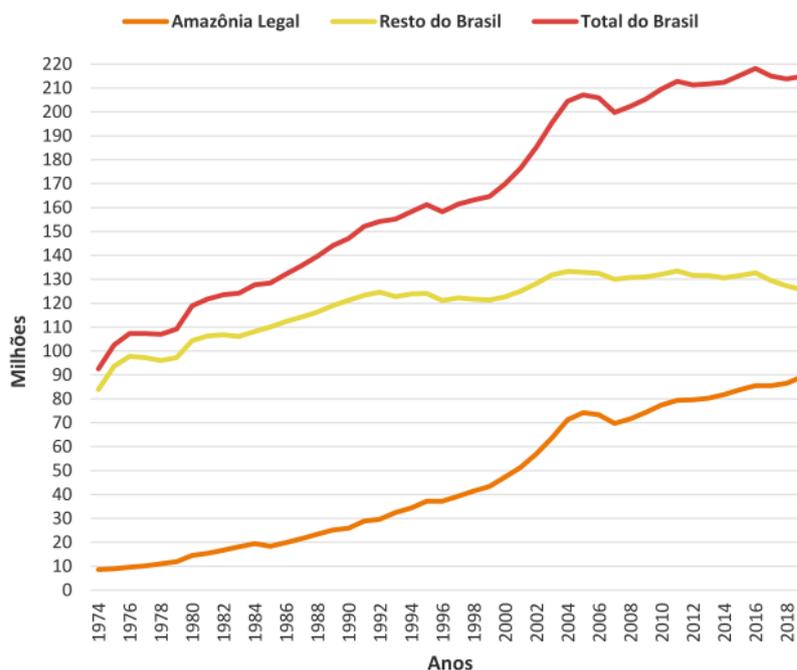
Gráfico 1- Efetivo do rebanho de bovinos no Brasil em função dos anos.



Fonte: Pesquisa Pecuária Municipal (2022).

O crescimento da cadeia bovina vem se destacando ano após ano. Embora algumas regiões do Brasil a produção esteja bem consolidada, outras regiões vem ganhando força no que concerne a produção de carne. É o que tem se observado na Amazônia Legal com uma taxa média anual de 7% (IMAZON, 2015). Entre os anos de 1974 e 2019, o rebanho bovino, cresceu dez vezes mais, atingindo 89 milhões de cabeças, um salto de 9% para 42% do total nacional (BARRETO, 2021).

Figura 1- Rebanho bovino no Brasil, na Amazônia Legal e no resto do Brasil entre 1974 e 2019.



Fonte: IBGE – Pesquisa da Pecuária Municipal adaptado por Barreto, 2021.

Para entender melhor esse crescimento, a Amazônia Legal foi formada com o intuito de delimitar geograficamente a região política de atuação da SUDAM (Superintendência de Desenvolvimento da Amazônia), delimitada em consonância ao Art. 2º da Lei Complementar n.124, de 03.01.2007, com o propósito de promover o desenvolvimento e sustentabilidade da área de atuação e integrar de modo competitivo a base produtiva regional na economia nacional e internacional (IBGE, 2004).

Freitas Junior e Barros (2020a) ao pesquisar sobre o avanço do rebanho bovino relataram que o crescimento ocorreu principalmente na região da Amazônia Legal, a partir da década de 90, em virtude do aumento da área de pastagem, conjuntamente com o controle da febre aftosa, além dos subsídios públicos. Portanto, fica claro que áreas para se produzir na bovinocultura de corte na região da Amazônia Legal não era um obstáculo na produção do setor de carne. Contudo, o crescimento advindo do aumento de pastagens, gerou efeitos negativos, devido ao desmatamento para abertura de novas áreas de produção, isso vem provocando a discussão de novas maneiras de produzir eficientemente, mas sem agredir o meio ambiente.

Para compreender melhor a extensão da Amazônia Legal, a área abrange nove estados: Amapá (AP), Rondônia (RO), Acre (AC), Amazonas (AM), Roraima (RR), Pará (PA), Tocantins (TO), Mato Grosso (MT) e parte do estado do Maranhão (MA). A superfície aproximada é de 5.015.067,75 km² o que corresponde cerca de 58,9% do território brasileiro,

distribuída por 775 municípios (IBGE, 2004). Abrange o bioma Amazônia e parte do Cerrado (AMARAL et al., 2010).

2.1 Pecuária na Amazônia

A pecuária na Amazônia Legal ganhou destaque em virtude dos altos percentuais da atividade no Norte em relação a participação no rebanho nacional, impulsionou mais quando os estados do bioma amazônico ficaram livres da febre aftosa (AMARAL et al., 2010). Com o crescimento do rebanho, altas taxas foram observadas, o que evidenciou o avanço da produção na Amazônia Legal (FREITAS JUNIOR; BARROS, 2020b). Vários fatores contribuíram para o avanço da pecuária na Amazônia: abertura de estradas, incentivos fiscais, crédito rural, condições climáticas adequadas e períodos de estiagem leve.

De modo geral, na Amazônia, a temperatura média oscila entre 24° C e 28° C, com mínimas entre 16° C e 24° C e máximas entre 29° C e 34° C. O período chuvoso ocorre entre dezembro e maio, o menos chuvoso entre os demais meses. A umidade relativa do ar fica entre 70% a 90 %. Os solos são de baixa fertilidade natural (distróficos) com cerca de 92% e alta fertilidade (eutróficos) com cerca de 8%. As pastagens na região amazônica são encontradas em solos na área de terra firme ou em áreas de várzeas, neste último predominam os solos hidromórficos (LOURENÇO JÚNIOR; GARCIA, 2006).

Na Amazônia Legal, as gramíneas do gênero *Brachiaria*, são predominantes em virtude da fácil adaptabilidade, mesmo em solos pobres em nutrientes e manejo moderado, a produção de forragem é de boa qualidade durante o ano todo. São utilizadas na região: *B.brizantha* (marandú), *B.decumbens*, *B.humidícula* e outras variedades. A capacidade potencial das braquiárias de retirar dióxido de carbono é extraordinária, principalmente *B.humidícula*, sendo assim, consideradas poderosas combatentes do efeito estufa (SENA, 2011).

As condições favoráveis ao longo dos últimos dez anos contribuíram para o crescimento do rebanho efetivo nas unidades federativas na Amazônia Legal. Os estados do Mato Grosso (MT), Pará (PA) e Rondônia (RO) ficaram mais evidentes quanto ao número de cabeças de gado, com 32.338.031, 22.432.348 e 14.804.398, respectivamente (IBGE, 2022; SIDRA, 2020). No entanto, para que essa evolução da cadeia produtiva seja benéfica à região, no meio social, econômico, ambiental e sustentável, uma das alternativas para o aumento e aprimoramento da produção bovina é o uso de tecnologias no sistema de produção (FREITAS JUNIOR; BARROS, 2020a; SANTOS et al., 2017), à exemplo do melhoramento genético do rebanho.

2.2 Raça Tabapuã

A história da raça Tabapuã inicia em 1907 em Goiás, no município de Leopoldo de Bulhões. O fazendeiro José Gomes Louza importou alguns reprodutores zebuínos da Índia, dos quais três desses touros foram adquiridos pelos irmãos Saliviano e Gabriel Guimarães que deram início ao cruzamento com o gado mocho, surgindo os primeiros zebuínos mochos no Brasil. Mais tarde, Lourival Louza, neto de José Gomes, intensificou o cruzamento dos animais com Nelore, dando origem ao gado anelorado ou baio mocho. Em seguida, o cruzamento com Guzerá e Gir fizeram parte da formação do Tabapuã. Na década de 40, no município de Tabapuã (SP), foi que a raça assumiu as características que persistem até hoje. E a partir dessa mesma década, o gado mocho disseminou para outras regiões do Brasil (ABCT, 2018a).

O Ministério da Agricultura, em 1970, recomendou que o Tabapuã fosse inserido entre as raças como “tipo”. O registro genealógico da espécie foi realizado pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), após dez anos, através de análises e provas, as características do Tabapuã deveriam ser diferenciadas de outros zebuínos. Em 1981, enfim, foi reconhecido como raça, sendo o terceiro neozebuíno formado, depois do Brahman e do Indubrasil, considerado a maior conquista da zootecnia brasileira (ABCT, 2018a).

Figura 2-Touro Tabapuã.



Fonte: ABC Pecplan¹.

¹Disponível em: <<http://touros.abcpecplan.com.br/balaco>> Acesso em: 19 de abr.2022.

Os animais dessa raça são de grande porte, com pelagem de coloração branca ou cinza, variando a tonalidade. Os pelos são curtos, finos e sedosos; a pele é preta, fina, oleosa e flexível. A cabeça é de comprimento e largura médios, mais curtas nos machos e mais comprida nas fêmeas. É uma raça mocha, portanto, sem chifres, as orelhas são de tamanho mediano, largas, voltadas um pouco para a face; o espelho nasal é completamente preto e as narinas dilatadas (MELDAU, 2009).

A raça Tabapuã é considerada uma das mais importantes, em decorrência da sua boa produtividade (EVANGELISTA et al., 2016), alto índice de fertilidade e habilidade materna (garante o bom desenvolvimento dos bezerros). Além disso, a docilidade é um dos pontos mais

almejado pelos criadores, pois facilita o manejo, em virtude de ser uma raça mansa. A rusticidade e resistência o tornam “gado ideal”, pois dá menos trabalho e mais resultado. Outra característica vantajosa para o Tabapuã é o nível de precocidade dos animais, com bons ganhos de peso na fase de abate e abatidos aos 30 meses de idade (ABCT, 2018b).

Ultimamente, tem-se observado a importância da raça Tabapuã na bovinocultura de corte no Brasil (EVANGELISTA et al., 2019a), pelo maior valor de carcaça entre bovinos que são de origem indiana, além de se destacar em provas de desempenho (CHAGAS, 2006), produção de carne de alta qualidade, boa terminação de carcaça com mais acúmulo de gordura em relação a outras raças zebuínas (EDUCAPOINT, 2019).

2.3 Parâmetros Genéticos

O melhoramento genético tem como objetivo alterar geneticamente uma população de animais. Para aperfeiçoar a produção, produtividade, assim como a qualidade do produto (carne, leite, ovo, lã e outros) em consonância com o sistema de produção e as exigências de mercado (PEREIRA, 2008, p. 205; ROSA et al., 2013, p. 11).

Referente as características de crescimento, os pesos e os ganhos de peso podem ser avaliados em diferentes idades, podendo ser identificados por peso ou ganho de peso por dia de idade. A ideia é medir o quanto dessa variação nos pesos é de caráter genético, ou seja, herdável (herdabilidade – h^2) ou se é afetado pelos mesmos genes, quer dizer, se a expressão de um gene afeta positiva ou negativamente outro gene(s), conhecida como correlação genética. Desta forma, conhecer os parâmetros genéticos (herdabilidade e correlação genética) são pontos cruciais na seleção de animais (PEREIRA, 2008).

A estimativa dos parâmetros genéticos tem como finalidade fornecer informações genéticas a cerca de uma dada população, como auxílio para obtenção de uma ferramenta que permita gerar os índices de seleção, avaliação genética e, posteriormente, a seleção dos animais mais precoces, tanto em crescimento, ganho de peso, sexualmente, e tempo de abate (EVANGELISTA et al., 2019a; SENA, 2011).

No melhoramento genético, o seu sucesso está atribuído com a escolha do critério de seleção e com o objetivo que pretende alcançar em um programa de melhoramento. Por ser de fácil mensuração e análise, os pesos padronizados são adotados numa avaliação genética. Considerada uma característica quantitativa e de grande variabilidade genética, é possível obter ganhos genéticos por seleção, visto que os valores de herdabilidade são de moderados a altos, além de apresentarem correlação com outras características (EUCLIDES FILHO, 1999;

PASSAFARO et al., 2016; ROSA et al., 2013), o que permitirá uma melhoria indireta para outras características economicamente relevantes.

