

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MATO GROSSO DO SUL
UNIDADE UNIVERSITÁRIA DE AQUIDAUANA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A RELAÇÃO DE
DESMAMA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

Acadêmico: André Luis Romeiro de Lima

Aquidauana-MS
Janeiro/2022

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MATO GROSSO DO SUL
UNIDADE UNIVERSITÁRIA DE AQUIDAUANA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A RELAÇÃO DE
DESMAMA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

Acadêmico: André Luis Romeiro de Lima
Orientador: Prof. Dr. André Luiz Julien Ferraz
Co-orientador: Dr. Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes

“Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção Animal no Cerrado-Pantanal, da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Zootecnia”.

Aquidauana-MS
Janeiro/2022

L696p

Lima, André Luis Romeiro de

Parâmetros genéticos para a relação de desmama em bovinos da raça Nelore / André Luis Romeiro de Lima.
– Aquidauana, MS: UEMS, 2023.

111f.

Dissertação de Mestrado (Pós-Graduação) – Zootecnia
– Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, 2023.

Orientador: Prof. Dr André Luiz Julien Ferraz.

1. Bovinocultura de Corte 2. Eficiência Materna 3.
Correlação Genética. I. Título. II. Lima, André Luis
Romeiro de.

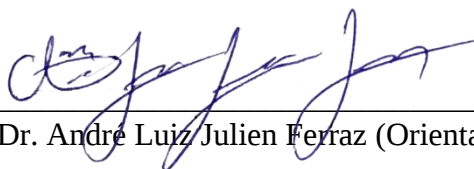
CDD 23. ed. - 636.213

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MATO GROSSO DO SUL
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
UNIDADE UNIVERSITÁRIA DE AQUIDAUANA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
ÁREA DE CONCENTRAÇÃO EM PRODUÇÃO ANIMAL**

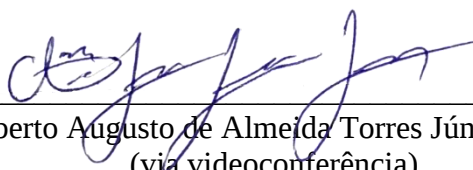
ANDRÉ LUÍS ROMEIRO DE LIMA

Dissertação submetida ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção Animal, como requisito para obtenção do grau de Mestre em Zootecnia.

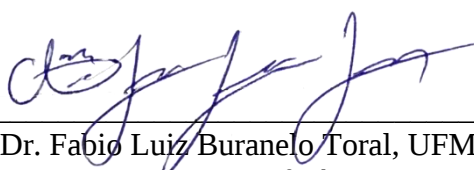
DISSERTAÇÃO APROVADA EM 31/01/2022.



Dr. André Luiz Julien Ferraz (Orientador)



Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior, Embrapa
(via videoconferência)



Dr. Fabio Luiz Buranelo Toral, UFMG
(via videoconferência)

“However difficult life may seem, there is always something you can do and succeed at”.

Stephen Hawking

Aos meus pais, Emerson Romeiro de Menezes e Andréia Aparecida Ribeiro de Lima Menezes, minha irmã Isabela Romeiro de Lima e a todos os meus professores.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela centelha divina da vida.

A Deus, pela saúde, paz e sabedoria, permitindo-me evolução constante como ser humano.

Aos meus pais, Emerson Romeiro de Menezes e Andréia Aparecida Ribeiro de Lima Menezes, pelo exemplo humano e por alicerçarem toda a minha caminhada até aqui.

A minha irmã, Isabela Romeiro de Lima, por todo o apoio e amizade.

Ao meu orientador, Professor Splinter (Dr. André Luiz Julien Ferraz), pela confiança, orientação e por todas as oportunidades proporcionadas. Meu eterno agradecimento.

Ao meu co-orientador, Dr. Gilberto Menezes, pela confiança, orientação e por todas as oportunidades proporcionadas. Meu eterno agradecimento.

Aos meus professores da pós-graduação, pelos fundamentais conhecimentos compartilhados.

Ao programa Embrapa Geneplus, pela concessão dos dados e pelo espaço cedido para a realização desta pesquisa.

Ao Dr. Paulo Roberto Costa Nobre e ao Raphael Katsuragi, pelo imensurável apoio prestado durante a realização desta pesquisa.

Ao Dr. Gustavo Garcia Santiago, pela amizade, por todo o conhecimento transmitido, pelo apoio prestado durante a realização da

pesquisa e pelas inúmeras conversas sobre Melhoramento Animal. Meu eterno agradecimento.

Ao Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Junior, pelos conhecimentos transmitidos, pelo auxílio durante a realização da pesquisa e pelas conversas enriquecedoras sobre Melhoramento Animal. Meu eterno agradecimento.

Aos colegas do programa Embrapa Geneplus, Ana Paula, Renato, Lucas, Jenifer e Max, pela excelente convivência.

Aos irmãos científicos da Embrapa Gado de Corte, Sorriso (Christhian), Gabriel e Nickson, pela excelente convivência e pelos conhecimentos compartilhados.

Aos irmãos científicos do LAGEMOL, Adriana, Satia e Eduardo, pela excelente convivência e companheirismo.

Aos colaboradores da Embrapa Gado de Corte, pelos momentos compartilhados durante as atividades.

Aos colegas, Douglas, Marcos e André, pelo acolhimento em Campo Grande e por todo o apoio prestado durante a minha passagem por esta cidade.

Ao amigo Gabriel Lima, pelas enriquecedoras conversas, por todo apoio e consideração. Meu eterno agradecimento.

A todos que contribuíram de alguma maneira para a realização desta pesquisa e para que eu pudesse chegar até aqui.

Muito Obrigado!!!!!!!!!!!!!!

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	x
RESUMO	xi
ABSTRACT	xii
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DA LITERATURA	2
2.1. Indicadores de produtividade de vacas de corte	2
2.2. Raça Nelore.....	5
2.3. Inferência Bayesiana e parâmetros genéticos	6
2.3.1. Herdabilidade	7
2.3.2. Correlação	9
3. OBJETIVOS	10
3.1. Objetivo geral	10
3.2. Objetivos específicos.....	10
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	12
CAPÍTULO 2 – PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A RELAÇÃO DE DESMAMA EM BOVINOS NELORE.....	17
1. Introdução.....	18
2. Material e Métodos	19
2.1. Base de dados e características	19
2.2. Análises estatísticas	22
3. Resultados.....	24

3.1. Relação de desmama e características de desempenho ponderal	24
3.2. Relação de desmama e características reprodutivas	25
3.3. Relação de desmama e características de carcaça	26
4. Discussão	27
5. Conclusão	29
CONFLITO DE INTERESSES	29
DECLARAÇÃO DE DISPONIBILIDADE DE DADOS	29
ORCID	29
REFERÊNCIAS	31
CAPÍTULO 3 – CONSIDERAÇÕES FINAIS	33
ANEXO I – NORMAS PARA PUBLICAÇÃO NA REVISTA <i>JOURNAL OF ANIMAL BREEDING AND GENETICS</i>	34
ANEXO II – ANÁLISE GRÁFICA DAS CADEIAS DE MARKOV E DISTRIBUIÇÕES A POSTERIORI DOS COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA ESTIMADOS ATRAVÉS DE INFERÊNCIA BAYESIANA VIA AMOSTRADOR DE GIBS.	35
Relação de desmama (RD%) e peso à desmama (PD _{kg}).	35
Relação de desmama (RD%) e peso ao nascer (PN _{kg}).	40
Relação de desmama (RD%) e peso aos 120 dias de idade (P120 _{kg}).	45
Relação de desmama (RD%) e peso ao sobreano (PS _{kg}).	50
Relação de desmama (RD%) e peso da vaca na desmama (PVD _{kg}).	53
Relação de desmama (RD%) e ganho de peso pós desmama (GPD _{kg}).	56
Relação de desmama (RD%) e perímetro escrotal a desmama (PED _{cm}). ...	60
Relação de desmama (RD%) e perímetro escrotal ao sobreano (PES _{cm})...	65
Relação de desmama (RD%) e conformação frigorífica à desmama (CFD ₁₋₆).	69
Relação de desmama (RD%) e conformação frigorífica ao sobreano (CFS ₁₋₆).	74
Relação de desmama (RD%) e idade ao primeiro parto (IPP _{dias}).	77
Relação de desmama (RD%) e espessura de gordura subcutânea (EGS _{mm}).	81
Relação de desmama (RD%) e espessura de gordura subcutânea na garupa (EGSP _{8mm}).	84

Relação de desmama (RD%) e área de olho de lombo (AOL_{cm²}).	88
Relação de desmama (RD%) e área de olho de lombo 450 (AOL450_{cm²}). ...	91
Relação de desmama (RD%) e marmoreio (MAR%).	95

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Estatística descritiva.....	21
Tabela 2. Médias a posteriori, desvios padrão a posteriori (sobrescrito entre parênteses) e intervalo de credibilidade a 95% (abaixo da estimativa entre parênteses) dos parâmetros genéticos estimados para relação de desmama e características de desempenho ponderal.	25
Tabela 3. Médias a posteriori, desvios padrão a posteriori (sobrescrito entre parênteses) e intervalo de credibilidade a 95% (abaixo da estimativa entre parênteses) dos parâmetros genéticos estimados para relação de desmama e características reprodutivas.	26
Tabela 4. Tabela 3 Médias a posteriori, desvios padrão a posteriori (sobrescrito entre parênteses) e intervalo de credibilidade a 95% (abaixo da estimativa entre parênteses) dos parâmetros genéticos estimados para relação de desmama e características reprodutivas.	27

RESUMO

A razão entre o peso do bezerro e o da vaca no momento do desmame, é utilizada como medida de eficiência, visando identificar fêmeas geneticamente superiores, aumentando a produtividade na pecuária de corte. No presente estudo, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos para a relação de desmama (RD) como medida do bezerro, a fim de verificar suas associações com as demais características utilizadas no processo de seleção da raça Nelore. Os dados foram disponibilizados pelo Programa Embrapa de Melhoramento Genético de Gado de Corte – Geneplus, para as características: relação de desmama (RD), peso ao nascimento (PN), peso aos 120 dias de idade (P120), peso ao sobreano ajustado para 485 dias de idade (PS), ganho de peso pós desmama (GPD), peso da vaca na desmama (PVD), idade ao primeiro parto (IPP), perímetro escrotal ao desmame (PED) e ao sobreano (PES), área de olho de lombo (AOL), área de olho de lombo ajustada para 485 kg (AOL450), espessura de gordura subcutânea (EGS), espessura de gordura subcutânea na garupa (EGSP8) e marmoreio (MAR). Para a estimativa dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, foram realizadas análises bi características, sob modelo animal via inferência Bayesiana. A relação de desmama apresentou associação genética positiva com características de desempenho ponderal mensuradas do nascimento ao desmame, porém, negativa com as características tomadas após o desmame e em idade adulta. Correlações favoráveis foram observadas para RD e características de carcaça e reprodutivas. De modo geral, a inclusão da RD no processo de seleção da raça Nelore, poderá promover ganhos genéticos correlacionados nas características de carcaça, reprodutivas e de desempenho do nascimento ao desmame. Contudo, deve haver redução do peso a idade adulta dos animais com maiores valores de RD.