2.3.1 Herdabilidade e Correlação

Dentro do melhoramento genético, a herdabilidade, heritabilidade ou hereditabilidade de uma característica é considerada uma de suas propriedades mais importantes (PEREIRA, 2008). Sua representação é pelo (h^2) e expressa em proporção a variância total dos efeitos médios dos genes, a variância genética aditiva. Desta forma, inserido aos parâmetros genéticos, a herdabilidade é um parâmetro frequentemente utilizado no melhoramento genético, que mede o grau de correspondência entre fenótipo e valor genético, ou seja, o quanto espera-se que a característica seja repassada para a próxima geração (EUCLIDES FILHO, 1999).

A herdabilidade pode variar de 0,0 a 1,0 ou de 0 a 100%. Quando o valor for de 0,0 a 0,20, é considerada baixa; de 0,20 a 0,40, média ou moderada; e acima de 0,40, alta (LOPES, 2005). Os valores baixos significam que grande parte da variação da característica é em função às diferenças ambientais entre os indivíduos, e valores altos denotam que a variação é atribuída às diferenças genéticas entre indivíduos. Além disso, o alto valor da herdabilidade indica alta correlação entre o valor genético e o valor fenotípico, logo, avaliar o animal pelo valor fenotípico estabelece uma boa indicação do valor genético do indivíduo (LOPES, 2005).

As primeiras estimativas de herdabilidade para características de crescimento foram publicadas em 1936, em que envolvia ajustes de peso (MATEESCU, 2020). Essa característica apresenta valores de herdabilidade de média a alta magnitude, comumente empregada para representar o crescimento do gado e o desenvolvimento da carne, além de ser economicamente importante no sistema produtivo, justificando a essencialidade de ser melhorada geneticamente (KAMPASERT; DUIJVESTIJN; VAN DER WERF, 2019).

Várias pesquisas foram desenvolvidas que estimaram valores de herdabilidade sobre o desenvolvimento ponderal de bovinos para corte em diferentes populações de animais (EVANGELISTA et al., 2019b; KAMPASERT; DUIJVESTIJN; VAN DER WERF, 2019; PASSAFARO et al., 2016; SAKAGUTI et al., 2002; SENA et al., 2013). Para a raça Tabapuã, os achados ainda são poucos (CAIRES et al., 2012; CAMPOS et al., 2016; DIAS et al., 2005; MENEZES et al., 2013; OLIVEIRA et al., 2015) (Tabela 1). No entanto, para a Amazônia Legal ainda não foram observados resultados como estes na literatura para esta raça.

Tabela 1-Estimativas de herdabilidade (h^2) para pesos padronizados aos 205 (P205), 240 (P240), 365 (P365), 450 (P450), 480 (P480) e 550 (P550) dias de idade de bovinos da raça Tabapuã.

| Autores | P205 | P240 | P365 | P480 | P550 | Região |
|----------------------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------------------|
| Caires et al. (2012) | 0,21 | - | 0,26 | - | 0,36 | Nordeste |
| Campos et al. (2016) | 0,33 | - | 0,36 | - | 0,32 | Nordeste (BA) |
| Ferraz Filho et al. (2002) | 0,23 | - | 0,21 | - | 0,15 | Diversas regiões |
| Guimarães et al. (2003) | 0,14 | - | 0,12 | - | 0,20 | Sudeste e Sul |
| Menezes et al. (2013) | - | 0,18 | - | 0,18 | - | Sudeste (SP) |
| Oliveira et al. (2015) | 0,20 | - | 0,27 | - | 0,21 | Nordeste |
| Ribeiro et al. (2009) | 0,20 | - | 0,20 | - | 0,17 | Sudeste (SP) |

O valor econômico dos animais resulta do número de características desejáveis que podem influenciar no seu desempenho (PEREIRA, 2008). Considerado como parâmetro genético também, a correlação tem grande relevância no melhoramento genético animal. Este parâmetro pode ser mensurado a partir de dois caracteres em um determinado número de indivíduos numa população, sendo utilizada na seleção de animais em programas de melhoramento (EVANGELISTA et al., 2019a).

Sabendo que o valor econômico de um animal pode ser influenciado por várias características, dentro de um programa de seleção, deve ser considerado além das mudanças das características pela seleção, as mudanças correlacionadas que podem ocorrer em outras características (LOPES, 2005). Deste modo, selecionar animais em uma determinada característica é importante, não só pelo reflexo na expressão, mas, também, em outras que são dependentes em maior ou menor grau (PEREIRA, 2008).

O tamanho e a direção das respostas correlacionadas dependem da correlação genética entre as características envolvidas, a qual é definida como a extensão que existe entre os efeitos genéticos aditivos dos genes que afetam a expressão de ambas as características (ARTMANN et al., 2014). A pleiotropia é a causa da correlação genética, em que um mesmo gene influi em duas ou mais características (MALHADO et al., 2002). Caso existam genes agindo favoravelmente e outros antagonicamente sobre duas características, logo, não haverá correlação genética, embora a pleiotropia esteja atuando (LOPES, 2005). Outra forma de ocorrer correlação genética, é através da ligação de genes (“linkage”) que influenciam duas características. Do ponto de vista do melhoramento genético, quando a correlação genética é

altamente positiva em duas características economicamente importante, apenas uma deve ser selecionada (PEREIRA, 2008). Agora se duas características não apresentam nenhuma correlação, então, a seleção de uma não afetará a outra (LOPES, 2005; PEREIRA, 2008).

A correlação fenotípica pode ser observada e possui dois componentes, genético e ambiental. Enquanto a correlação ambiental entre duas características, esta resulta do compartilhamento de ambiente comum (LOPES, 2005).

2.4 Modelos Mistos

Os valores genéticos dos animais são estimados através de várias informações, que são combinadas de diversas formas. Quanto maior o número e diversificada for as informações, maior será a confiabilidade da estimativa dos valores genéticos (CAMPOS et al., 2016). Contudo, a combinação de todas as informações com o intuito de obter o valor genético aditivo dos animais de forma confiável é algo bem complexo (EVANGELISTA et al., 2019b). Essa avaliação só é possível por meio de recursos na área da bioinformática, através de metodologias (Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana) que possibilitam utilizar equações complexas, como o caso da equação de modelos mistos (EVANGELISTA et al., 2019b).

A limitação de identificar o mérito genético dos animais desejáveis para reprodução está representado pelo conjunto de genes que não é visível e mensurável diretamente, logo, deve ser predito. O cálculo da Diferença Esperada na Progenie (DEP), possibilita a acurada avaliação do valor genético aditivo dos animais para várias características de importância econômica (PEREIRA, 2008). A DEP é representada pela metade do valor genético de animais obtidos durante a avaliação genética e usada para comparar os méritos genéticos de indivíduos para cada característica, para enfim, prever a habilidade de transmissão genética (PEREIRA, 2008; SENA, 2011).

A equação de modelos mistos possibilita a obtenção do *BLUP* (*Best Linear Unbiased Prediction* ou Melhor Preditor Linear não Viesado) das Diferenças Esperadas na Progenie (DEPs). Os resultados das avaliações nos programas de seleção favorece e acelera os objetivos pré-determinados em programas de melhoramento (SENA, 2011).

A equação de modelos mistos permite modelar, concomitantemente, os efeitos sistemáticos (sexo e fazenda) e efeitos aleatórios (genético dos animais) (PEREIRA, 2008; REIS, 2012). Através da aplicação do modelo é possível obter soluções para os efeitos sistemáticos e, o mais importante, previsões para os efeitos aleatórios, o BLUP. Uma das características do BLUP é utilizar as informações do parentesco genético entre todos os pares de animais, em que esse parentesco é informado ao sistema por meio da matriz de parentesco

A e, de sua inversa, A^{-1} (REIS, 2012). Os modelos mais comuns são o modelo touro, modelo animal e modelo animal reduzido. Definir qual modelo utilizar, dependerá do objetivo do pesquisador (PEREIRA, 2008).

No modelo animal todos os animais são representados na equação abaixo:

$$y = X\beta + Za + e$$

Onde:

Y é o vetor de observações de características medidas nos indivíduos;

X é a matriz de incidência de efeitos sistemáticos;

Z é a matriz de incidência de valores genéticos;

β é o vetor dos valores sistemáticos;

a é o vetor de valores genéticos, considerados aleatórios; e

e é o vetor de erros aleatórios.

Cada modelo apresenta diferenças na composição da equação, conforme os tipos e quantidades de efeitos presentes de acordo com a característica avaliada.

1.1.1. Característica de crescimento

Uma das premissas do melhoramento genético animal é a seleção das características para o seu aprimoramento, visando o repasse do potencial genético para progênie. Os animais podem ser selecionados por meio de características qualitativas e quantitativas, dependendo do interesse do produtor (ROSA et al., 2021). Como a maioria das características de interesse econômico são quantitativas, a avaliação genética é mais aprofundada nessas características, tendo em vista o grande número de pares de genes envolvidos que sofre efeito do ambiente ao expressar o fenótipo (ROSA et al., 2013).

Na visão zootécnica, a avaliação do crescimento animal pode ser realizada por meio do peso em várias idades, também denominado desenvolvimento ponderal. Portanto, a partir de informações dos genótipos da característica de peso é possível identificar animais de genética superior e, assim disseminar os genes para outras populações bovinas que implicarão na maior probabilidade de alterar a produção e produtividade do rebanho (PEREIRA, 2008).

Na bovinocultura de corte, os pesos padronizados são considerados como critério de seleção, em que podem ser ajustados, por exemplo, aos 120, 205, 365 e 550 dias de idade (EVANGELISTA et al., 2019a, 2020). A variação dos pesos em dias são definidos de acordo com o objetivo do pesquisador na avaliação genética e são analisados por meio de equações estatísticas (PASSAFARO et al., 2016).

O peso a desmama ocorre em torno dos 205 dias de idade em raças zebuínas, sendo uma característica que demonstra o crescimento do bezerro e a habilidade materna da vaca

(EVANGELISTA et al., 2020). Adotada como critério de seleção em programas de melhoramento, permite elevada eficiência produtiva dos animais, por ser uma fase de ganhos de peso mais econômico (EVANGELISTA et al., 2019b). Notadamente, este peso é reflexo da capacidade materna de produção de leite, que está relacionada com a disponibilidade de forragem (PEREIRA, 2008). Conseqüentemente, o crescimento a desmama e a habilidade materna tem alta correlação genética (BALDUINO; FERREIRA; CAMARGO, 2018). Tendo em vista que essa característica é influenciada pelo efeito materno e de ambiente permanente materno, os efeitos genéticos aditivos maternos, segundo Guimarães et al. (2003), devem ser considerados na avaliação genética.

Desta forma, os cuidados com a vaca são fundamentais. Garantir alimentos de qualidade, instalações adequadas e bom manejo sanitário, são um dos quesitos para que a fêmea possa prover leite e cuidados ao bezerro (SILVA NETTO; BRITO; FIGUEIRÓ, 2006). Além disso, outras questões podem influenciar no peso a desmama. Bocchi et al. (2004) verificaram que o peso ao desmame sofre variações, e isso ocorre sob influência da interação do mês de nascimento do bezerro e da idade da vaca ao parto, juntamente com a região que os animais estão inseridos. Portanto, avaliar o peso ao desmame requer atenção, com vistas a minimizar os efeitos desfavoráveis do ambiente, pois esses efeitos podem imprimir interações indesejadas na matriz e, conseqüentemente, na progênie.

O peso ao ano, em torno dos 365 dias, expressa a habilidade do animal em ganhar peso após a desmama e está relacionado com o peso ao abate. O efeito materno já não tem tanta influência sobre o desenvolvimento animal (BALDUINO; FERREIRA; CAMARGO, 2018; MERCADANTE; LÔBO, 1997).

A intensificação do processo de seleção com intuito de obter animais mais pesados precocemente é o objetivo dos criadores. A assertividade de escolher animais com crescimento rápido e em menos tempo para o abate e/ou reprodução é adequada na idade adulta. O peso ao ano, desta forma, é o mais indicado para a seleção eficiente de animais melhores e precoces dentro da população (RODRIGUES, 2020). Desta modo, o peso aos 365 dias, conferem satisfatório ganho genético ao longo das gerações e possui grande relevância dentro do processo de seleção, tendo em vista que nessa fase é mais fácil identificar animais com maior potencial genético (EVANGELISTA et al., 2019a).

O peso ao sobreano, quando a idade do animal é padronizada aos 450 e 550 dias, assim como o peso ao ano, também expressa a capacidade do animal em ganhar peso após o desmame, além de ter alta correlação com o peso de abate (LÔBO et al., 2009; OLIVEIRA et al., 2020). Por caracterizar idades mais próximas da fase reprodutiva e/ou abate, o peso aos 550 dias de

idade padronizado é largamente empregado como critério de seleção nas avaliações genéticas pelos pesquisadores, com o intuito de obter estimativas de parâmetros genéticos nesta fase (ROSA et al., 2013, p. 115). Pereira (2008), sugere que a seleção nessa fase pode ser realizada, pois os valores de herdabilidade são de alta magnitude. Logo, é vantajoso selecionar animais nessa idade, pois os indivíduos já conseguem expor seus potenciais genéticos de crescimento e estão livres dos efeitos maternos.

2.5 Inferência Bayesiana

Os métodos bayesianos foram introduzidos na criação animal por Gionola e Foulley em 1982, e logo depois outros autores exploraram as técnicas bayesianas, em que os cálculos produziam resultados semelhantes às abordagens de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) (BLASCO, 2001). Na bovinocultura de corte, as características de importância econômica, em sua maioria, são consideradas quantitativas e contínuas, por exemplo, o desenvolvimento ponderal (EVANGELISTA et al., 2019b). Dentro de programas de melhoramento genético, a avaliação genética pode ser realizada através de metodologias que estimam os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos (LACERDA, 2013). Contudo, estimar os componentes de variância para obter os valores genéticos deve ser realizado de forma acurada (EVANGELISTA et al., 2019c), uma vez que almejamos que as diferenças entre o valor predito e o valor verdadeiro serão mínimos.

Nesse contexto, uma dessas metodologias que está sendo bem difundida e aplicada é o uso da Inferência Bayesiana. Pode ser usada tanto com pequenos ou grandes conjuntos de dados e em modelos complexos (CAMPOS et al., 2016). Considerada um método alternativo à inferência clássica, a inferência bayesiana considera os parâmetros dos modelos como aleatórios em que são assumidas distribuições de probabilidade *a priori* e *a posteriori*. Essas análises estatísticas ocorrem com a incorporação de informações não associadas aos dados (*a priori*) com as obtidas nos experimentos ou nas bases de dados via teorema de Bayes, no qual ocorrerão as inferências das distribuições *a posteriori* (MANCUSO, 2010).

Na inferência bayesiana é imprescindível especificar uma distribuição *a priori* para os parâmetros desconhecidos no modelo utilizado (FARIA et al., 2020; OLIVEIRA et al., 2015). É considerada uma informação subjetiva em que duas análises com diferentes *prioris* podem ter conclusões diferentes sobre um mesmo parâmetro desconhecido. A determinação se utiliza do conhecimento disponível sobre o parâmetro, por meio da opinião de um ou mais especialistas ou advindo de estudos anteriores (COLONIA, 2020; MANCUSO, 2010). Enquanto isso, a distribuição *a posteriori*, é a descrição da incerteza sobre um parâmetro depois que a amostra

foi observada, e a partir dela são realizadas as inferências sobre os parâmetros e as devidas interpretações (MANCUSO, 2010).

A distribuição *a posteriori* é a combinação entre *a priori* e a verossimilhança, obtida pelo Teorema de Bayes:

$$p(\theta|y) = \frac{p(y|\theta)p(\theta)}{p(y)}$$

Onde:

y é o vetor de dados observados;

$p(y|\theta)$ é a distribuição de densidade conjunta;

$p(\theta)$ e $p(y)$ são as densidades de probabilidade marginais de θ e y , respectivamente.

O método utilizado para executar a inferência bayesiana é a aplicação das Cadeias de Markov via Simulação de Monte Carlo (Markov Chain Monte Carlo - MCMC) com destaque para a Amostragem de Gibbs (Gibbs Samples - GS). Conjuntamente, esses dois métodos viabilizaram e facilitaram o uso da inferência bayesiana (FARIA et al., 2008; MARTINS, 2018). Na ocasião em que o MCMC foi aplicado para estimar distribuições marginais posteriores, os problemas relacionados a computação foram resolvidos e o interesse pelo método bayesiano foi restaurado (BLASCO, 2001).

O “amostrador de Gibbs” é um nome genérico para uma família de algoritmos adaptáveis e sua implementação pode ser feita através de softwares (COLONIA, 2020). Assim sendo, a amostragem de Gibbs consiste em construir uma cadeia de Markov e tem como distribuição limite a distribuição conjunta a que se pretende simular (SILVEIRA, 2012). Então, a simulação da cadeia por um longo período de tempo com o intuito de garantir que o equilíbrio seja atingido, pode construir uma amostra da distribuição multivariada às custas dos estados da cadeia gerada (TURKMAN, 1990).

Conforme Blasco (2001), não há repetições infinitas do experimento, logo, não há nada que possa ser considerado como viés. Também não há “efeitos fixos”, visto que todos os parâmetros são considerados variáveis aleatórias sob contexto bayesiano. Resumidamente, Mancuso (2010), descreve a estatística bayesiana como um processo que diminui a incerteza em relação ao desconhecido, baseando-se em dados estatísticos e em evidências prévias.

Diante das observações expostas, o melhoramento genético e suas diferentes ferramentas, vem trazendo para bovinocultura muitas melhorias ao longo dos anos. No que se refere a raça Tabapuã, a mesma ainda necessita de mais pesquisas sobre seu potencial genético nas regiões do Brasil, haja vista que as regiões brasileiras apresentam diferenças

edafoclimáticas bem marcantes, e em específico, a Amazônia Legal, ocasionando respostas diferentes sobre a genética do animal em comparação a pesquisas já realizadas com essa raça. Desta forma, o uso de métodos estatísticos adequados para estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, é imprescindível na avaliação genética na obtenção estimativas mais acuradas em uma determinada população.

3 REFERÊNCIAS

- ABCT. **História da raça**. Disponível em: <<https://tabapua.org.br/raca-tabapua/historia-da-raca/>>. Acesso em: 17 mar. 2022a.
- ABCT. **Características Tabapuã**. Disponível em: <<https://tabapua.org.br/raca-tabapua/caracteristicas/>>. Acesso em: 17 mar. 2022b.
- AMARAL, G. et al. **Panorama da pecuária sustentável** BNDES, 2010. Disponível em: <[https://web.bndes.gov.br/bib/jspui/bitstream/1408/1491/3/A_set.36_Panorama da pecuária sustentável_P.pdf](https://web.bndes.gov.br/bib/jspui/bitstream/1408/1491/3/A_set.36_Panorama_da_pecuaria_sustentavel_P.pdf)>
- ARTMANN, T. A. et al. Melhoramento genético de bovinos 1/2 sangue taurino x 1/2 sangue zebuíno no Brasil. **Revista Científica de Medicina Veterinária**, v. 22, p. 1–20, 2014.
- BALDUINO, V.; FERREIRA, A.; CAMARGO, A. **Efeito da categoria da mãe ao parto e mês de nascimento sobre o desempenho pré desmame de bezerros da raça Nelore mocha**. 55^a SBZ 28^o ZOOTEC. **Anais...**Goiânia: 2018.
- BARRETO, P. **Políticas para desenvolver a pecuária na Amazônia sem desmatamento** IMAZON, , 2021. Disponível em: <https://amazonia2030.org.br/wp-content/uploads/2021/09/pecuaria-extrativa_final_Paulo-Barreto-1.pdf>
- BARROS, I. et al. Avaliação genética do crescimento de bovinos Nelore Mocho, por meio de modelos de multicausalidade. **Revista Ceres**, v. 65, n. 5, p. 402–406, 1 set. 2018.
- BERNARDES, P. et al. Estimates of genetic parameters and genetic trends for reproductive traits and weaning weight in Tabapuã cattle. **Journal of Animal Science**, v. 93, n. 11, p. 5175–5185, 2015.
- BIF. **Guidelines for Uniform beef improvement** (W. Hohenboken, V. Tech, Eds.) **Beef Improvement Federation** Athens, 2002.
- BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v. 79, n. 8, p. 2023–2046, 2001.
- BOCCHI, A.; TEIXEIRA, R.; ALBUQUERQUE, L. Idade da vaca e mês de nascimento sobre o peso ao desmame de bezerros Nelore nas diferentes regiões brasileiras. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 26, n. 4, p. 475–482, 2004.
- CAIRES, D. et al. Tabapuã breed in Northeastern Brazil: Genetic progress and population structure. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 8, p. 1858–1865, 2012.
- CAMPÊLO, J. E. et al. Maternal effects on the genetic evaluation of Tabapuã beef cattle. **Genetics and Molecular Biology**, v. 27, n. 4, p. 517–521, 2004.
- CAMPOS, B. et al. Parâmetros e ganhos genéticos em características de crescimento de bovinos Tabapuã da Bahia. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 68, n. 4, p. 1043–1052, 2016.
- CHAGAS, B. B. **Prova de ganho em peso com destaque para raça Tabapuã- Confinamento oficializada pela ABCZ**. [s.l.] Faculdades Associadas de Uberaba, 2006.
- COLONIA, S. **EXPLORANDO A VARIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS CONTÍNUAS E BINÁRIAS DE BOVINOS LEITEIROS SOB ABORDAGEM BAYESIANA**. [s.l.] Universidade Federal de Alfenas, 2020.
- DIAS, L. et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais

- da raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 1914–1919, 2005.
- EDUCAPOINT. **Tabapuã: conheça as principais qualidades do “zebu brasileiro”**.
- EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento Genético Animal No Brasil: Fundamentos, História E Importância**. Campo Grande: [s.n.].
- EVANGELISTA, A. et al. Estimativas dos componentes de (co)variância de características de crescimento em bovinos da raça Tabapuã-revisão de literatura. **Nutritime**, p. 4787–4793, jul. 2016.
- EVANGELISTA, A. et al. Parâmetros genéticos de características de crescimento em bovinos da raça Tabapuã. **Medicina Veterinária (Brazil)**, v. 13, n. 3, p. 454–463, 2019a.
- EVANGELISTA, A. et al. Herdabilidade de características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando métodos da Máxima Verossimilhança Restrita e Inferência Bayesiana. **Archivos de Zootecnia**, v. 68, n. 263, p. 440–445, 2019b.
- EVANGELISTA, A. et al. Herdabilidade de características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e Inferência Bayesiana. **Archivos de Zootecnia**, v. 68, n. 262, p. 440–445, 2019c.
- EVANGELISTA, A. et al. Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos Nelore Mocho da região Norte do Brasil. **Livestock Research for Rural Development**, v. 32, n. 10, p. 1–10, 2020.
- FARIA, C. et al. Bayesian inference on field data for genetic parameters for some reproductive and related traits of Nelore cattle (*Bos indicus*). **Genetics and Molecular Biology**, v. 30, n. 2, p. 343–348, 2007.
- FARIA, C. et al. Abordagem Bayesiana e freqüentista em análise genética tricaráter para crescimento e reprodução de bovinos Nelore. **Ciência Animal Brasileira**, v. 9, n. 3, p. 598–607, 2008.
- FARIA, C. U. et al. Bayesian Analysis on the Growth Traits in Nelore Mocho Cattle Raised in Cerrado Biome. **Veterinária Notícias**, v. 25, n. 2, p. 95–111, 2020.
- FELIPE, E.; SILVA, N.; MORAES, G. Meta-análise para estimativas de herdabilidade de características ponderais em bovinos da raça Nelore. **Brazilian Journal of Development**, v. 7, n. 6, p. 59365–59379, 17 jun. 2021.
- FERRARI, R. **Estimação de parâmetros genéticos de características de crescimento pré e pós-demame em bovinos Tabapuã**. [s.l.] Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP, 2018.
- FERRAZ FILHO, P. et al. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**, v. 7, n. 1, p. 65–69, 2002.
- FERRAZ FILHO, P. et al. Alternative animal models to estimate heritabilities and genetic correlations between direct and maternal effects of Pre and Post-Weaning weights of Tabapuã cattle. **Arch. Latinoam. Prod. Animal**, v. 12, n. 3, 2003.
- FERREIRA, J. et al. Estimação de componentes de (co)variâncias para características de crescimento em bovinos Nelore criados no Trópico Úmido do Brasil por meio de regressão aleatória. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 3, p. 1713–1723, maio 2015.
- FREITAS JUNIOR, A.; BARROS, P. H. O Avanço da Pecuária Bovina na Amazônia Legal: Uma Análise Espacial com Dados em Painel. **Nova economia**, n. March, p. 1–24, 2020a.
- FREITAS JUNIOR, A.; BARROS, P. H. O Avanço da Pecuária Bovina na Amazônia Legal: Uma Análise Espacial com Dados em Painel. **Nova Economia**, p. 1–24, mar. 2020b.
- GUIMARÃES, L. et al. Aspectos genéticos e de ambiente sobre pesos pré e pós desmama em bovinos da raça Tabapuã na região pecuária Oeste São Paulo – Parana. **Archives of Veterinary Science**, v. 8, n. 1, p. 109–119, 2003.
- IBGE. **Amazônia Legal**. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/geociencias/cartas-e-mapas/mapas-regionais/15819-amazonia-legal.html?=&t=o-que-e>>. Acesso em: 15 mar. 2021.

- IBGE. **Indicadores econômicos**. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/indicadores>>. Acesso em: 25 mar. 2022.
- IMAZON. **Pecuária na Amazônia: Tendências e Implicações para a Conservação Ambiental**. Disponível em: <[https://imazon.org.br/pecuaria-na-amazonia-tendencias-e-implicacoes-para-a-conservacao-ambiental/#:~:text=Segundo dados do IBGE \(2005,de crescimento anual de 7%25.>](https://imazon.org.br/pecuaria-na-amazonia-tendencias-e-implicacoes-para-a-conservacao-ambiental/#:~:text=Segundo dados do IBGE (2005,de crescimento anual de 7%25.>)>. Acesso em: 25 mar. 2022.
- KAMPRASERT, N.; DUIJVESTIJN, N.; VAN DER WERF, J. Estimation of genetic parameters for BW and body measurements in Brahman cattle. **Animal**, v. 13, n. 8, p. 1576–1582, 2019.
- LACERDA, J. **Parâmetros e tendências genéticas para características de crescimento em bovinos da raça Nelore no estado da Bahia utilizando Inferência Bayesiana**. [s.l.] Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2013.
- LIRA, T. et al. Tendências genéticas para características de crescimento em rebanhos Nelore criados na região do trópico úmido do Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v. 14, n. 1, p. 23–31, 2013.
- LÔBO, R. et al. **Avaliação genética de touros e matrizes da raça Nelore**. 15. ed. Ribeirão Preto: [s.n.].
- LOPES, F. et al. Genetic Analysis of Growth Traits in Polled Nellore Cattle Raised on Pasture in Tropical Region Using Bayesian Approaches. **PLoS ONE**, v. 8, n. 9, p. 1–6, 2013.
- LOPES, S. **Teoria do Melhoramento Animal**. Belo Horizonte: [s.n.].
- LOURENÇO JÚNIOR, J.; GARCIA, A. **Produção Animal No Bioma Amazônico: Atualidades E Perspectivas**. Anais de Simpósios da 43ª Reunião Anual da SBZ – João Pessoa – PB. **Anais...**João Pessoa: 2006.
- MALHADO, C. H. M. et al. Correlações Genéticas, Fenotípicas E De Ambiente Entre Os Pesos De Várias Idades Em Bovinos Da Raça Guzerá No Estado De São Paulo. **Archives of Veterinary Science**, v. 7, n. 1, p. 71–75, 2002.
- MANCUSO, A. **Métodos Bayesianos em Metanálise**. [s.l.] Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2010.
- MARCONDES, C. et al. Tamanho da cadeia de Gibbs em análises da característica probabilidade de permanência no rebanho para a raça Nelore. **Livestock Research for Rural Development**, v. 21, n. 8, p. 0–4, 2009.
- MARTINS, T. **Parâmetros genéticos para características de importância zootécnica em bovinos da raça Senepol**. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 2018.
- MATEESCU, R. Genetics and breeding of beef cattle. **Animal Agriculture: Sustainability, Challenges and Innovations**, p. 21–35, 2020.
- MELDAU, D. **Gado Tabapuã - Raças de bovinos**.
- MENEZES, G. et al. Estimation of genetic parameters for growth traits in Tabapuã cattle using a multi-trait model. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 8, p. 570–574, 2013.
- MERCADANTE, M. E.; LÔBO, R. Estimativas de (Co) variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 26, n. 6, p. 1124–1133, 1997.
- MISZTAL, I. BLUPF90 - A flexible mixed model program in Fortran 90. **Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia, USA**, 2012.
- MISZTAL, I. et al. BLUPF90 family of programs. **University of Georgia, Athens, USA**, p. 1–125, 2015.
- OLIVEIRA, A. 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.
- OLIVEIRA, P. H. et al. Estudo da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética para o peso corporal aos 450 dias de idade em animais da raça Nelore. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 10, p. 79773–79788, 2020.

- PAIVA, J. T. et al. Herdabilidade de características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando métodos da Máxima Verossimilhança Restrita e Inferência Bayesiana. **Archivos de Zootecnia**, v. 68, n. 263, p. 440–446, 15 jul. 2019.
- PASSAFARO, T. et al. Análise genética do peso em um rebanho de bovinos Nelore. **Pesq. agropec. bras**, v. 51, n. 2, p. 149–158, fev. 2016.
- PEREIRA, J. C. **Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal**. 5. ed. Belo Horizonte: [s.n.].
- REIS, Â. P. **Descrição metodológica do uso de marcadores moleculares associado a informações de pedigree na predição do valor genético de animais por simulação utilizando a metodologia BLUP**. [s.l.] UNIPAMPA, 2012.
- RIBEIRO, S. et al. Efeito da covariância genética aditivo-materna sobre estimativas de parâmetros genéticos e em avaliações genéticas de características de crescimento de animais Tabapuã. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec**, v. 61, n. 2, p. 401–406, 2009.
- RODRIGUES, M. **Parâmetros genéticos e fenotípicos de características de crescimento em bovinos da raça Nelore criados no Norte do Brasil**. [s.l.] Universidade Federal do Tocantins, 2020.
- ROSA, A. et al. **Melhoramento Genético Aplicado em Gado de Corte**. 1º ed. Brasília, DF: Embrapa Gado de Corte, 2013. v. 1
- ROSA, A. et al. **Genética aplicada para pequenos e médios produtores de gado de corte**. Campo Grande: [s.n.].
- SAKAGUTI, E. et al. **Growth evaluation of young Tabapuã beef cattle by covariance function analyses**. (E. . Sakaguti et al., Eds.) Growth evaluation of young Tabapuã beef cattle by covariance function analyses. **Anais...Montpellier: 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, 19 ago. 2002.
- SAKAGUTI, E. 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.
- SANTOS, M. et al. Production behavior and prices of beef cattle in the Brazilian Amazon. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 40, n. 4, p. 1639–1651, jul. 2019.
- SANTOS, M. A. et al. Caracterização do nível tecnológico da pecuária bovina na Amazônia Brasileira. **Revista de Ciências Agrárias - Amazon Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 60, n. 1, p. 103–111, 2017.
- SENA, S. **Parâmetros genéticos, tendências e resposta à seleção de características produtivas da raça Nelore na Amazônia Legal**. [s.l.] Universidade Federal do Pará, 2011.
- SENA, S. et al. Parâmetros genéticos, tendências e resposta à seleção de características produtivas da raça Nelore na Amazônia Legal. **Atas de Saúde Ambiental - ASA**, v. 1, n. 1, p. 2–12, set. 2013.
- SIDRA. **Pesquisa Pecuária Municipal (PPM) 2018 - 2020**. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/ppm/tabelas>>. Acesso em: 9 abr. 2022.
- SILVA, D. et al. Contemporary groups in the genetic evaluation of Nelore cattle using Bayesian inference. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 8, p. 643–651, 2017.
- SILVA NETTO, F. G.; BRITO, L. G.; FIGUEIRÓ, M. R. **Manejo da vaca leiteira** Embrapa Porto Velho, 2006. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/24717/1/cot318-manejodavacaleiteira.pdf>>
- SILVA, T. et al. Parâmetros e tendências genéticas da idade ao primeiro parto em raças zebuínas criadas no Norte e Nordeste do Brasil. **Livestock Research for Rural Development**, v. 30, n. 8, 2018.
- SILVEIRA, É. **Parâmetros genéticos para características de crescimento em bubalinos da raça mediterrânea estimados por inferência bayesiana**. [s.l.] Universidade Estadual do

Sudoeste da Bahia, 2012.

SOLLERO, B. et al. **Aplicação de Métodos Bayesianos em Estudos de Associação Genômica-Ampla para Características Complexas em Animais de Produção**. Bagé: , 2016. (Nota técnica).

SOUSA JÚNIOR, S. et al. Utilização de modelos de regressão aleatória para obtenção de parâmetros genéticos de bovinos da raça Tabapuã. **Ciencia Animal Brasileira**, v. 20, p. 1–14, 2019.

TIMPANI, V.; NASCIMENTO, T. **Uma breve introdução à estatística Bayesiana aplicada ao melhoramento genético animal**. Belém: , 2015. (Nota técnica).

TURKMAN, M. A. **Como e quando o método de amostragem Gibbs funciona** Como e quando o método de amostragem GIBBS funciona, 1990.

VAN TASSELL, C.; VAN VLECK, L. Multiple-trait Gibbs Sampler for animal models: Flexible programs for Bayesian and Likelihood-Based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, v. 74, n. 11, p. 2586–2597, 1996.

XIMENES, L. Segmento de carne bovina. **Caderno Setorial ETENE**, p. 1–12, jun. 2020.