Palavras-chave: eficiência materna, herdabilidade, correlação genética, desempenho ponderal, carcaça, reprodução

ABSTRACT

The ratio between calf and cow weight at weaning is used as an efficiency measure to identify genetically superior females, improving profitability in beef cattle. In this study, the objective was to estimate the genetic parameters for the weaning ratio (WR) as a measure for the calf, in order to verify its associations with the other traits used in the Nellore breed selection process. Data were provided by the Embrapa Program for Genetic Improvement of Beef Cattle – Geneplus, for the traits: weaning ratio (WR), birth weight (BW), weight at 120 days of age (W120), yearling weight adjusted to 485 days of age (YW), post weaning weight gain (PWD), cow weight at weaning (CWW), age at first calving (AFC), scrotal circumference at weaning (SCW) and yearling (SCY), ribeye area (RA), ribeye area adjusted to 485 kg (RA450), subcutaneous fat thickness (SFT), subcutaneous rump fat thickness (SRFT) and marbling (MAR). To estimate the variance components and genetic parameters, bi-trait analyzes were carried out under an animal model via Bayesian inference. The weaning ratio showed a positive genetic association with weight performance traits measured from birth to weaning, however, a negative one with the traits taken after weaning. Favorable correlations were observed for WR and carcass and reproductive traits. In general, the inclusion of WR in the Nellore breed selection process may promote genetic gains correlated in carcass, reproductive and performance traits from birth to weaning. However, there must be a reduction in weight at adult age in animals with higher WR values.

Keywords: maternal efficiency, heritability, genetic correlation, weight performance, carcass, reproduction

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. INTRODUÇÃO

A lucratividade dos sistemas de produção na pecuária de corte está diretamente relacionada à produtividade da fêmea bovina, tornando importante a seleção de matrizes eficientes (AZEVEDO et al., 2005). De acordo com Schwengber et al. (2001), é necessário determinar cada fator interferente na produtividade da vaca e sua importância, a fim de se estabelecer um critério ideal para a seleção. Segundo Rahnefeld et al. (1993), na avaliação da produtividade das matrizes, devem se considerar os aspectos reprodutivo, o peso à idade adulta e o desenvolvimento do bezerro.

Cunningham (1974) e Kress et al. (2001) utilizaram a razão entre o peso do bezerro e o peso da vaca no desmame como um indicador preciso da eficácia biológica do par vaca-bezerro, onde o peso da vaca refletia os custos com alimentação enquanto o peso do bezerro, o retorno em produtividade. Segundo Johnson et al. (2007) fêmeas com maiores valores para esta razão, denominada relação de desmama, são mais viáveis economicamente.

Pesquisas realizadas por MacNeil (2005), Johnson et al. (2007), Boligon et al. (2013) e Martin Nieto et al. (2017), estimaram os parâmetros genéticos para a relação de desmama, a fim de identificar possíveis ganhos em produtividade com a adoção da característica no processo de seleção genética. Segundo Pereira (2004), a viabilidade do uso de determinada característica como critério de seleção, é analisada seguindo as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas com os demais critérios adotados.

A herdabilidade quantifica a interferência da variância genética sobre a variância fenotípica, além de ser um preditor da resposta à seleção, enquanto a correlação genética indica a intensidade e a direção que a seleção para determinada característica poderá influenciar as demais (FALCONER e MACKAY, 1996).

Boligon et al. (2013) avaliando a relação de desmama em fêmeas Nelore, encontraram o valor de 0,22 para a estimativa de herdabilidade,

sugerindo a adoção desta característica como critério de seleção. Martin Nieto et al. (2017) encontraram valor de 0,21 para a herdabilidade direta e 0,07, para a herdabilidade materna em bovinos Nelore. Ainda, os autores relataram correlações genéticas direta de 0,65, e materna de 0,92 entre a relação de desmama e o peso à desmama.

Dinkel e Brown (1978) e MacNeil (2005), demonstraram que a relação de desmama apresentou pouca vantagem como critério de seleção quando comparada com o peso dos bezerros a desmama, que segundo Schwengber et al. (2001), é o melhor indicador da produtividade de fêmeas em gado de corte. MacNeil (2005), ao selecionar vacas para maiores valores de relação de desmama, encontrou resposta correlacionada positiva com o peso ao nascer dos animais, o que é desfavorável, devido ao possível aumento de partos distócicos.

Apesar de alguns estudos relatarem a importância da relação de desmama para a produtividade na bovinocultura de corte, pesquisas analisando suas correlações genéticas com outras características, como as de carcaça, reprodutivas e de desempenho ponderal, são escassas na literatura. Considerando-se a importância do conjunto de características e suas associações no melhoramento genético de bovinos de corte, objetivou-se no presente estudo, estimar a herdabilidade bem como as correlações genéticas entre a relação de desmama e demais características presentes no processo de seleção na raça Nelore.

2. REVISÃO DA LITERATURA

2.1. Indicadores de produtividade de vacas de corte

A produtividade das vacas possui determinação multifatorial e segundo Azevedo et al. (2005), os critérios para a avaliação das fêmeas devem ser capazes de analisar o desempenho reprodutivo e a habilidade materna refletida no peso dos bezerros ao desmame.

Ante ao reinício da atividade reprodutiva, fator predisponente à produção das matrizes, é preciso que funções biológicas primárias sejam atendidas, como o metabolismo basal, locomoção, gestação e lactação, para que então possa ocorrer a manutenção correta dos ciclos estrais (SHORT e ADAMS, 1988). Fêmeas que dão início à atividade reprodutiva precocemente possibilitam maior número de nascimentos nos rebanhos, elevando os índices zootécnicos e econômicos (AZEVEDO et al., 2005).

O tamanho corporal da fêmea adulta é relacionado com os custos para manutenção, estando as vacas com maior peso, limitando o ganho econômico nas fazendas de cria, sendo também um entrave para as propriedades que realizam seleção genética (LÓPEZ DE TORRE et al., 1992). Fêmeas de maior tamanho corporal, em geral, produzem bezerros mais pesados na desmama, porém necessitam de mais recursos provindos da alimentação para a manutenção, o que pode torná-las menos eficientes quando comparadas as vacas de tamanho moderado (KRESS et al., 1990).

Segundo Davis et al. (1983) vacas com maior peso tendem a declinar de maneira mais intensa sua produtividade quando criadas em ambientes com restrição alimentar. Ainda, os mesmos autores consideraram o peso da vaca como um preditor da eficiência na desmama, onde as vacas menores foram mais viáveis por desmamarem bezerros mais pesados. Contudo, Rogers et al. (2004) relataram possível aumento dos riscos de distócias em vacas mais leves, sendo essas, retiradas do rebanho.

A produção de leite somada aos cuidados com a cria resulta na habilidade materna, característica de grande importância nas vacas de corte, e que influencia diretamente o peso dos bezerros ao desmame (MCMORRIS e WILTON, 1986). A produção total de bezerros ou o peso dos bezerros desmamados durante a vida útil das vacas é o principal indicador da eficiência produtiva (CUNDIFF et al., 1992). Segundo os autores, a medida considera as funções de sobrevivência e reprodutiva da fêmea, bem como, de sobrevivência e crescimento de sua prole.

Schwengber et al. (2001) consideraram a produtividade acumulada (PAC) como um indicador da produtividade de matrizes, em quilos (kg) de bezerros desmamados por vaca por ano. De acordo com os autores, a PAC reflete a capacidade da fêmea de iniciar a produção de bezerros a uma menor idade, sua permanência no rebanho e a aptidão em desmamar bezerros pesados.

Para Cartwright (1970) a relação entre o peso do bezerro e da vaca na desmama representa complementaridade, visto que os custos de produção são representados pelo peso da vaca e o peso do bezerro indica a produtividade final. Segundo Johnson et al. (2007), a relação entre o peso do bezerro e o peso da vaca no desmame do bezerro, é utilizada em programas de análise de desempenho como uma medida da eficiência biológica ou econômica bruta em vacas.

Mcmanus et al. (2002) utilizaram as razões entre os pesos do bezerro ao nascer e a desmama sobre o peso da vaca ao parto. Os autores relataram que tais relações avaliam apenas o peso dos animais ao nascer ou à desmama, não considerando demais aspectos econômicos. Ainda, foi sugerido pelos autores, o uso do peso metabólico da vaca, como sendo o melhor indicador econômico. Segundo Johnson et al. (2010), a utilização do peso metabólico do animal resultante do peso vivo elevado a potência de 0,75, é representa de forma mais acurada o consumo alimentar e, portanto, os custos com alimentação.

Boligon et al. (2013) analisaram quatro possíveis critérios para a seleção de fêmeas considerando relações de pesos do par vaca-bezerro ao parto e à desmama. Os autores concluíram que a relação tomada ao desmame é mais eficiente, principalmente quando considerado o peso metabólico da vaca. Em relação as razões calculadas considerando os pesos ao nascimento dos bezerros, essas deverão ser empregadas no monitoramento de partos distócicos, visto que, a seleção para maiores pesos em idades jovens, poderá ser responsável pelo aumento do peso ao nascer dos bezerros (BOLIGON et al., 2009).

2.2. Raça Nelore

A raça Nelore, denominada Ongole na Índia, seu país de origem, pertence à subespécie *Bos taurus indicus*, tendo sua formação estabelecida durante a migração indo-ariana no continente atualmente denominado Ásia (ACNB, 2019). Segundo Santiago (1987), os primeiros animais Nelore chegaram ao Brasil em 1868, quando um navio com destino à Inglaterra contendo um casal de animais, ancorou-se em Salvador.

No ano de 1878, Manoel Ubelhart Lembgruber realizou a primeira importação de bovinos Nelore, trazendo um casal de animais do zoológico de Hamburgo na Alemanha (SILVA et al., 2012). Em sequência, deu-se início a era das grandes importações, em que animais vindos da Índia foram levados aos estados do Rio de Janeiro, Minas Gerais, São Paulo e Bahia, estabelecendo-se os primeiros rebanhos da raça no país (SANTIAGO, 1987). Em 1960 e 1962 ocorreram as últimas grandes importações de origem indiana, onde foram trazidos touros considerados genearcas da raça, como Karvadi, Golias, Akasamu, Bima, Godhavari, Rastan e Tajmahal (SANTIAGO, 1987).

O Registro Genealógico da raça Nelore foi fundado em 1938, definindo-se então o padrão dos animais a serem criados em território brasileiro (ACNB, 2019). De acordo com Oliveira et al. (2002), as características adaptativas do Nelore foram fundamentais para a sua aceitação e disseminação, o que propiciou aumento na produtividade, tornando a raça competitiva em relação as demais. Segundo estimativas da ABCZ (2019), 80% dos bovinos criados no Brasil, são Nelores ou oriundos de cruzamentos com a raça, representando o equivalente a 100 milhões de animais.

Dentre as principais características da raça, a pelagem curta predominantemente branca sobre a pele preta com um elevado número de glândulas sudoríparas, proporciona aos animais resistência aos ectoparasitas e as altas temperaturas (SILVA et al., 2012). Ainda, os animais apresentam narinas dilatadas e espaçadas na cor preta, ossatura de membros robusta e

leve, orelhas curtas e simétricas, e cabeça em forma de ataúde, contendo ou não chifres (SANTIAGO, 1987).

As fêmeas Nelore são altivas, com alta habilidade materna, refletida em cuidados com a cria logo após o nascimento e ao fornecimento de leite em quantidade adequada para o desenvolvimento do bezerro, que possui a capacidade de acessar imediatamente após o parto os pequenos tetos das vacas (OLIVEIRA et al., 2002). A raça apresenta boa fertilidade e prolificidade, resultando em longevidade reprodutiva que, unida as características de adaptabilidade e habilidade materna, tornam a fêmea Nelore protagonista na bovinocultura de corte brasileira (SANTIAGO, 1987).

2.3. Inferência Bayesiana e parâmetros genéticos

O conhecimento dos componentes de (co)variância é necessário para o uso da metodologia de modelos lineares desenvolvida por Henderson (1984), que é mundialmente utilizada na área da genética quantitativa e no melhoramento animal. A resolução de múltiplas integrais na estimativa de tais componentes é dispendiosa, tornando a abordagem Bayesiana, uma alternativa (Gianola et al., 1990). De acordo com Van Tassell e Van Vleck (1996), a inferência Bayesiana utilizando o Amostrador de Gibbs (GS) tem permitido solução para múltiplos entraves na estimação dos componentes de (co)variância.

A análise Bayesiana de modelos mistos é baseada no conhecimento da distribuição dos parâmetros *a posteriori*, permitindo a construção de intervalos de credibilidade para as estimativas (SORENSEN, 1996). Utilizando as informações para os componentes de (co)variância *a posteriori*, é possível, via abordagem Bayesiana, alcançar inferência precisa sobre os parâmetros em amostras de tamanho finito (SUN et al., 1996).

Na metodologia Bayesiana, os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos para as características de interesse econômico são obtidos por meio das densidades *a posteriori*, não sendo necessário o

conhecimento prévio da distribuição inicial do parâmetro a ser estimado (FARIA et al., 2007). As densidades a *posteriori* (estimativas Bayesianas) são resultantes da combinação entre a informação a *priori* e a função de verossimilhança por meio do Teorema de Bayes, originando a distribuição a *posteriori* dos parâmetros estimados (SUN et al., 1996).

2.3.1. Herdabilidade

Fisher (1918) demonstrou que a variância total de uma variável pode ser particionada em seus componentes causais, sendo a herdabilidade, a proporção da variância fenotípica causada por diferenças genéticas entre os animais. Com isso, é possível conhecer a relação entre os valores genéticos e os fenótipos e as influências genéticas e ambientais sobre a expressão dos caracteres, prospectando o grau de facilidade ou dificuldade na obtenção de ganhos genéticos (CRUZ, 2005).

Descrita por Wright (1921), a herdabilidade é representada por h^2 no sentido restrito e H^2 no amplo. No amplo sentido, a herdabilidade é obtida através da razão da variância genotípica pela variância fenotípica, enquanto no sentido restrito, apenas a variância genética aditiva é considerada no numerador da razão. Ambas as herdabilidades são representadas seguindo as equações 1 e 2 respectivamente (FALCONER e MACKAY, 1996).

(1)

$$H^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2}$$

(2)

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$

H^2 : herdabilidade no sentido amplo; σ_G^2 : variância genotípica; h^2 : herdabilidade no sentido restrito; σ_A^2 : variância genética aditiva e σ_P^2 : variância fenotípica.

Os valores para as herdabilidades podem variar entre 0 e 1, sendo que, valores iguais ou próximos à zero indicam que a variabilidade existente para a característica não ocorre devido a fatores genéticos aditivos e sim por interferências ambientais ou efeitos genéticos não aditivos, e, portanto, não há correlação entre valores genéticos e fenotípicos. Já valores diferentes de 0 ou próximos a 1, demonstram influência genética sobre a variabilidade, indicando possibilidade de melhorias no desempenho dos animais pelo processo de seleção (ALLARD, 1971).

As predições de herdabilidade ainda quando calculadas para uma mesma característica apresentam variações, sendo essas oriundas de diferenças na população amostrada, ambientais e na metodologia empregada no processo de estimação (RAMALHO et al., 1993). Portanto, é necessária prudência ao comparar valores obtidos de pesquisas distintas.

MacNeil (2005) analisando a relação de desmama dada pela proporção do peso do bezerro aos 200 dias de idade pelo peso da vaca na desmama em bovinos mestiços ($\frac{1}{4}$ Charolês + $\frac{1}{4}$ Tarantaise + $\frac{1}{2}$ Red Angus), obteve valores de 0,20 para a herdabilidade considerando o efeito genético direto e 0,58 para o mesmo parâmetro com o efeito genético materno. Ainda, o autor encontrou estimativa de 0,10 para a herdabilidade total.

Johnson et al. (2007) encontraram valores para a herdabilidade direta da relação de desmama de 0,15, 0,03, 0,09 e 0 para as raças Angus, Hereford, Charolês e Red Poll, respectivamente. Quanto à herdabilidade materna para a relação de desmama nas mesmas raças, os autores observaram valores de 0,46, 0,56, 0,39 e 0,70, respectivamente, para as referidas raças.

Boligon et al. (2013) analisaram diferentes relações de desmama como medida da vaca sob modelo de repetibilidade em bovinos Nelore, encontrando valores de herdabilidade de 0,22 e 0,19. Segundo os autores, essa característica deve ser implementada no processo de seleção utilizando o peso vivo metabólico, sendo esse um melhor indicativo do consumo alimentar dos

animais. Ainda, deve ser considerada a informação de fêmeas que não desmamaram seus bezerros a fim de penalizar possíveis falhas reprodutivas.

Martin Nieto et al. (2017) estudando bovinos da raça Nelore, estimaram valores de 0,21 para a herdabilidade direta e 0,07, para a herdabilidade materna da relação de desmama, concluindo que o uso dessa característica permite ganhos na produtividade de matrizes.

2.3.2. Correlação

A correlação genética indica o grau de associação entre duas características, apresentando valores entre -1 e 1, onde 0 indica ausência de correlação, os extremos (1 e -1) indicam correlação genética perfeita e os demais valores de correlação podem ser classificados como de baixa, moderada ou alta magnitude (STEEL e TORRIE, 1980). A principal causa das correlações genéticas é o pleiotropismo, fenômeno biológico no qual um gene afeta dois ou mais caracteres (FALCONER e MACKAY, 1996).

Nos programas de melhoramento genético é realizada a seleção conjunta para diferentes critérios de seleção de natureza quantitativa, por isso é fundamental o conhecimento da associação genética entre eles (STEEL e TORRIE, 1980). Além disso, quando selecionadas as características de difícil ou tardia mensuração e limitadas pelo sexo, é possível utilizar as repostas correlacionadas para otimizar os ganhos genéticos (FALCONER e MACKAY, 1996).

Para o cálculo das correlações genéticas são necessários os componentes de (co)variância das características estimados através de análises de variância, aplicando-os de acordo com a equação 3 (FALCONER e MACKAY, 1996).

(3)

$$r_A = \frac{cov_{(X,Y)}}{\sqrt{var_X \times var_Y}}$$

r_A : representa a correlação genética; $cov_{(X,Y)}$: covariância entre X e Y ; var_X : variância de X e var_Y : a variância de Y .

As correlações genéticas são dependentes da população analisada e, por isso, diferentes valores podem ser encontrados demonstrando relações distintas para os mesmos critérios de seleção (CRUZ, 2005).

MacNeil (2005) utilizando informações ao longo de gerações de bovinos mestiços ($\frac{1}{4}$ Charolês + $\frac{1}{4}$ Tarantaise + $\frac{1}{2}$ Red Angus) selecionados para o aumento na relação de desmama, observou resposta correlacionada desfavorável para o efeito direto no peso ao nascer, relatando não haver vantagens no uso da relação de desmama como critério de seleção. Segundo o mesmo autor, o uso da relação de desmama tende a aumentar o peso do bezerro e reduzir o peso da vaca.

Nieto et al. 2017, analisando a relação de desmama e o peso à desmama em bovinos da raça Nelore, encontraram valores para correlação genética direta de 0,65, e de 0,92 para a correlação genética materna entre as características.

3. OBJETIVOS

3.1. Objetivo geral

Estimar os parâmetros genéticos para a característica relação de desmama a fim de subsidiar sua adoção como critério de seleção e a inclusão da mesma em índices de seleção em programas de melhoramento genético da raça Nelore.

3.2. Objetivos específicos

- Estimar a herdabilidade para a característica relação de desmama na raça Nelore através de análises bí características via inferência

Bayesiana utilizando dados de animais pertencentes ao programa Embrapa Geneplus;

- Estimar as correlações genéticas entre a relação de desmama e as seguintes características: peso ao nascer, peso aos 120 dias de idade, peso à desmama, peso ao sobreano, ganho de peso pós desmama, peso da vaca na desmama, idade ao primeiro parto, perímetro escrotal à desmama, perímetro escrotal ao sobreano, área de olho de lombo, área de olho de lombo ajustada para 450 kg, conformação frigorífica à desmama, conformação frigorífica ao sobreano, espessura de gordura subcutânea, espessura de gordura subcutânea na picanha e marmoreio.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABCZ. 2019. ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU. Raças Zebuínas. Uberaba, Brasil.

ACNB. 2019. ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE NELORE DO BRASIL. A Raça: Caracterização racial. São Paulo, Brasil.