Artigo**PARÂMETRO GENÉTICO DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS EM BOVINOS
DE CORTE DA RAÇA TABAPUÃ CRIADOS NA AMAZÔNIA BRASILEIRA**

RESUMO

A bovinocultura na Amazônia Legal avançou nos últimos anos, ganhando destaque no cenário produtivo nacional da atividade bovina. A raça zebuína, Tabapuã, inserida no contingente produtivo de carne na região, também se destacou, em virtude da sua boa adaptabilidade em regiões tropicais e precocidade produtiva e reprodutiva. Contudo, o conhecimento a respeito da genética desta raça ainda é sutil na Amazônia Legal, necessitando realizar mais trabalhos sobre a raça na região com o intuito de realizar a seleção dos melhores animais num programa de melhoramento genético. Desta forma, o objetivo desse estudo foi estimar os parâmetros genéticos de bovinos da raça Tabapuã com pesos padronizados em peso 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade. Para realizar a avaliação genética dos animais, foram empregados dados de crescimento de bovinos Tabapuã da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), criados em regime de pastagem. Foram utilizadas 91.992 informações de animais Tabapuã pertencentes a Amazônia Legal, referentes aos estados Amazonas, Mato Grosso, Maranhão, Rondônia, Pará e Tocantins. Para os efeitos sistemáticos foram incluídos os grupos de contemporâneo (GC) que continham informações de ano de nascimento, estação de nascimento (divididos em estação chuvosa e menos chuvosa) e fazenda. A idade da vaca ao parto (IVP) foi incluída como efeito linear e quadrático no modelo. Para a estimação dos componentes de variância, foi empregado o método bayesiano, utilizando a cadeia de Markov via Monte Carlo (MCMC) pelo método de Amostragem de Gibbs, executados através do programa da família F90 (BLUPF90). A herdabilidade direta aditiva (h_d^2) para características P205, P365 e P550 dias de idade foram 0,15, 0,32 e 0,47, respectivamente. Para herdabilidade aditiva materna (h_m^2), a característica P205 foi 0,05. As correlações genéticas aditivas foram de moderado a alto entre os pares de pesos, superior a 0,47, indicando alto grau de associação entre as características de P365 e P550. Os valores de h_d^2 estimados foram de baixos a alto para as características avaliadas pelo método bayesiano. Portanto, houve variabilidade genética em animais da raça Tabapuã, o que sugere ganho genético por meio de seleção. Além de resposta correlacionada entre as características.

Palavras-chave: Amostragem de Gibbs; Inferência Bayesiana; Melhoramento genético; Zebuino.

4 INTRODUÇÃO

A avaliação genética de bovinos de corte na Amazônia Legal proporciona a seleção de animais geneticamente superiores. O avanço da fronteira agrícola com a incorporação do bioma amazônico conferiu grande importância no setor agropecuário, principalmente na pecuária bovina, nas últimas quatro décadas. Em especial na Amazônia Legal, verificou-se elevado percentual de 11,11% a 21,47% do rebanho por km², o que indicou a intensificação da produção (FREITAS JUNIOR; BARROS, 2020b).

A inclusão do melhoramento genético animal em rebanhos bovinos é um caminho utilizado para alcançar a eficiência na produção e aumento na lucratividade. Com isso, no processo da avaliação genética, fatores considerados importantes são aplicados para garantir resultados aproximados da realidade biológica do animal (BARROS et al., 2018). São eles: organização dos dados, a metodologia empregada, o modelo estatístico, os parâmetros genéticos e as estimativas de (co)variâncias, em que irão garantir a acurácia dos resultados (EVANGELISTA et al., 2020). Tudo isso implementado no programa de melhoramento genético, conforme a escolha da(s) característica(s) desejada e o seu grau de importância econômica (BARROS et al., 2018; EVANGELISTA et al., 2020; FELIPE; SILVA; MORAES, 2021).

Pesquisas voltadas para avaliação genética em populações de Tabapuã foram desenvolvidas no Brasil, tanto para características produtivas (CAMPOS et al., 2016; DIAS et al., 2005; OLIVEIRA et al., 2015; RIBEIRO et al., 2009; SAKAGUTI et al., 2003) quanto reprodutivas (BERNARDES et al., 2015; SILVA et al., 2018). Para características de crescimento, vários estudos foram realizados nas regiões do nordeste (CAMPOS et al., 2016; OLIVEIRA et al., 2015), centro-oeste (BERNARDES et al., 2015; SAKAGUTI et al., 2003) e sudeste (GUIMARÃES et al., 2003; MENEZES et al., 2013) do país, empregando diferentes metodologias para estimar os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos. No entanto, a percentagem de pesquisas na região da Amazônia Legal para esta raça é ínfima, tendendo a zero. Diferentemente de outras raças como o Nelore, que embora não seja em larga escala as pesquisas voltadas para esta população, mas em comparação a raça Tabapuã, os achados são superiores para esta região em questão.

A seleção de animais num programa de melhoramento genético é o método utilizado para escolher os melhores animais para reprodução, ou seja, para passarem suas características para as próximas gerações. Em relação a característica de desenvolvimento ponderal, são adotados critérios de seleção para que ocorra a seleção (LACERDA, 2013; PASSAFARO et al., 2016). Dentre os critérios para essa característica, os pesos ajustados, como, peso ao

desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PS) são trabalhados, a fim de permitir a escolha de animais com potencial genético desejável num rebanho e por apresentarem herdabilidades de magnitudes moderadas a alta (FERRARI, 2018), além de poder trabalhar a correlação dessas características. E no caso da raça Tabapuã, as informações sobre a componentes de variância ao longo do crescimento do animal são importantes para o melhoramento genético animal (DIAS et al., 2005).

Conforme o número de parâmetros aumenta, o modelo estatístico se torna mais complexo, exigindo um bom aporte computacional, em que anos antes não era possível. A metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), após muitas outras metodologias, foi a mais utilizada para estimar componentes de covariância e parâmetros genéticos (BERNARDES et al., 2015; CAIRES et al., 2012; DIAS et al., 2005). Contudo, métodos bayesianos têm apresentado novas perspectivas na avaliação genética atualmente (OLIVEIRA et al., 2015), em virtude dos graus de incerteza de determinado parâmetro serem inferidos através de um modelo estatístico *a priori*, que considera tanto as observações e os parâmetros, como quantidades aleatórias (SOLLERO et al., 2016).

A abordagem bayesiana, utiliza como ferramenta o método Monte Carlo via Cadeia de Markov (MCMC) e Amostragem de Gibbs (GS), em que pode ser sugerido quando os dados não se encaixam em uma distribuição normal (FARIA et al., 2007). Esse método de estimação considera um modelo de simulação, gerando uma sequência de cadeia (Cadeia de Markov) com números aleatórios (as amostras) com a finalidade de atribuir valores aos parâmetros investigados. E o processo de simulação é realizado por meio de técnicas de amostragem, pelo o algoritmo Amostragem de Gibbs (TIMPANI; NASCIMENTO, 2015).

Apesar de terem sido realizadas pesquisas adotando a abordagem Bayesiana no Brasil (CAMPOS et al., 2016; OLIVEIRA et al., 2015; SILVA et al., 2017) para estimar os parâmetros genéticos, contudo, a literatura é escassa em relação a avaliação genética de animais da raça Tabapuã dentro da Amazônia Legal. Diante do exposto, acredita-se que existe variabilidade genética nas populações de bovinos da raça Tabapuã e com isso, o objetivo desse estudo foi estimar os parâmetros genéticos das características de crescimento de bovinos Tabapuã pertencentes a Amazônia Legal.

5 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo foram cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) e consistem em informações de bovinos da raça Tabapuã criados na Amazônia Legal. Em que apenas os estados do Amazonas (99), Mato Grosso (11.118), Maranhão (4.327),

Rondônia (342), Pará (23.831) e Tocantins (52.275), foram considerados (Tabela 2). A não inclusão dos demais estados foi em virtude do baixo número de informações, o que poderia influenciar nos cálculos posteriores. Desta forma, foram utilizados registros de 91.992 informações de bovinos criados em regime de pastagem nascidos nos períodos de 1990 a 2018.

Tabela 2-Número de registros de bovinos da raça Tabapuã em parte dos estados da Amazônia Legal.

| | Estados | | | | | | Total |
|-----------------|---------|--------|-------|-----|--------|--------|--------|
| | AM | MT | MA | RO | PA | TO | |
| Nº de Registros | 99 | 11.118 | 4.327 | 342 | 23.831 | 52.275 | 91.992 |

Estados: AM - Amazonas, MT- Mato Grosso, MA - Maranhão, RO - Rondônia, PA - Pará e TO - Tocantins.

As características estudadas foram os pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idades. A padronização dos pesos foi baseada nas sugestões da Beef Improvement Federation (BIF) que estabelece procedimentos uniformes ao medir e avaliar dados de bovinos de corte (BIF, 2002). É realizado deste modo porque os programas de melhoramento no Brasil trabalham com seleção específica nos critérios, principalmente para pesos ajustados.

Para a edição do banco de dados, análise descritiva, remoção dos erros provenientes de escrituração zootécnica, erros de medição na coleta dos dados e digitação de dados incorretos foi utilizado o programa R Core Team (2021). Registros que apresentaram um ajuste de peso menor ou maior que o valor médio em três unidades de desvio padrão foram eliminados na edição dos dados (CAMPOS et al., 2016; OLIVEIRA et al., 2015).

Como efeitos sistemáticos no modelo de análise, foram incluídos os efeitos de sexo, grupo de contemporâneo e idade da vaca ao parto. Com a finalidade de agrupar animais submetidos as mesmas condições de desenvolvimento foram formados os grupos de contemporâneos (GC) que contém: estação de nascimento, ano de nascimento e fazenda. Além disso, GC com menos de 3 animais foram excluídos das análises (Tabela 3), e foi utilizada a idade da vaca ao parto (linear e quadrático) como covariável.

Para efeitos aleatórios, o peso P205, considerou no modelo os efeitos aleatórios genéticos aditivos (direto e materno) e efeito de ambiente permanente materno. Para os pesos P365 e P550, apenas o efeito genético aditivo direto foi considerado como aleatório.

Em termos matriciais, a equação de modelo misto para obtenção do BLUP (Melhor Preditor Linear não Viesada), sob modelo animal, pode ser descrita como:

$$Y = X\beta + Da + Mm + Ap + e$$

em que:

Y= vetor das observações de cada característica (P205, P365 e P550);

β = vetor de efeitos sistemáticos no modelo;

a= vetor de efeitos aleatórios genéticos diretos;

m= vetor de efeitos aleatórios genéticos maternos (somente para P205);

p= vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno (somente para P205);

X= matriz de incidência dos efeitos sistemáticos;

D, M, A= matrizes de incidência, respectivamente, aos efeitos aleatórios genético direto, genético materno e de ambiente permanente;

e= vetor de efeitos aleatórios residuais.

As estimativas de componentes de (co)variâncias e predição dos parâmetros genéticos foram estimadas pela abordagem bayesiana utilizando os programas da Família F90 (BLUPF90) (MISZTAL et al., 2015). Dentre os programas, foram utilizados o RENUMF90 (renumera o cartão de parâmetros), o GIBBS3F90 (gera a cadeia MCMC e aplica o amostrador de Gibbs) e POSTGIBBSF90 (análise pós Gibbs).

Na implementação das análises, com enfoque bayesiano, foi definido o número total de iterações, descarte (*burn-in*) e salvamento (*thin*) (Tabela 3).

A convergência foi verificada pela inspeção visual dos gráficos de cadeia (*trace plots*) para cada componente de (co)variância.

6 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias, desvios-padrão, coeficientes de variação, amplitudes e valores mínimo e máximo dos pesos da raça Tabapuã foram obtidos e apresentados na (Tabela 3).

Tabela 3-Estatísticas descritivas para os pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em bovinos da raça Tabapuã da Amazônia Legal.

| Características (dias) | Nº de observações | Nº de GC | Média e DP (kg) | Mínimo | Máximo | CV (%) |
|------------------------|-------------------|----------|-----------------|--------|--------|--------|
| P205 | 16638 | 341 | 196,69±29,06 | 123,9 | 269,3 | 14,77 |
| P365 | 9131 | 213 | 234,67±32,24 | 154,7 | 315,3 | 13,74 |
| P550 | 8003 | 173 | 299,7±44,07 | 180,7 | 423 | 14,70 |

P205= Peso ajustado aos 205 dias de idade; P365= Peso ajustado aos 365 dias de idade; P550= Peso ajustado aos 550 dias de idade; Nº = número; GC= Grupo de contemporâneo; DP= desvio-padrão; CV (%) = Coeficiente de Variação.