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

AZEVÊDO, D.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.N.B.; LÔBO, R.B.; MOURA, A.A. A.N.; PIMENTA FILHO, E.C., & MALHADO, C.H.M. 2005. Produtividade acumulada (PAC) das matrizes em rebanhos Nelore do norte e nordeste do Brasil. Embrapa Caprinos e Ovinos - Artigo em periódico indexado (ALICE).

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G. de; MERCADANTE, M.E.Z.; LOBO, R.B. 2009. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. Revista Brasileira de Zootecnia, 38, 2320-2326.

BOLIGON, A.A.; SALA, V.E.; MERCADANTE, M.E.Z.; RIBEIRO, E.G.; CYRILLO, J.N.S.G.; ALBUQUERQUE, L.G. 2013. Parâmetros genéticos para diferentes relações de peso ao nascer e a desmama em vacas da raça Nelore. Ciência Rural, 43, 676-681.

CARTWRIGHT, T. C. 1970. Selection criteria for beef cattle for the future. Journal of Animal Science, 30, 706–711.

CRUZ CD. 2005. Princípios de genética quantitativa. Viçosa: UFV, 394p.

CUNDIFF, L.V.; NÚÑEZ-DOMINGUEZ, R.; DICKERSON, G.E.; GREGORY, K.E.; KOCH, R.M. 1992. Heterosis for lifetime production in Hereford, Angus, Shorthorn and crossbred cows. *Journal of Animal Science*, 70, 2397–2410.

CUNNINGHAM, E. P. 1974. Breeding goals for beef cattle. *Annales de génétique et de sélection animale*, 6, 219–226.

DAVIS, M., J. RUTLEDGE, L. CUNDIFF, AND E. HAUSER. 1983. LIFE CYCLE EFFICIENCY OF BEEF PRODUCTION: II. Relationship of cow efficiency ratios to traits of the dam and progeny weaned. *Journal of Animal Science*, 57, 852–866.

DINKEL, C.A.; M.A., BROWN. 1978. An Evaluation of the Ratio of Calf Weight to Cow Weight as an Indicator of Cow Efficiency, *Journal of Animal Science*, 46, 614–617.

FALCONER, D.S. e MACKAY, T.F.C. Introduction to quantitative genetics. 4^a ed. New York: Longman Scientific & Technical, 1996.

FARIA, C.U. DE; MAGNABOSCO, C. DE U.; REYES, A. DE LOS; LÔBO, R.B.; & BEZERRA, L.A.F. 2007. Inferência Bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: Revisão Bibliográfica. *Ciência Animal Brasileira*, 8, 75-86.

FISHER R. 1918. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *Transactions of Royal Society of Edinburgh*, 52, 399–433.

JOHNSON, Z.B.; BROWN, H.A.; DEWEY, S.T.A. 2007. Comparison of weaning ratio in five breeds of cattle. *Arkansas Agricultural Experiment Station Research Series*, 553, 10-12.

JOHNSON, J. J., DUNN, B. H., RADAKOVICH, J. D. 2010 Understanding cow size and efficiency. Beef Improvement Federation Symposium, 42, 62–70.

KRESS, D.D., ANDERSON, D.C., STEVENS, J.D., MILLER, E.T., HIRSCH, T.S., SPRINKLE, J.E., DAVIS, K.C., BOSS, D.L., BAILEY, D.W., ANSOTEGUI, R.P. 2001. Calf weight/cow weight ratio at weaning as a predictor of beef cow efficiency. In: PROCEEDINGS-AMERICAN SOCIETY OF ANIMAL SCIENCE WESTERN SECTION, 52, 130–132.

KRESS, D.D.; DOORNBOS, D.E.; ANDERSON, D.C. 1990. Performance of crosses among Hereford, Angus and Simmental cattle with different levels of Simmental breeding: V. Calf production, milk production and reproduction of three-to eight- years-old dams. Journal of Animal Science, 68, 1910-1921.

LÓPEZ DE TORRE, G.; CANDOTTI, J.J.; REVERTER, A.; BELLIDO, M.M.; VASCO, P.; GARCÍA, L.J. & BRINKS J.S. 1992. Effects of growth curve parameters on cow efficiency. Journal of Animal Science, 70, 2668-2672.

McMANUS, C.; SAUERESSING, M.G.; FALCÃO, R.A.; SERRANO, G.; MARCELINO, K.R.A.; PALUDO, G.R. 2002. Componentes reprodutivos e produtivos no rebanho de corte da Embrapa Cerrados. Revista Brasileira de Zootecnia, Viçosa, v. 31, n. 2, p. 648-657.

McMORRIS, M.R. & WILTON, J.W. 1986. Breeding system, cow weight and milk yield effects on various biological variables in beef production. Journal of Animal Science, 63, 1361-1372.

MACNEIL, M.D. 2005. Genetic evaluation of the ratio of calf weaning weight to cow weight. Journal of Animal Science, 83, 794- 802.

NIETO, L.M.; SILVA, L.O.C.; MENEZES, G.R.O.; ROSA, A.N.F. 2017. Avaliação da característica “relação de desmama” como potencial critério de

seleção para o melhoramento genético da raça Nelore. XII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, SP, Ribeirão Preto, SP, 12 jun.

OLIVEIRA, J.H.F.; MAGNABOSCO, C.U.; BORGES, A.M.S.M. 2002. Nelore: base genética e evolução seletiva no Brasil. Planaltina: EMBRAPA Cerrados.

PEREIRA, J. C. C. 2004. Melhoramento genético aplicado à produção animal (p. 609p). 4. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora.

RAHNEFELD, G.W.; WEISS, G.M.; WARD, D. 1993. A comparison of methods to evaluate beef cow productivity. Canadian Journal Animal Science, 73, 971-975.

RAMALHO, M.A.P; SANTOS J.B; ZIMMERMAN, M.J.O. 1993. Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: Editora UFG, 271p.

ROGERS, P.L.; GASKINS C.T.; JOHNSON K.A.; AND M. D. MACNEIL. 2004. Evaluating longevity of composite beef females using survival analysis techniques. Journal of Animal Science, 82, 860–866.

SANTIAGO, A. A. 1987. A raça Nelore. In: GADO NELORE: 100 ANOS DE SELEÇÃO, São Paulo: Ed. dos Criadores, 594p.

SCHWENGBER, E.B.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. 2001. Produtividade acumulada como critério de seleção em fêmeas da raça Nelore. Ciência Rural, 31, 483-486.

SILVA, M.C.; BOAVENTURA, V.M.; FIORAVANTI, M.C.S. 2012. Dossiê Pecuária: História do povoamento bovino no Brasil Central. Revista UFG, Goiânia: UFG, ano. XIII, n. 13, p. 34–41.

SHORT, R.E.; ADAMS, D.C. 1988. Nutritional and hormonal interrelationships in beef cattle reproduction. *Canadian Journal Animal Science*, 68, 29-42.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. 1980. Principles and procedures of statistics. 2a ed. New York: McGraw-Hill Book Company; 633p.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. 1995. A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance components estimation (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 86p.

WRIGHT, S. 1921. Correlation and causation. *Journal of Agricultural Research*. 20, 557-585.

CAPÍTULO 2 – PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A RELAÇÃO DE DESMAMA EM BOVINOS NELORE

André Luis Romeiro de Lima¹ | André Luiz Julien Ferraz¹ | Andrea Gondo² | Raphael Rodrigues Katsuragi³ | Gustavo Garcia Santiago³ | Roberto Augusto de Almeida Torres Junior² | Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes²

¹Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Aquidauana Brasil.

²Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, Brasil.

³Programa de Melhoramento Genético Embrapa Geneplus, Campo Grande, Brasil.

Autor Correspondente

André Luis Romeiro de Lima, Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Aquidauana Brasil.

E-mail: alrl_andre@hotmail.com

ABSTRACT

A razão entre o peso do bezerro e o da vaca no momento do desmame, é utilizada como medida de eficiência, visando identificar fêmeas geneticamente superiores, aumentando a produtividade na pecuária de corte. Nesse estudo, o objetivo foi estimar os parâmetros genéticos para a relação de desmama (RD) como medida do bezerro, a fim de verificar suas associações com demais características utilizadas no processo de seleção da raça Nelore. Os dados utilizados foram disponibilizados pelo Programa Embrapa de Melhoramento Genético de Gado de Corte – Geneplus, com forte atuação no Brasil. Em conjunto com a RD, foram avaliadas características de desempenho ponderal, reprodutivas e de carcaça medidas por ultrassonografia. Para a estimativa dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, foram realizadas análises bi características, sob modelo animal via inferência Bayesiana. A relação de desmama apresentou associação genética positiva com características de desempenho ponderal mensuradas do nascimento ao desmame, porém, negativas com as características tomadas após o desmame e em idade adulta. Correlações favoráveis foram observadas para RD e características de carcaça e reprodutivas. De modo geral, a inclusão da RD no processo de seleção da raça Nelore, poderá promover ganhos genéticos correlacionados nas características de carcaça, reprodutivas e de desempenho do nascimento ao desmame. Contudo, deve haver redução do peso a idade adulta dos animais com maiores valores de RD.

KEYWORDS

relação de desmama, correlação genética, herdabilidade, ganho de peso, reprodução, carcaça

1. Introdução

A lucratividade da pecuária de corte em seus diferentes sistemas de produção, está diretamente relacionada a produtividade das vacas, tornando importante a identificação de matrizes geneticamente superiores. Segundo Schwengber et al. (2001), é necessário determinar os fatores interferentes no desempenho das vacas e sua importância, a fim de se estabelecer um critério ideal para a seleção. De modo geral, a avaliação da produtividade de matrizes deve considerar os aspectos reprodutivos, o peso à idade adulta e o desenvolvimento do bezerro.

Cunningham (1974) e Kress et al. (2001) consideraram a razão entre o peso do bezerro e o da vaca no desmame, um indicador preciso da eficiência biológica do par vaca-bezerro. De acordo com os autores, o peso da vaca reflete os custos de manutenção, enquanto o peso do bezerro, o retorno em produtividade. De acordo com Mcmanus et al. (2002), vacas maiores desmamam bezerros mais pesados, porém podem não ser as mais eficientes devido ao maior consumo alimentar quando comparadas as vacas menores.

A relação de desmama adotada no processo de seleção da raça Nelore no Brasil pelo Programa Embrapa de Melhoramento Genético – Geneplus, como uma medida de desempenho das vacas na fase de cria, é calculada pela razão entre o peso do bezerro e o da vaca na desmama multiplicada por cem (Nieto et al., 2017). Pesquisas realizadas por MacNeil (2005), Johnson et al. (2007), Boligon et al. (2013) e Nieto et al. (2017), estimaram os parâmetros genéticos para a relação de desmama considerando diferentes modelos, a fim de avaliar o potencial de resposta à seleção para a característica. Boligon et al. (2013) consideraram a relação de desmama como característica da vaca em um modelo de repetibilidade, enquanto que, para MacNeil (2005), Johnson et al. (2007) e Nieto et al. (2017), a medida foi do bezerro aplicada sob modelo animal convencional.

Apesar dos relatos anteriores, não há na literatura, pesquisas apresentando as correlações genéticas para a relação de desmama e demais características, como as ligadas à reprodução e qualidade da carcaça, também utilizadas nos

programas de melhoramento genético de gado de corte. Tais correlações, além de permitirem a utilização da relação de desmama em índices de seleção (Hazel, 1943), trazem segurança ao uso da característica no processo de seleção. Por tanto, o objetivo no presente estudo foi avaliar o potencial da característica relação de desmama como medida do bezerro, através das estimativas de herdabilidade e correlações genéticas com as demais características utilizadas no melhoramento genético da raça Nelore.

2. Material e Métodos

2.1. Base de dados e características

Os dados fenotípicos e de pedigree foram disponibilizados pelo Programa Embrapa Geneplus para animais da raça Nelore distribuídos por todo o território brasileiro. Foram analisadas em conjunto com a relação de desmama ($RD\%$), características de desenvolvimento ponderal: peso ao nascer (PN_{kg}), peso ajustado aos 120 dias ($P120_{kg}$), peso ao desmame ajustado para 240 dias (PD_{kg}), ganho de peso pós desmame (GPD_{kg}), peso ao sobreano ajustado para 485 dias (PS_{kg}), peso da vaca na desmama (PVD_{kg}), características reprodutivas: idade ao primeiro parto (IPP_{dias}), perímetro escrotal ao desmame (PED_{cm}) e ao sobreano (PS_{cm}), e características de carcaça: área de olho de lombo (AOL_{cm^2}), área de olho de lombo ajustada para 450 kg ($AOL450_{cm^2}$), conformação frigorífica ao desmame (CFD_{1-6}) e ao sobreano (CFS_{1-6}), espessura de gordura subcutânea (EGS_{mm}), espessura de gordura subcutânea na garupa ($EGSP8_{mm}$) e marmoreio ($MAR\%$).

A RD foi obtida através da razão entre o peso do bezerro e o peso da vaca na desmama, multiplicada por cem (Equação 1):

(1)

$$RD = \frac{PD}{PVD} \times 100$$

onde RD é a relação de desmama, PD é o peso do bezerro à desmama não ajustado para a idade, e PVD o peso da vaca na desmama.

O GPD foi calculado seguindo a Equação 2:

(2)

$$GPD = \frac{PS - PD}{dtPS - dtPD}$$

onde GPD é o ganho de peso pós desmama, PD o peso do bezerro à desmama, PS o peso ao sobreano, $dtPD$ a data de tomada da medida do peso à desmama e $dtPS$ a data de tomada da medida do peso ao sobreano.

As características CFD e CFS foram obtidas por avaliações visuais dos animais com atribuição de nota variando entre 1 e 6. Durante a avaliação para a conformação frigorífica são analisados o desenvolvimento corporal e muscular dos animais, junto ao acabamento e precocidade, refletida pela relação entre a profundidade de costelas e comprimento dos membros anteriores. As características AOL, EGS e MAR foram mensuradas por ultrassonografia de carcaça, realizadas entre a 12ª e 13ª costelas no músculo *Longissimus dorsi*, enquanto que, para EGSP8, a mensuração foi feita na região da garupa. A AOL450 foi calculada seguindo o ajuste na medida de AOL proposto por Marestone et al. 2022, de acordo coma equação abaixo:

(3)

$$AOL450 = AOL \times \left(\sqrt[3]{\frac{450}{PCU}} \right)^2$$

onde $AOL450$ é a área de olho de lombo ajustada, AOL a área de olho de lombo mensurada no animal e PCU o peso do animal na data da ultrassonografia.

Nas análises de limpeza e consistência dos dados foram considerados fenótipos no intervalo de ± 3 desvios padrão em relação à média do grupo de contemporâneos. Grupos de contemporâneos com menos de 5 animais foram

excluídos. O arquivo genealógico continha, inicialmente, dados de 2.104.030 animais. Para as análises bi características, foram formados arquivos de pedigree considerando apenas a genealogia dos animais com fenótipos em ambas as características do par analisado. Na Tabela 1 são apresentados o número total de animais por sexo e a estatística descritiva para as características estudadas.

TABELA 1 Estatística descritiva.

Característica	N			Média ± DP	Mín	Máx
	Machos	Fêmeas	Total			
RD _%	71955	74028	145983	45,24 ± 7,62	21,85	70,98
PN _{kg}	46521	48076	94597	33,39 ± 3,96	21,00	43,00
P120 _{kg}	50004	50826	100830	132,37 ± 19,89	63,13	201,23
PD _{kg}	71955	74028	145983	212,80 ± 34,08	98,50	324,80
GPD _{kg}	47148	50156	97304	0,36 ± 0,19	-0,62	1,39
PS _{kg}	47758	50707	98465	305,40 ± 61,61	120,20	541,70
PVD _{kg}	-	17306	17306	469,00 ± 63,56	245,00	772,00
IPP _{dias}	-	25689	25689	1098,00 ± 147,39	780,00	1620,00
PED _{cm}	35202	-	35202	18,22 ± 1,73	13,00	23,50
PES _{cm}	39012	-	39012	26,18 ± 3,93	13,00	38,50
AOL _{cm²}	12525	10895	23420	55,21 ± 11,69	21,27	96,24
AOL450 _{cm²}	12376	10866	23242	65,48 ± 8,61	39,32	93,09
CFD ₁₋₆	56691	58038	114729	3,74 ± 1,29	1,00	6,00
CFS ₁₋₆	30865	31676	62541	3,66 ± 1,24	1,00	6,00
EGS _{mm}	12180	10718	22898	2,55 ± 1,06	0,37	8,08
EGSP8 _{mm}	2739	2801	5540	4,94 ± 2,36	0,86	15,07
MAR _%	11141	9375	20516	2,17 ± 0,79	0,14	4,77

Abreviações: N: número de indivíduos; Máx, máximo; Mín, mínimo; DP, desvio padrão; RD_%, relação de desmama; PD_{kg}, peso à desmama; PN_{kg}, peso ao nascer; P120_{kg}, peso aos 120 dias de idade; PS_{kg}, peso ao sobreano; PVD_{kg}, peso da vaca na desmama; GPD_{kg}, ganho de peso pós desmama; PED_{cm}, perímetro escrotal à desmama; PES_{cm}, perímetro escrotal ao sobreano; CFD₁₋₆, conformação frigorífica à desmama; CFS₁₋₆, conformação frigorífica ao sobreano; IPP_{dias}, idade ao primeiro parto; EGS_{mm}, espessura de gordura subcutânea; EGSP8_{mm}, espessura de gordura na garupa; AOL_{cm²}, área de olho de lombo; AOL450_{cm²}, área de olho de lombo 450; MAR_%, marmoreio.

2.2. Análises estatísticas

A RD como medida do bezerro, foi utilizada em análises bi características sob o modelo animal e abordagem bayesiana, seguindo o modelo abaixo:

$$y = X_b + Z_a + W_m + S_{amp} + e$$

onde y é o vetor de fenótipos para as características, b o vetor de soluções para os efeitos sistemáticos, a o vetor dos efeitos aleatórios genético aditivo direto, m o vetor dos efeitos aleatórios genético aditivo materno, amp o vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno, e o vetor de efeitos residuais, X , Z , W , S , as matrizes de incidência relacionando os efeitos aos fenótipos. Foram consideradas covariâncias entre os efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno para as características mensuradas até o desmame, e covariâncias residuais entre todas as características. Nas características mensuradas após o desmame, somente os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual foram considerados.

O efeito sistemático do grupo de contemporâneos foi adotado para todas as características, considerando informações de fazenda de nascimento, rebanho, data da medida do fenótipo, sexo e regime alimentar. Como efeitos sistemáticos, ainda foram adotadas a covariável do efeito linear da idade do animal na data da coleta do fenótipo aninhado ao grupo de contemporâneos para todos os critérios analisados (exceto para IPP), e a covariável classe da idade da vaca ao parto para características mensuradas até a desmama.

Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados por meio de inferência Bayesiana através do algoritmo *Gibbs sampling* implementado no software GIBBS2F90 (Misztal et al., 2016). Um total de 400.000 Cadeias de *Markov* via simulação Monte Carlo (MCMC) foram geradas com um *burn-in* de 100.000 (descarte de cadeias) e um intervalo de amostragem (“*thin*”) de 10, resultando em uma cadeia efetiva contendo 30.000 amostras para a obtenção das médias das distribuições a *posteriori* dos componentes de (co)variâncias e dos parâmetros genéticos. O desvio padrão a *posteriori* (DPP) e os intervalos de

credibilidade a *posteriori* (HPD_{95%}) também foram calculados considerando as amostras efetivas.

A RD analisada no presente estudo é utilizada pelo Programa Embrapa Geneplus, e, de forma particular, considera na predição dos valores genéticos, todo o efeito genético aditivo materno e metade do efeito genético aditivo direto, representando a contribuição da vaca para a característica. Portanto, estes efeitos em suas devidas proporções, foram computados na estimativa da herdabilidade total da RD, seguindo a Equação 5. Para as demais características mensuradas antes e durante a fase de desmama (PN, P120, PD, PED, CFD), a Equação 6 foi adotada na obtenção das herdabilidades, enquanto que, para as características mensuradas na fase de sobreano (GPD, PS, PVD, PES, IPP, CFS, AOL, AOL₄₅₀, EGS, EGSP8 e MAR), a herdabilidade foi calculada de forma tradicional (Equação 7).

(5)

$$h^2 = \frac{\frac{1}{4}\sigma_a^2 + COV_{(a,m)} + \sigma_m^2}{\sigma_a^2 + COV_{(a,m)} + \sigma_m^2 + \sigma_{amp}^2 + \sigma_r^2}$$

(6)

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + COV_{(a,m)} + \sigma_m^2 + \sigma_{amp}^2 + \sigma_r^2}$$

(7)

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_r^2}$$

onde h^2 representa a herdabilidade, σ_a^2 a variância do efeito genético aditivo direto, σ_m^2 a variância do efeito genético aditivo materno, $COV_{(a,m)}$ a covariância entre os efeitos genéticos aditivo direto e materno, σ_{amp}^2 a variância do efeito de ambiente permanente materno e σ_r^2 a variância residual.