Os valores médios estimados para a mesma raça no nordeste brasileiro foram menores para P205 (176 ± 31 kg) e maiores para P365 (242 ± 49 kg) e P550 (321 ± 70 kg) (OLIVEIRA et al., 2015). Caires et al. (2012), em outro estudo, relatou valores inferiores para P205, no entanto para P365 e P550 apresentaram valores semelhantes ao presente estudo (174 kg, 233 kg e 302 kg, respectivamente). Essa variação também ocorreu para Ferrari (2018), no entanto, com pesos padronizados diferentes.

Para a realidade da Amazônia Legal, as médias observadas por Evangelista et al. (2020) foram inferiores para pesos 205 e 365 dias e superior para peso aos 550 dias (169 kg, 234 kg, 341 kg, respectivamente) com animais da raça Nelore. Médias inferiores foram observadas também por Sena (2013) com pesos padrão diferentes. Essa variação das médias pode ser justificada pelo manejo alimentar e reprodutivo adotado em cada região somado a diversidade genética dos animais.

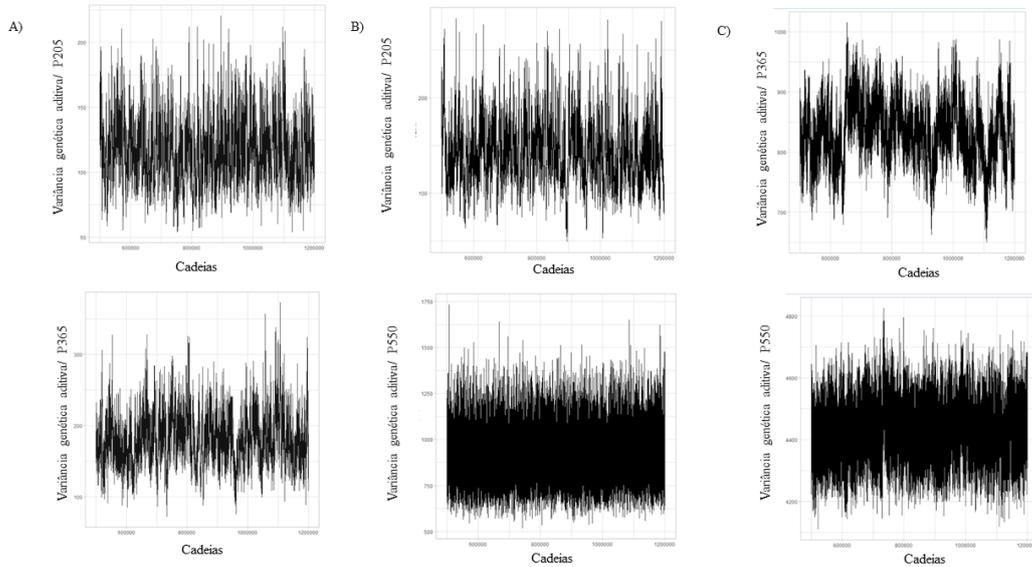
A convergência da cadeia foi verificada com 1200.000, 1200.000 e 1200.000 iterações (Tabela 4) para P205365, P205550 e P365550, respectivamente, através da cadeia de Markov.

Tabela 4-Definição do número total de iterações, descarte (“burn-in”) e salvamento (“thin”) para multicaracterísticas entre os pesos aos P205365, P205550 e P365550 dias de idade.

| Características (dias) | Cadeias | <i>Burn-in</i> | <i>Thin</i> | Total de amostras |
|------------------------|----------|----------------|-------------|-------------------|
| P205365 | 1200.000 | 500.000 | 20 | 35.000 |
| P205550 | 1200.000 | 500.000 | 20 | 35.000 |
| P365550 | 1200.000 | 500.000 | 20 | 35.000 |

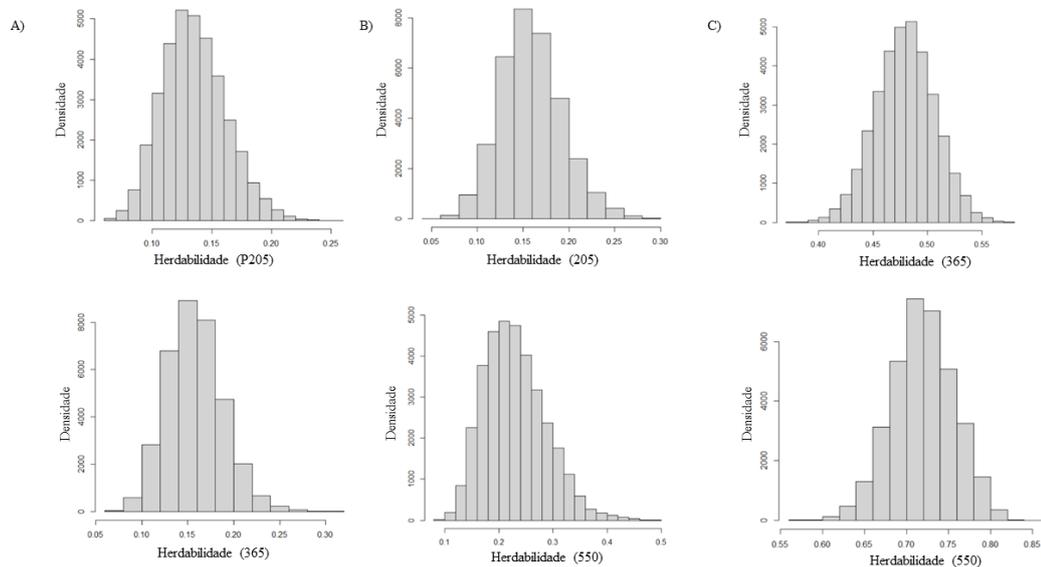
Esse tamanho de cadeia determinado para cada característica foi decisivo em virtude dos valores das estimativas dos componentes e parâmetros genéticos não sofrerem modificações perceptíveis ao observar os *trace plots* (Figura 3a, 3b e 3c). O mesmo ocorreu com Marcondes (2009), ao verificar o tamanho de cadeia adequada nas análises de touros da raça Nelore. No entanto, este autor sugeriu trabalhar com um maior número de amostras, implementando maior quantidade de ciclos.

Figura 3 (A, B e C) - Gráfico de traço dos componentes de (co)variância das cadeias bicaracterísticas de P205365, P205550 e P365550, respectivamente.



Os gráficos com as amostras das distribuições posteriores dos parâmetros foram elaboradas a partir das saídas do *software* POSTGIBBSF90 (MISZTAL, 2012) (Figuras 4a, 4b e 4c), após exclusão do *burn-in* (queima). Foram gerados e avaliados os *trace plots* (gráficos de traço) com as respectivas amostras. Considerando o período de *burn-in* (queima), a quantidade de ciclos gerados para cada característica foi suficiente para atingir a convergência nas estimativas dos componentes de variância/parâmetros. Van Tassel & Van Vleck (1996) afirmam que a convergência é alcançada quando as iterações que determinam cada parâmetro na amostragem de Gibbs são repetidos várias vezes, com tendência a uma distribuição estacionária em equilíbrio.

Figura 4(A, B e C) - Histograma das densidades posteriores das herdabilidades de acordo com o tamanho da cadeia e após o *burn-in* (queima) em traços bicaracterísticos entre os pesos P205365, P205550 e P365550.



Fonte: Autora.

Os parâmetros (Tabela 5) foram estimados com sucesso, isso pôde ser demonstrado pela inspeção gráfica da cadeia de cada componente, em que alcançou a estacionalidade. De modo geral, as estimativas aumentaram com o avanço da idade dos animais.

Tabela 5-Parâmetros bicaracterístico dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em bovinos da raça Tabapuã da Amazônia Legal.

| Características | Parâmetros | | | | | | | | |
|-----------------|--------------|-----------------|--------------|-----------------|--------------|--------------|---------|-------|------|
| | σ_a^2 | σ_{GC}^2 | σ_M^2 | σ_{AP}^2 | σ_e^2 | σ_p^2 | h_2 | h_m | |
| P205365 | 205 | 116,09 | 220 | 45,7 | 63,2 | 411,3 | 856,29 | 0,14 | 0,05 |
| | 365 | 180,4 | 409,4 | - | - | 552,8 | 1142,6 | 0,16 | - |
| P205550 | 205 | 141,9 | 225,3 | 58,8 | 62,6 | 406,3 | 894,9 | 0,16 | 0,06 |
| | 550 | 520,02 | 914,01 | - | - | 823,1 | 2257,13 | 0,23 | - |
| P365550 | 365 | 830,4 | 500,2 | - | - | 403,24 | 1733,84 | 0,48 | - |
| | 550 | 4427,1 | 1725 | - | - | 16,8 | 6168,9 | 0,72 | - |

σ_a^2 -Variância genética aditiva direta; σ_{gc}^2 -variância de grupo de contemporâneo; σ_m^2 - variância genética aditiva materna; σ_{ap}^2 - variância de ambiente permanente; σ_e^2 - variância residual; σ_p^2 - variância fenotípica.

O menor valor da variância fenotípica (σ_p^2) obtido ocorreu na característica de desmame, cresceu com o avanço da idade, aos 550 dias. Observa-se que a variância fenotípica para peso aos 205 dias foi menor em relação aos demais pesos, por conta da inclusão do efeito materno e efeito de ambiente permanente materno no modelo, o que provocou menor valor na variância genética aditiva e de variância de grupos de contemporâneos. O mesmo foi relatado por Ferraz Filho et al. (2003) e Dias et al. (2005) ao utilizar modelos com e sem efeito materno e ambiente permanente materno para peso em diferentes idades e outra metodologia para animais da raça Tabapuã. Contudo, os maiores valores de variância fenotípica para os demais pesos, P365 e P550, pode estar relacionado com a não inclusão do efeito materno e ambiente permanente materno no modelo, o que inflacionou a variância genética aditiva e de grupo de contemporâneo, comportamento semelhante a Campos et al. (2016) e Evangelista et al. (2020).

As estimativas de componentes de variância genética aditiva direta σ_a^2 obtidas no presente estudo aumentaram com o avanço da idade, indicando a possibilidade de melhoramento genético para a característica de peso aos 205, 365 e 550 dias por intermédio da seleção. O que não foi diferente dos achados na literatura, a σ_a^2 se comportou de modo crescente quando as idades avançavam (CAMPOS et al., 2016; EVANGELISTA et al., 2020).

O componente de variância materna (σ_m^2) foi inferior ao comparar com Campos et al. (2016) que testou modelos com a inclusão do efeito materno que foi de 111 para característica de peso a desmame, avaliando animais da raça Tabapuã no estado da Bahia. Menezes et al. (2013) relatou valor de 50 para pesos aos 240 dias usando modelo multicaracterística em Tabapuã também. Enquanto isso, Oliveira et al. (2015), trabalhando com a mesma raça observou variância genética materna para P205 de 122.

A estimativa de componente de variância de ambiente permanente materno (σ_{ap}^2), foi maior em relação a Sousa Júnior et al. (2019) que também trabalhou com bovinos Tabapuã do estado da Bahia utilizando modelo de regressão aleatória.

A não inclusão dos componentes de σ_m^2 e σ_{ap}^2 no modelo foi em decorrência do pouco efeito ocasionado com o avanço da idade dos animais descrito por Campelo et al. (2004). Contudo, isso não impede de incluir esses efeitos no modelo em todas as idades do animal. De acordo com Campos et al. (2016), a inclusão do efeito materno deve ser ponderada, conforme a metodologia empregada, a fim de obter estimativa de parâmetros genéticos acurados.