As correlações genéticas consideraram a covariância entre metade do efeito genético aditivo direto e o efeito genético aditivo materno para RD, com o efeito genético aditivo direto para as demais características, seguindo a Equação 8:

(8)

$$r_{g_{RD,x}} = \frac{\frac{1}{2} \times COV_{(a_{RD}, a_x)} + COV_{(m_{RD}, a_x)}}{\sqrt{\frac{1}{4} \sigma_{a_{RD}}^2 + \sigma_{m_{RD}}^2 + COV_{(a_{RD}, m_{RD})}} \times \sqrt{\sigma_{a_x}^2}}$$

onde $r_{g_{RD,x}}$ representa a correlação genética entre RD e x , sendo RD a relação de desmama e x outra característica do par em análise, $COV_{(a_{RD}, a_x)}$ a covariância entre os efeitos genéticos aditivos diretos de RD e x , $COV_{(m_{RD}, a_x)}$ a covariância entre os efeitos genéticos aditivos materno de RD e direto de x , $\sigma_{a_x}^2$ a variância do efeito genético aditivo direto de x , $\sigma_{a_{RD}}^2$ a variância do efeito genético aditivo direto de RD , $\sigma_{m_{RD}}^2$ a variância do efeito genético aditivo materno de RD e $COV_{(a_{RD}, m_{RD})}$ a covariância entre os efeitos genéticos aditivos materno e direto de RD .

A convergência das cadeias MCMC foi verificada considerando o erro de Monte Carlo (<0,01) através do *software* POSTGIBBSF90 (Misztal et al., 2016) e por inspeção visual das cadeias.

3. Resultados

Todos os componentes de (co)variância estimados nas análises atingiram convergência considerando os critérios adotados.

3.1. Relação de desmama e características de desempenho ponderal

As herdabilidades para as características mensuradas do nascimento ao desmame dos animais, incluindo GPD, foram moderadas, variando entre 0,22 e 0,28 (Tabela 2). PS e PVD apresentaram altos valores de herdabilidade, 0,40 e 0,59 respectivamente. A RD apresentou correlação genética positiva de baixa magnitude com PN, P120 e PD (Tabela 2). Para as características PS e PVD, as correlações

com RD foram negativas de alta magnitude (Tabela 2), sendo o antagonismo encontrado também para GPD, porém, com baixa magnitude (-0,17).

TABELA 1 Médias *a posteriori*, desvios padrão *a posteriori* (DPP - sobrescrito entre parênteses) e intervalo de credibilidade a 95% (HPD_{95%} - abaixo da estimativa entre parênteses) dos parâmetros genéticos estimados para relação de desmama e características de desempenho ponderal.

Característica	h^2	$rg \times RD$
	Média ^(DPP) (HPD _{95%})	Média ^(DPP) (HPD _{95%})
RD _%	0,25 ^(0,01) (0,23, 0,28)	-
PN _{kg}	0,24 ^(0,01) (0,22, 0,27)	0,20 ^(0,03) (0,14, 0,25)
P120 _{kg}	0,27 ^(0,01) (0,24, 0,30)	0,23 ^(0,03) (0,18, 0,28)
PD _{kg}	0,28 ^(0,01) (0,26, 0,30)	0,30 ^(0,02) (0,26, 0,35)
GPD _{kg}	0,22 ^(0,01) (0,21, 0,24)	-0,59 ^(0,02) (-0,63, -0,55)
PS _{kg}	0,40 ^(0,01) (0,38, 0,42)	-0,17 ^(0,02) (-0,21, -0,12)
PVD _{kg}	0,59 ^(0,02) (0,55, 0,63)	-0,98 ^(0,01) (-1,00, -0,97)

Abreviações: h^2 , herdabilidade; $rg \times RD$, correlação genética com relação de desmama; RD_%, relação de desmama; PN_{kg}, peso ao nascer; P120_{kg}, peso aos 120 dias de idade; PD_{kg}, peso à desmama ajustado aos 240 dias; PS_{kg}, peso ao sobreano ajustado aos 485 dias; GPD_{kg}, ganho de peso pós desmama; PVD_{kg}, peso da vaca na desmama.

3.2. Relação de desmama e características reprodutivas

Para as características reprodutivas, os valores de herdabilidade variaram entre 0,13 e 0,45 (Tabela 3). As correlações genéticas com RD foram positivas para PED e PES, sendo que PED, apresentou menor valor de correlação (0,13) quando comparado com PES (0,29). A IPP apresentou correlação genética negativa favorável com a RD (-0,39).

TABELA 2 Médias *a posteriori*, desvios padrão *a posteriori* (DPP - sobrescrito entre parênteses) e intervalo de credibilidade a 95% (HPD_{95%} - abaixo da estimativa entre parênteses) dos parâmetros genéticos estimados para relação de desmama e características reprodutivas.

	h^2	$rg \times RD$
Característica	Média ^(DPP) (HPD _{95%})	Média ^(DPP) (HPD _{95%})
IPP _{dias}	0,13 ^(0,02) (0,10, 0,17)	-0,39 ^(0,07) (-0,52, -0,25)
PED _{cm}	0,23 ^(0,02) (0,19, 0,26)	0,13 ^(0,06) (0,02, 0,26)
PES _{cm}	0,45 ^(0,02) (0,41, 0,49)	0,29 ^(0,03) (0,23, 0,36)

Abreviações: h^2 , herdabilidade; $rg \times RD\%$, correlação genética com relação de desmama; IPP_{dias}, idade ao primeiro parto; PED_{cm}, perímetro escrotal à desmama; PES_{cm}, perímetro escrotal ao sobreano.

3.3. Relação de desmama e características de carcaça

Para as características mensuradas por ultrassonografia de carcaça, as herdabilidades variaram entre 0,19 e 0,40 (Tabela 4). A herdabilidade para AOL₄₅₀ foi levemente superior (0,38) quando comparada a AOL (0,34). Para CFD, a herdabilidade foi inferior (0,17) ao valor do mesmo parâmetro para CFS (0,24). De modo geral, a RD apresentou correlações genéticas positivas de baixa magnitude com as características de carcaça (Tabela 4). Para AOL, o valor de correlação com RD foi menor, quando comparada com AOL₄₅₀ (Tabela 4). A correlação entre CFD e RD foi 0,21, enquanto que, para CFS a correlação foi nula (0,00), similar ao valor encontrado para MAR (Tabela 4). Correlações similares foram encontradas entre a RD e as características EGS e EGSP8 (Tabela 4).

TABELA 3 Médias *a posteriori*, desvios padrão *a posteriori* (DPP - sobrescrito entre parênteses) e intervalo de credibilidade a 95% (HPD_{95%} - abaixo da estimativa entre parênteses) dos parâmetros genéticos estimados para relação de desmama e características de carcaça.

	h^2	$rg \times RD$
Característica	Média ^(DPP) (HPD _{95%})	Média ^(DPP) (HPD _{95%})
AOL _{cm²}	0,34 ^(0,02) (0,30, 0,38)	0,08 ^(0,05) (-0,01, 0,17)
AOL450 _{cm²}	0,38 ^(0,02) (0,34, 0,42)	0,22 ^(0,04) (0,14, 0,31)
CFD ₁₋₆	0,17 ^(0,01) (0,15, 0,19)	0,21 ^(0,03) (0,15, 0,28)
CFS ₁₋₆	0,24 ^(0,01) (0,22, 0,26)	0,00 ^(0,03) (-0,06, 0,07)
EGS _{mm}	0,19 ^(0,02) (0,16, 0,22)	0,14 ^(0,05) (0,03, 0,25)
EGSP8 _{mm}	0,29 ^(0,04) (0,21, 0,38)	0,15 ^(0,11) (-0,07, 0,35)
MAR _%	0,40 ^(0,02) (0,36, 0,44)	0,01 ^(0,04) (-0,08, 0,10)

Abreviações: h^2 , herdabilidade; $rg \times RD$, correlação genética com relação de desmama; AOL_{cm²}, área de olho de lombo; AOL450_{cm²}, área de olho de lombo ajustada para 450 kg; CFD₁₋₆, conformação frigorífica à desmama; CFS₁₋₆, conformação frigorífica ao sobreano; EGS_{mm}, espessura de gordura subcutânea; EGSP8_{mm}, espessura de gordura na garupa; MAR_%, marmoreio.

4. Discussão

Não são apresentadas na literatura, herdabilidades e correlações genéticas para a RD, considerando os efeitos genéticos direto e materno como relatado no presente estudo. A herdabilidade para a RD foi moderada (0,25), indicando possibilidade de ganho genético na raça Nelore. Nieto et al. (2017), encontraram valores de 0,21 e 0,27 para as herdabilidades direta e materna da RD. Ainda, os autores concluíram que a RD poderia ser utilizada no processo de seleção, porém, o progresso genético seria lento. MacNeil (2005) encontrou valores de herdabilidade direta e materna de 0,27 e 0,58 respectivamente. Segundo o autor, o valor para a herdabilidade total da característica, calculada segundo Willham (1972), foi de 0,10,

sendo resultado do forte antagonismo entre os efeitos genético direto e materno para a RD (-0,77).

A RD apresentou correlação genética positiva de magnitude moderada com todas as características mensuradas antes da desmama (Tabela 2). Essa associação era esperada pelo fato de que, nesta fase, o efeito materno ainda está presente. Para as características mensuradas após o desmame incluindo GPD, as correlações foram negativas de baixa e alta magnitude (Tabela 2). Na fase de sobreano, o efeito materno, que foi definido historicamente como a influência do ambiente fornecido pela vaca no fenótipo de sua progênie (Willham, 1972), já não está interferindo, e, portanto, não contribui para a relação entre a RD e as características mensuradas nessa fase. Para PVD, a correlação com a RD foi negativa de alta magnitude (-0,98), indicando que a seleção para maiores valores de relação de desmama irá reduzir o peso adulto das vacas. Ainda, a característica PVD está presente no cálculo da RD, o que contribui para a forte correlação genética. MacNeil (2005) concluiu que o uso da RD tende a aumentar o peso do bezerro ao desmame e reduzir o peso das matrizes, o que está de acordo com o antagonismo observado no presente estudo.

As correlações entre a RD e as características reprodutivas foram favoráveis, sendo positivas de baixa magnitude com PED (0,13) e PES (0,29), e negativa com magnitude moderada para IPP (-0,39). Os resultados de correlação para as medidas de perímetro escrotal não eram esperados no presente estudo. O efeito materno considerado na RD, também estava presente no PED, característica que apresentou menor valor de correlação quando comparada a PES, sendo esta, mensurada ao sobreano. A associação entre RD e IPP demonstrou a redução da idade ao primeiro parto nos animais com maiores valores de relação de desmama. A IPP apresentou menor valor de herdabilidade quando comparada com PED e PES (Tabela 2), o que indica a existência de maior influência do ambiente na característica (Falconer e MacKay, 1996).

De modo geral, as correlações entre a RD e as características de carcaça foram positivas de baixa magnitude (Tabela 4). Para AOL, CFS e MAR, os valores foram próximos de 0. A correlação entre RD e CFD, característica também

mensurada no desmame, foi 0,21, indicando influência do mesmo grupo de genes sobre as características. Para EGS e EGSP8, as correlações foram similares, 0,14 e 0,15 respectivamente. As herdabilidades para as características de carcaça variaram entre 0,17 e 0,40 (Tabela 4).

5. Conclusão

A relação de desmama apresenta associação genética positiva com características de desempenho ponderal mensuradas do nascimento ao desmame, características reprodutivas e de carcaça medidas por ultrassonografia. Contudo, seu uso como critério de seleção, deve reduzir o peso à idade adulta dos animais, como resultado do antagonismo genético com características de desempenho ponderal mensuradas após a fase de desmame.

A adoção da relação de desmama na raça Nelore deve promover ganhos correlacionados para as características reprodutivas e de carcaça, além de promover progresso genético para o desenvolvimento dos animais até o desmame.

CONFLITO DE INTERESSES

Os autores declaram não terem interesses conflitantes.

DECLARAÇÃO DE DISPONIBILIDADE DE DADOS

Os dados que suportam o resultado deste estudo estão apresentados no artigo.

ORCID

André Luis Romeiro de Lima - <https://orcid.org/0000-0003-0246-2260>

André Luiz Julien Ferraz - <https://orcid.org/0000-0002-0538-2867>

Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes - <https://orcid.org/0000-0002-2221-1525>

Andrea Gondo

Raphael Rodrigues Katsuragi

Gustavo Garcia Santiago

Roberto Augusto de Almeida Torres Junior

REFERÊNCIAS

Boligon, A. A., Sala, V. E., Mercadante, M. E. Z., Ribeiro, E. G., Cyrillo, J. N. S. G., Albuquerque, L. G. (2013). Parâmetros genéticos para diferentes relações de peso ao nascer e a desmama em vacas da raça Nelore. *Ciência Rural*, 43, 676-681.

Cunningham, E. P. (1974). Breeding goals for beef cattle. *Annales de génétique et de sélection animale*, 6, 219–226.

Falconer, D. S., Mackay, T. F. C. (1996). Introduction to quantitative genetics. Essex: Longman, 464p.

Hazel, L.N. (1943). The Genetic Basis for Constructing Selection Indexes. *Genetics* 28, 476–490.

Johnson, Z. B., Brown, H. A., Dewey, S.T.A. (2007). Comparison of weaning ratio in five breeds of cattle. *Arkansas Agricultural Experiment Station Research*, 553, 10-12.

Kress, D. D., Anderson, D. C., Stevens, J. D., Miller, E. T., Hirsch, T. S., Sprinkle, J. E., Davis, K. C., Boss, D. L., Bailey, D. W., Ansotegui, R. P. 2001. Calf weight/cow weight ratio at weaning as a predictor of beef cow efficiency. In: *Proceedings-American Society of Animal Science Western Section*, 52, 130–132.

Mcmanus, C, Saueressig, M. G., Falcão, R. A., Serrano, G., Marcelino, K. R. A., Paludo, G. R. (2002). Componentes reprodutivos e produtivos no rebanho de corte da Embrapa Cerrados. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 31, 648-57.

Macneil, M. D. (2005). Genetic evaluation of the ratio of calf weaning weight to cow weight. *Journal of Animal Science*, 83, 794- 802.

Marestone, B.S., Torres Junior, R.A.A., Silva, L.O.C., Menezes, G.R.O, Muniz, C.A.S.D., Ribeiro, E.L.A. (2022). Genetic parameters for traditional and novel ultrasound carcass traits in Nelore cattle. *Tropical Animal Health and Production* 54, 34.

Misztal, I., Tsuruta, S., lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. (2016). *Manual for BLUPF90 family of programs*. University of Georgia.

Nieto, L. M., Silva, L. O. C., Menezes, G.R.O., Rosa, A.N.F. (2017). Avaliação da característica “relação de desmama” como potencial critério de seleção para o melhoramento genético da raça Nelore. *XII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal*, SP, Ribeirão Preto.

Willham, R.L. 1972. The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. *Journal of Animal Science*, 35, 1288–1293.

CAPÍTULO 3 – CONSIDERAÇÕES FINAIS

No presente estudo, foi possível compreender as associações genéticas da relação de desmama e demais características na raça Nelore. Contudo, suas correlações foram analisadas de forma particular, considerando efeitos genéticos específicos, e, portanto, tais valores não podem ser extrapolados para outras populações, nem mesmo raças.

Pesquisas deverão ser desenvolvidas a fim de esclarecer a relação de desmama e suas particularidades, além de demonstrar suas associações com demais critérios de seleção adotados em diferentes raças de bovinos de corte.

ANEXO I – NORMAS PARA PUBLICAÇÃO NA REVISTA *JOURNAL OF ANIMAL BREEDING AND GENETICS*



Link para acesso as normas de publicação da revista:

<https://onlinelibrary.wiley.com/page/journal/14390388/homepage/forauthors.html>
!

Artigo modelo utilizado para formatação inicial:

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jbg.12551>

ANEXO II – ANÁLISE GRÁFICA DAS CADEIAS DE MARKOV E DISTRIBUIÇÕES A *POSTERIORI* DOS COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA ESTIMADOS ATRAVÉS DE INFERÊNCIA BAYESIANA VIA AMOSTRADOR DE GIBS.

Relação de desmama (RD%) e peso à desmama (PD_{kg}).

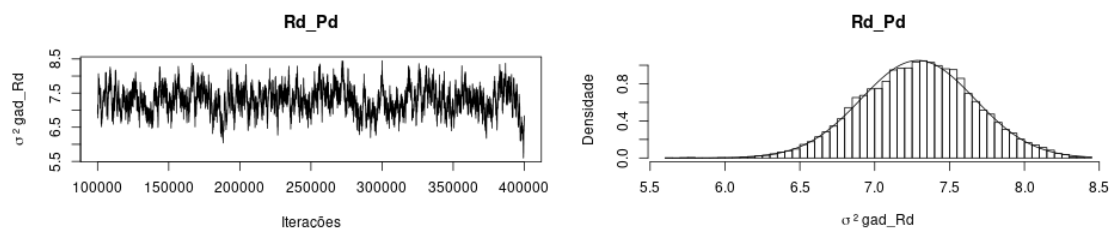


Figura 1. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

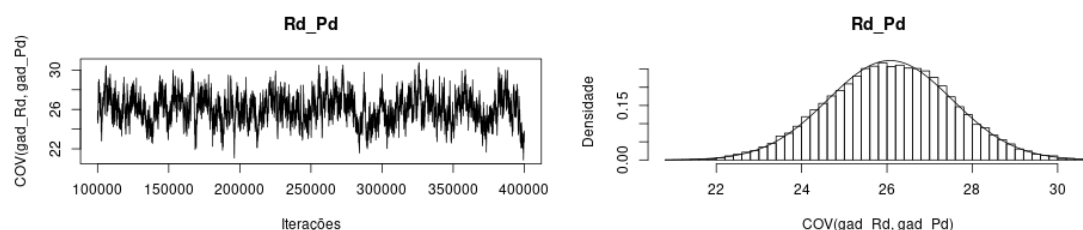


Figura 2. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto do peso à desmama.

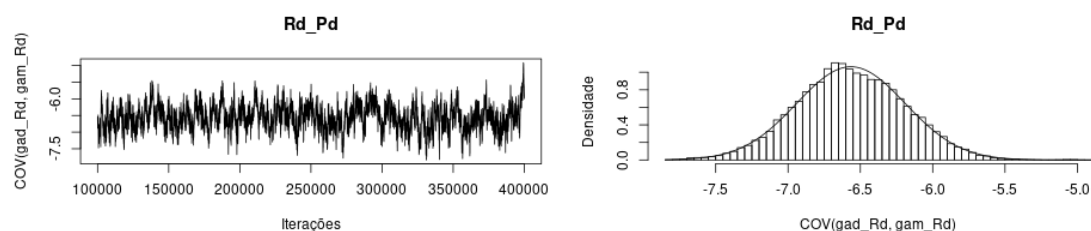


Figura 3. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

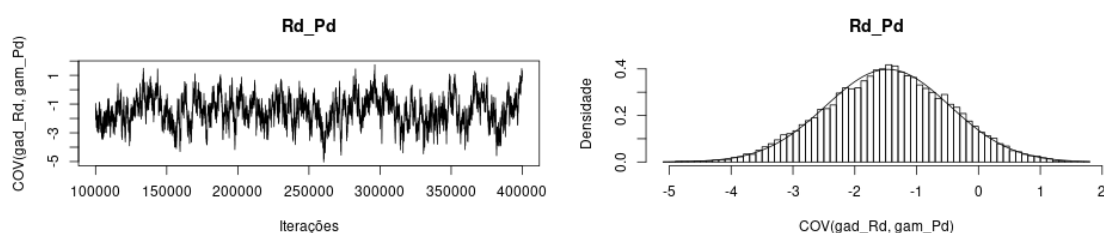


Figura 4. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo materno do peso à desmama.

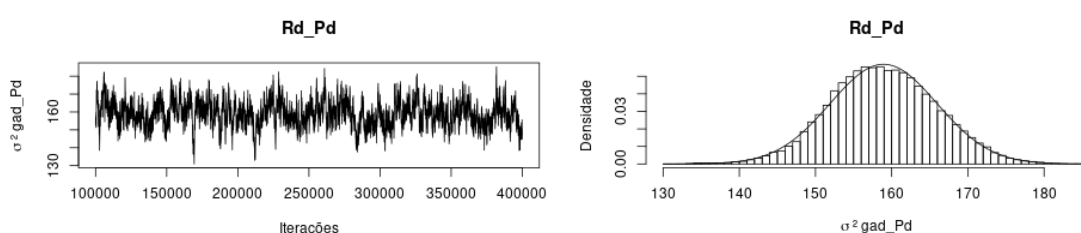


Figura 5. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto do peso à desmama.