As estimativas das variâncias residual (σ_e^2) dos pesos padronizados aumentaram com o avanço das idades. De acordo com Evangelista et al. (2020), esse aumento provém do desempenho dos animais devido aos fatores ambientais, ou seja, quanto maior a idade dos animais, maior será o efeito ambiental sobre o peso. Valores elevados foram encontrados por Campos et al. (2016), com animais Tabapuã por meio da abordagem bayesiana.

As estimativas de herdabilidade direta (h_d^2) para todas as características foram de baixa a alta magnitude (Tabela 5). Para P205 (0,14 e 0,16), a h_d^2 foi considerada de baixa magnitude. Estimativa aproximada foi encontrada por Menezes et al. (2013), que teve valor médio de 0,18 para a característica peso padrão aos 240 dias. Valores médios superiores foram observados por Campos et al. (2016) e Oliveira et al. (2015), testando modelos estatísticos para pesos padronizados em Tabapuã, variando de 0,33 a 0,41 e 0,20 a 0,43, respectivamente. Caires et al. (2012) e Ferraz Filho et al. (2002) obtiveram h_d^2 acima do valor em seus estudos, com animais da mesma raça, contudo, utilizando metodologia diferente.

Considerando a estimativa de herdabilidade materna (0,05 e 0,06), o valor médio foi aproximado aos de Campelo et al. (2004), Campos et al. (2016) e Menezes et al. (2013), que encontraram médias de 0,08, 0,15 e 0,09, respectivamente. A primeira citação nos remete a modelos uni e multicaracterísticos com e sem efeito materno para pesos ajustados em diferentes idades. Evangelista et al. (2020) encontraram valor médio superior de 0,50, quando avaliou

animais da raça Nelore criados na região norte (Amazonas, Acre, Amapá, Rondônia, Pará e Tocantins) do Brasil.

Uma explicação para a baixa h_m^2 pode ser o baixo número de mães sem parentesco ancestral no pedigree, influenciando na estimativa dos componentes de variância para P205. A quantidade de informações dos dados pode ser um limitador nas estimativas de efeito materno, pois um pequeno número reflete na inconsistência dos resultados. Este resultado nos sugere pouca influência materna para esse efeito e maior dificuldade no ganho genético por meio da seleção. No entanto, não exime tal efeito para a característica de desmame.

As h_d^2 média estimadas para P365 (0,16 e 0,48), apresentaram magnitude moderada a alta. Ferrari (2018), Ribeiro et al. (2009) e Guimarães et al.(2003), 0,20, 0,20 e 0,19, respectivamente, encontraram valores moderados, dentro da magnitude apresentada no presente trabalho. Estudos que utilizaram abordagem bayesiana, obtiveram altos valores de herdabilidade direta semelhante ao encontrado nesta pesquisa (CAMPOS et al., 2016; MENEZES et al., 2013; OLIVEIRA et al., 2015). Na região considerada tropical, que abrange estados presentes no bioma amazônico, Lira et al. (2013) e Lopes et al. (2013), observaram valores de 0,41 em bovinos Nelore e 0,72 em animais Nelore Mocho, respectivamente. Deste modo, com o valor médio de herdabilidade neste estudo, sugere-se maior variabilidade genética para essa característica em comparação as demais (Tabela 5), o que permite progresso genético com a seleção.

As h_d^2 de peso aos 550 dias de idade (0,23 e 0,72), foi de moderada a alta magnitude (Tabela 5). O mesmo foi encontrado por Campos et al. (2016), Menezes et al. (2013) e Oliveira et al. (2015), que relataram valores médios aproximados em comparação ao presente estudo, de 0,32 a 0,44, 0,18 e 0,21 a 0,33, respectivamente. Animais da raça Nelore avaliados no bioma amazônico também apresentaram valores de herdabilidade direta aditiva aproximados, 0,32, 0,41 e 0,48 por Evangelista et al. (2020), Lira et al. (2013) e Sena et al. (2013), respectivamente. Este último utilizou peso padrão aos 450 dias. O valor da h_d^2 alto para P550 sugere maior variabilidade genética para essa característica em questão.

Conhecer os valores de herdabilidade para a raça Tabapuã contribui para analisar a variabilidade genética dessa característica, e assim, promover a seleção dos animais, de acordo com o objetivo a ser alcançado. As pesquisas realizadas com Tabapuã permitem inferir que as estimativas de herdabilidade estão variando de baixo a moderado.

Tabela 6 – Correlação fenotípica e genética bicaracterístico entre os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em bovinos da rala Tabapuã da Amazônia Brasileira.

| Características | Características | | |
|-----------------|-----------------|------|------|
| | P205 | P365 | P550 |
| P205 | - | 0,52 | 0,47 |
| P365 | 0,3 | - | 0,95 |
| P550 | 0,2 | 0,6 | - |

Correlação genética acima da diagonal e correlação fenotípica abaixo.

De modo geral, no presente estudo, os resultados demonstram variabilidade genética direta e materna com possibilidade de ganho genético. As estimativas posteriores de herdabilidade dos pesos aos 365 e 550 dias de idade indicam a possibilidade de ganhos por seleção. Desta forma, pode-se sugerir o uso do fenótipo do animal para essas idades como critério de seleção, tendo em vista que parte da variação no peso dos animais é em decorrência do efeito genético direto.

A correlação fenotípica apresentou magnitude de baixa a moderada entre as características de peso no trabalho, diminuindo conforme o distanciamento entre as características. No trabalho de Sousa Júnior (2019), o mesmo ocorreu em relação ao distanciamento entre os pesos, as estimativas de correlações fenotípicas foram maiores, apresentando valores de até 0,94 em animais da Tabapuã. Em diferentes estudos a correlação fenotípica indicou altos valores em relação ao presente trabalho.

Para correlação genotípica, as estimativas foram de moderada a alta, em que as magnitudes maiores foram observadas à medida que as idades eram mais próximas e diminuía conforme as idades se distanciavam. Estes resultados foram diferentes do que foi encontrado por Menezes et al (2013), $P_{120240}=0,88$, $P_{120360}=0,79$, $P_{120480}=0,76$, $P_{240365}=0,93$, $P_{240480}=0,87$ e $P_{360480}=0,98$; na qual a correlação genética aditiva direta demonstrou alto nível de associação em seu trabalho com a raça Tabapuã. Altos valores também foi encontrado por Oliveira et al (2015), $P_{205365}=0,90$, $P_{205550}=0,90$ e $P_{365550}=0,98$, com estimativas para bovinos Tabapuã na região do Nordeste brasileiro.

As magnitudes de correlações genéticas encontradas neste trabalho indicam a possibilidade de seleção de animais jovens da raça Tabapuã na região da Amazônia Brasileira. Pois a correlação entre as características P205 e P365 apresentaram moderado nível. No entanto, os genes que atuam no peso aos 205 dias, não atuam em grande maioria aos 365 e, muito menos aos 550 dias de idade. Desta forma, a possibilidade para ganho genético ao selecionar animais aos 205 dias via resposta correlacionada é razoável.

7 CONCLUSÃO

Os coeficientes de herdabilidade apresentaram variabilidade genética aditiva em animais da raça Tabapuã na Amazônia Legal, evidenciando ganho genético por meio da seleção. Apesar da herdabilidade de peso aos 205 dias de idade apresentar baixa magnitude, há variabilidade genética na característica o que justifica ganhos genéticos via seleção, com a necessidade de melhorias genéticas posteriormente. As características P365 e P550 apresentaram alta correlação, o que permite a seleção para peso ao ano.

8 REFERÊNCIAS

- ABCT. **História da raça**. Disponível em: <<https://tabapua.org.br/raca-tabapua/historia-da-raca/>>. Acesso em: 17 mar. 2022a.
- ABCT. **Características Tabapuã**. Disponível em: <<https://tabapua.org.br/raca-tabapua/caracteristicas/>>. Acesso em: 17 mar. 2022b.
- AMARAL, G. et al. **Panorama da pecuária sustentável** BNDES, 2010. Disponível em: <[https://web.bndes.gov.br/bib/jspui/bitstream/1408/1491/3/A_set.36_Panorama da pecuária sustentável_P.pdf](https://web.bndes.gov.br/bib/jspui/bitstream/1408/1491/3/A_set.36_Panorama_da_pecuaria_sustentavel_P.pdf)>
- ARTMANN, T. A. et al. Melhoramento genético de bovinos 1/2 sangue taurino x 1/2 sangue zebuino no Brasil. **Revista Científica de Medicina Veterinária**, v. 22, p. 1–20, 2014.
- BALDUINO, V.; FERREIRA, A.; CAMARGO, A. **Efeito da categoria da mãe ao parto e mês de nascimento sobre o desempenho pré desmame de bezerros da raça Nelore mocha**. 55^a SBZ 28^o ZOOTEC. **Anais...**Goiânia: 2018.
- BARRETO, P. **Políticas para desenvolver a pecuária na Amazônia sem desmatamento** IMAZON, , 2021. Disponível em: <https://amazonia2030.org.br/wp-content/uploads/2021/09/pecuaria-extrativa_final_Paulo-Barreto-1.pdf>
- BARROS, I. et al. Avaliação genética do crescimento de bovinos Nelore Mocho, por meio de modelos de multicausalidade. **Revista Ceres**, v. 65, n. 5, p. 402–406, 1 set. 2018.
- BERNARDES, P. et al. Estimates of genetic parameters and genetic trends for reproductive traits and weaning weight in Tabapuã cattle. **Journal of Animal Science**, v. 93, n. 11, p. 5175–5185, 2015.
- BIF. **Guidelines for Uniform beef improvement** (W. Hohenboken, V. Tech, Eds.) **Beef Improvement Federation** Athens, 2002.
- BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v. 79, n. 8, p. 2023–2046, 2001.
- BOCCHI, A.; TEIXEIRA, R.; ALBUQUERQUE, L. Idade da vaca e mês de nascimento sobre o peso ao desmame de bezerros Nelore nas diferentes regiões brasileiras. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 26, n. 4, p. 475–482, 2004.
- CAIRES, D. et al. Tabapuã breed in Northeastern Brazil: Genetic progress and population structure. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 8, p. 1858–1865, 2012.
- CAMPÊLO, J. E. et al. Maternal effects on the genetic evaluation of Tabapuã beef cattle. **Genetics and Molecular Biology**, v. 27, n. 4, p. 517–521, 2004.
- CAMPOS, B. et al. Parâmetros e ganhos genéticos em características de crescimento de bovinos Tabapuã da Bahia. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 68, n. 4, p. 1043–1052, 2016.
- CHAGAS, B. B. **Prova de ganho em peso com destaque para raça Tabapuã- Confinamento**

- oficializada pela ABCZ.** [s.l.] Faculdades Associadas de Uberaba, 2006.
- COLONIA, S. **EXPLORANDO A VARIACÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS CONTÍNUAS E BINÁRIAS DE BOVINOS LEITEIROS SOB ABORDAGEM BAYESIANA.** [s.l.] Universidade Federal de Alfenas, 2020.
- DIAS, L. et al. Estimacão de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 1914–1919, 2005.
- EDUCAPOINT. **Tabapuã: conheça as principais qualidades do “zebu brasileiro”.**
- EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento Genético Animal No Brasil: Fundamentos, História E Importância.** Campo Grande: [s.n.].
- EVANGELISTA, A. et al. Estimativas dos componentes de (co)variância de características de crescimento em bovinos da raça Tabapuã-revisão de literatura. **Nutritime**, p. 4787–4793, jul. 2016.
- EVANGELISTA, A. et al. Parâmetros genéticos de características de crescimento em bovinos da raça Tabapuã. **Medicina Veterinaria (Brazil)**, v. 13, n. 3, p. 454–463, 2019a.
- EVANGELISTA, A. et al. Herdabilidade de características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando métodos da Máxima Verossimilhança Restrita e Inferência Bayesiana. **Archivos de Zootecnia**, v. 68, n. 263, p. 440–445, 2019b.
- EVANGELISTA, A. et al. Herdabilidade de características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e Inferência Bayesiana. **Archivos de Zootecnia**, v. 68, n. 262, p. 440–445, 2019c.
- EVANGELISTA, A. et al. Estimacão de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos Nelore Mocho da região Norte do Brasil. **Livestock Research for Rural Development**, v. 32, n. 10, p. 1–10, 2020.
- FARIA, C. et al. Bayesian inference on field data for genetic parameters for some reproductive and related traits of Nelore cattle (*Bos indicus*). **Genetics and Molecular Biology**, v. 30, n. 2, p. 343–348, 2007.
- FARIA, C. et al. Abordagem Bayesiana e freqüentista em análise genética tricaráter para crescimento e reprodução de bovinos Nelore. **Ciência Animal Brasileira**, v. 9, n. 3, p. 598–607, 2008.
- FARIA, C. U. et al. Bayesian Analysis on the Growth Traits in Nelore Mocho Cattle Raised in Cerrado Biome. **Veterinária Notícias**, v. 25, n. 2, p. 95–111, 2020.
- FELIPE, E.; SILVA, N.; MORAES, G. Meta-análise para estimativas de herdabilidade de características ponderais em bovinos da raça Nelore. **Brazilian Journal of Development**, v. 7, n. 6, p. 59365–59379, 17 jun. 2021.
- FERRARI, R. **Estimacão de parâmetros genéticos de características de crescimento pré e pós-demame em bovinos Tabapuã.** [s.l.] Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP, 2018.
- FERRAZ FILHO, P. et al. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**, v. 7, n. 1, p. 65–69, 2002.
- FERRAZ FILHO, P. et al. Alternative animal models to estimate heritabilities and genetic correlations between direct and maternal effects of Pre and Post-Weaning weights of Tabapuã cattle. **Arch. Latinoam. Prod. Animal**, v. 12, n. 3, 2003.
- FERREIRA, J. et al. Estimacão de componentes de (co)variâncias para características de crescimento em bovinos Nelore criados no Trópico Úmido do Brasil por meio de regressão aleatória. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 3, p. 1713–1723, maio 2015.
- FREITAS JUNIOR, A.; BARROS, P. H. O Avanço da Pecuária Bovina na Amazônia Legal: Uma Análise Espacial com Dados em Pannel. **Nova economia**, n. March, p. 1–24, 2020a.
- FREITAS JUNIOR, A.; BARROS, P. H. O Avanço da Pecuária Bovina na Amazônia Legal: Uma Análise Espacial com Dados em Pannel. **Nova Economia**, p. 1–24, mar. 2020b.

- GUIMARÃES, L. et al. Aspectos genéticos e de ambiente sobre pesos pré e pós desmama em bovinos da raça Tabapuã na região pecuária Oeste São Paulo – Parana. **Archives of Veterinary Science**, v. 8, n. 1, p. 109–119, 2003.
- IBGE. **Amazônia Legal**. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/geociencias/cartas-e-mapas/mapas-regionais/15819-amazonia-legal.html?=&t=o-que-e>>. Acesso em: 15 mar. 2021.
- IBGE. **Indicadores econômicos**. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/indicadores>>. Acesso em: 25 mar. 2022.
- IMAZON. **Pecuária na Amazônia: Tendências e Implicações para a Conservação Ambiental**. Disponível em: <[https://imazon.org.br/pecuaria-na-amazonia-tendencias-e-implicacoes-para-a-conservacao-ambiental/#:~:text=Segundo dados do IBGE \(2005,de crescimento anual de 7%25.>](https://imazon.org.br/pecuaria-na-amazonia-tendencias-e-implicacoes-para-a-conservacao-ambiental/#:~:text=Segundo dados do IBGE (2005,de crescimento anual de 7%25.>)>. Acesso em: 25 mar. 2022.
- KAMPRASERT, N.; DUIJVESTIJN, N.; VAN DER WERF, J. Estimation of genetic parameters for BW and body measurements in Brahman cattle. **Animal**, v. 13, n. 8, p. 1576–1582, 2019.
- LACERDA, J. **Parâmetros e tendências genéticas para características de crescimento em bovinos da raça Nelore no estado da Bahia utilizando Inferência Bayesiana**. [s.l.] Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2013.
- LIRA, T. et al. Tendências genéticas para características de crescimento em rebanhos Nelore criados na região do trópico úmido do Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v. 14, n. 1, p. 23–31, 2013.
- LÔBO, R. et al. **Avaliação genética de touros e matrizes da raça Nelore**. 15. ed. Ribeirão Preto: [s.n.].
- LOPES, F. et al. Genetic Analysis of Growth Traits in Polled Nelore Cattle Raised on Pasture in Tropical Region Using Bayesian Approaches. **PLoS ONE**, v. 8, n. 9, p. 1–6, 2013.
- LOPES, S. **Teoria do Melhoramento Animal**. Belo Horizonte: [s.n.].
- LOURENÇO JÚNIOR, J.; GARCIA, A. **Produção Animal No Bioma Amazônico: Atualidades E Perspectivas**. Anais de Simpósios da 43ª Reunião Anual da SBZ – João Pessoa – PB. **Anais...**João Pessoa: 2006.
- MALHADO, C. H. M. et al. Correlações Genéticas, Fenotípicas E De Ambiente Entre Os Pesos De Várias Idades Em Bovinos Da Raça Guzerá No Estado De São Paulo. **Archives of Veterinary Science**, v. 7, n. 1, p. 71–75, 2002.
- MANCUSO, A. **Métodos Bayesianos em Metanálise**. [s.l.] Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2010.
- MARCONDES, C. et al. Tamanho da cadeia de Gibbs em análises da característica probabilidade de permanência no rebanho para a raça Nelore. **Livestock Research for Rural Development**, v. 21, n. 8, p. 0–4, 2009.
- MARTINS, T. **Parâmetros genéticos para características de importância zootécnica em bovinos da raça Senepol**. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 2018.
- MATEESCU, R. Genetics and breeding of beef cattle. **Animal Agriculture: Sustainability, Challenges and Innovations**, p. 21–35, 2020.
- MELDAU, D. **Gado Tabapuã - Raças de bovinos**.
- MENEZES, G. et al. Estimation of genetic parameters for growth traits in Tabapuã cattle using a multi-trait model. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 8, p. 570–574, 2013.
- MERCADANTE, M. E.; LÔBO, R. Estimativas de (Co) variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 26, n. 6, p. 1124–1133, 1997.
- MISZTAL, I. BLUPF90 - A flexible mixed model program in Fortran 90. **Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia, USA**, 2012.
- MISZTAL, I. et al. BLUPF90 family of programs. **University of Georgia, Athens, USA**, p. 1–125, 2015.

- OLIVEIRA, A. 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.
- OLIVEIRA, P. H. et al. Estudo da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética para o peso corporal aos 450 dias de idade em animais da raça Nelore. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 10, p. 79773–79788, 2020.
- PAIVA, J. T. et al. Herdabilidade de características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando métodos da Máxima Verossimilhança Restrita e Inferência Bayesiana. **Archivos de Zootecnia**, v. 68, n. 263, p. 440–446, 15 jul. 2019.
- PASSAFARO, T. et al. Análise genética do peso em um rebanho de bovinos Nelore. **Pesq. agropec. bras.**, v. 51, n. 2, p. 149–158, fev. 2016.
- PEREIRA, J. C. **Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal**. 5. ed. Belo Horizonte: [s.n.].
- REIS, Â. P. **Descrição metodológica do uso de marcadores moleculares associado a informações de pedigree na predição do valor genético de animais por simulação utilizando a metodologia BLUP**. [s.l.] UNIPAMPA, 2012.
- RIBEIRO, S. et al. Efeito da covariância genética aditivo-materna sobre estimativas de parâmetros genéticos e em avaliações genéticas de características de crescimento de animais Tabapuã. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec**, v. 61, n. 2, p. 401–406, 2009.
- RODRIGUES, M. **Parâmetros genéticos e fenotípicos de características de crescimento em bovinos da raça Nelore criados no Norte do Brasil**. [s.l.] Universidade Federal do Tocantins, 2020.
- ROSA, A. et al. **Melhoramento Genético Aplicado em Gado de Corte**. 1º ed. Brasília, DF: Embrapa Gado de Corte, 2013. v. 1
- ROSA, A. et al. **Genética aplicada para pequenos e médios produtores de gado de corte**. Campo Grande: [s.n.].
- SAKAGUTI, E. et al. **Growth evaluation of young Tabapuã beef cattle by covariance function analyses**. (E. . Sakaguti et al., Eds.) Growth evaluation of young Tabapuã beef cattle by covariance function analyses. **Anais...Montpellier: 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, 19 ago. 2002.
- SAKAGUTI, E. 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.
- SANTOS, M. et al. Production behavior and prices of beef cattle in the Brazilian Amazon. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 40, n. 4, p. 1639–1651, jul. 2019.
- SANTOS, M. A. et al. Caracterização do nível tecnológico da pecuária bovina na Amazônia Brasileira. **Revista de Ciências Agrárias - Amazon Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 60, n. 1, p. 103–111, 2017.
- SENA, S. **Parâmetros genéticos, tendências e resposta à seleção de características produtivas da raça Nelore na Amazônia Legal**. [s.l.] Universidade Federal do Pará, 2011.
- SENA, S. et al. Parâmetros genéticos, tendências e resposta à seleção de características produtivas da raça Nelore na Amazônia Legal. **Atas de Saúde Ambiental - ASA**, v. 1, n. 1, p. 2–12, set. 2013.
- SIDRA. **Pesquisa Pecuária Municipal (PPM) 2018 - 2020**. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/ppm/tabelas>>. Acesso em: 9 abr. 2022.
- SILVA, D. et al. Contemporary groups in the genetic evaluation of Nellore cattle using Bayesian inference. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 8, p. 643–651, 2017.
- SILVA NETTO, F. G.; BRITO, L. G.; FIGUEIRÓ, M. R. **Manejo da vaca leiteira** Embrapa Porto Velho, 2006. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/24717/1/cot318-manejodavacaleiteira.pdf>>

- SILVA, T. et al. Parâmetros e tendências genéticas da idade ao primeiro parto em raças zebuínas criadas no Norte e Nordeste do Brasil. **Livestock Research for Rural Development**, v. 30, n. 8, 2018.
- SILVEIRA, É. **Parâmetros genéticos para características de crescimento em bubalinos da raça mediterrânea estimados por inferência bayesiana**. [s.l.] Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2012.
- SOLLERO, B. et al. **Aplicação de Métodos Bayesianos em Estudos de Associação Genômica-Ampla para Características Complexas em Animais de Produção**. Bagé: , 2016. (Nota técnica).
- SOUSA JÚNIOR, S. et al. Utilização de modelos de regressão aleatória para obtenção de parâmetros genéticos de bovinos da raça Tabapuã. **Ciencia Animal Brasileira**, v. 20, p. 1–14, 2019.
- TIMPANI, V.; NASCIMENTO, T. **Uma breve introdução à estatística Bayesiana aplicada ao melhoramento genético animal**. Belém: , 2015. (Nota técnica).
- TURKMAN, M. A. **Como e quando o método de amostragem Gibbs funciona** Como e quando o método de amostragem GIBBS funciona, 1990.
- VAN TASSELL, C.; VAN VLECK, L. Multiple-trait Gibbs Sampler for animal models: Flexible programs for Bayesian and Likelihood-Based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, v. 74, n. 11, p. 2586–2597, 1996.
- XIMENES, L. Segmento de carne bovina. **Caderno Setorial ETENE**, p. 1–12, jun. 2020.