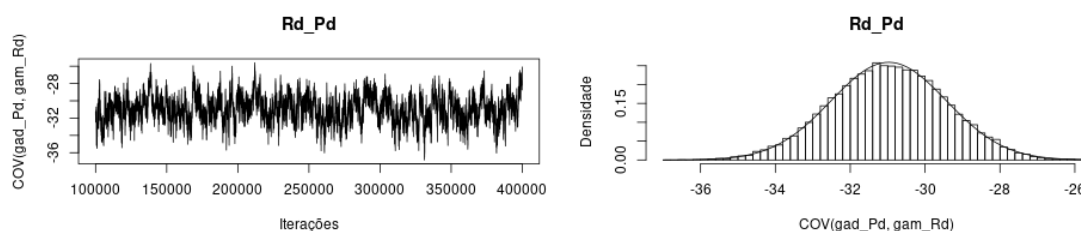


Figura 6. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto do peso à desmama e genético aditivo materno da relação de desmama.

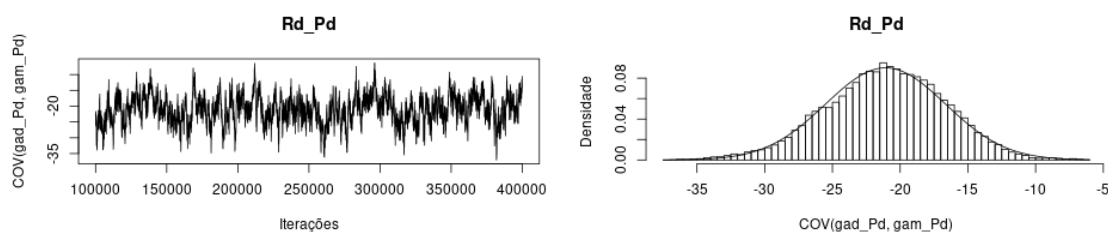


Figura 7. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno do peso à desmama.

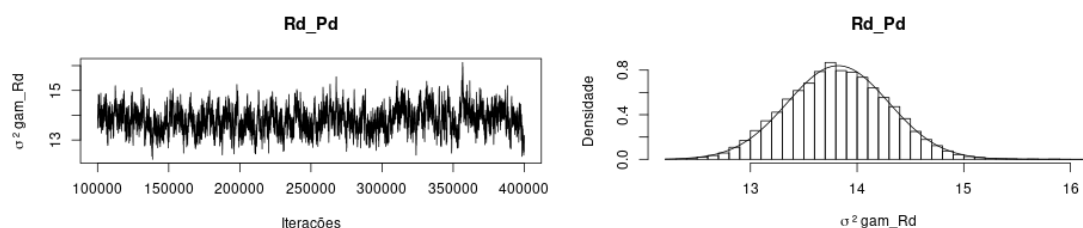


Figura 8. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

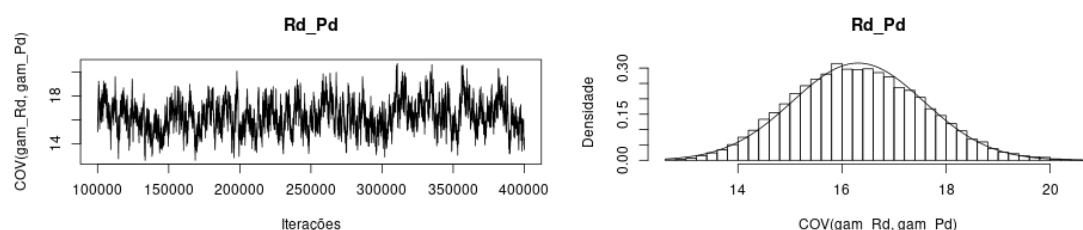


Figura 9. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo materno da relação de desmama e genético aditivo materno do peso à desmama.

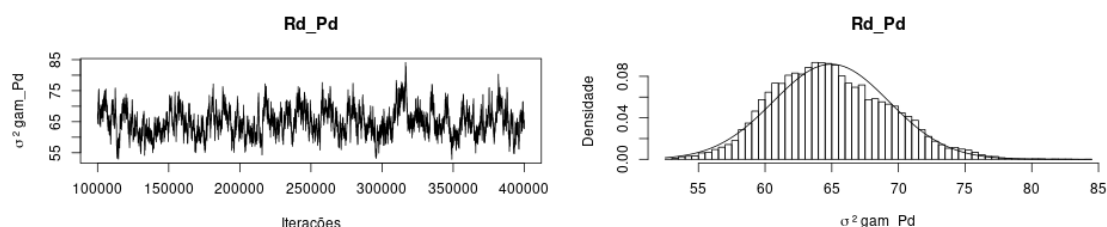


Figura 10. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno do peso à desmama.

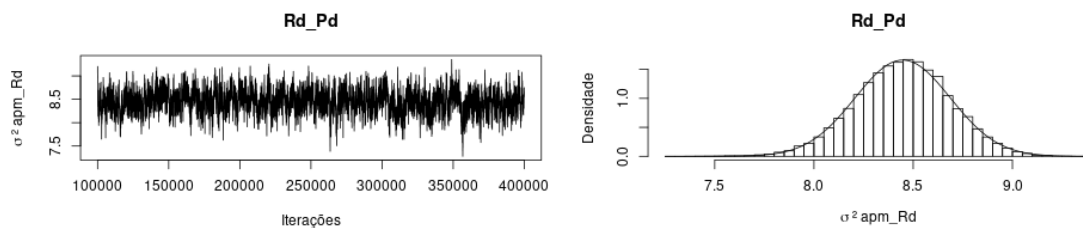


Figura 11. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

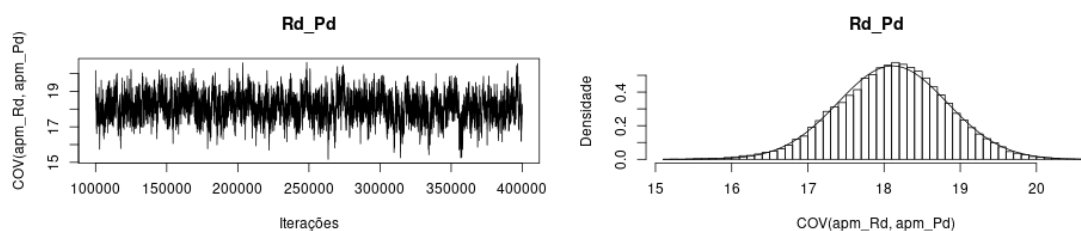


Figura 12. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos de ambiente permanente materno da relação de desmama e ambiente permanente materno do peso à desmama.

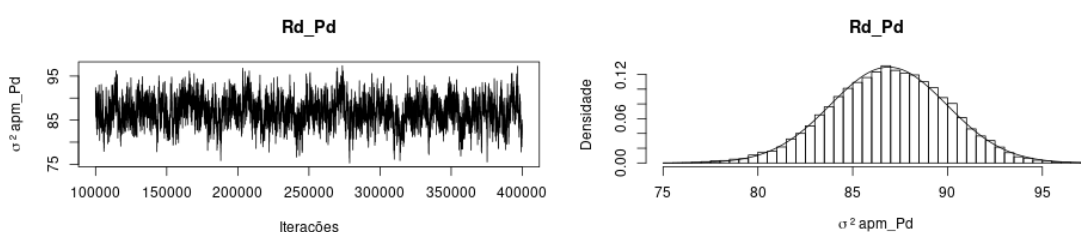


Figura 13. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno do peso à desmama.

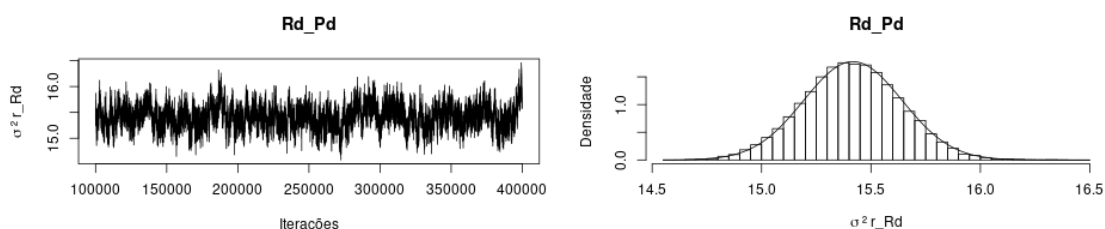


Figura 14. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

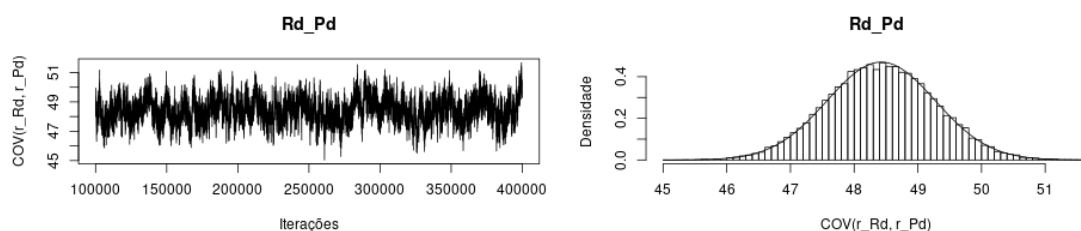


Figura 15. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual do peso à desmama.

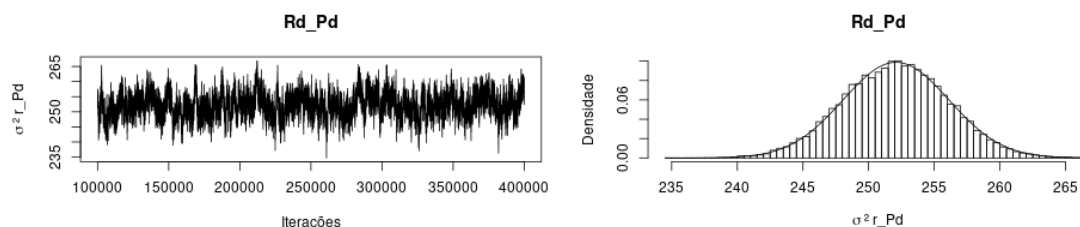


Figura 16. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual do peso à desmama.

Tabela 5. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e peso à desmama.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Pd
σ^2_{gad}	7,289	158,933
COV(gad_Rd, gad_Pd)	26,071	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-6,565	-
COV(gad_Rd, gam_Pd)	-1,466	
COV(gad_Pd, gam_Rd)	-30,972	
COV(gad_Pd, gam_Pd)	-	-21,080
σ^2_{gam}	13,822	64,948
COV(gam_Rd, gam_Pd)	16,3094	
σ^2_{apm}	8,447	86,890
COV(apm_Rd, apm_Pd)	18,1114	
σ^2_r	15,418	252,087
COV(r_Rd, r_Pd)	48,4244	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Pd, peso à desmama.

Relação de desmama (RD%) e peso ao nascer (PN_{kg}).

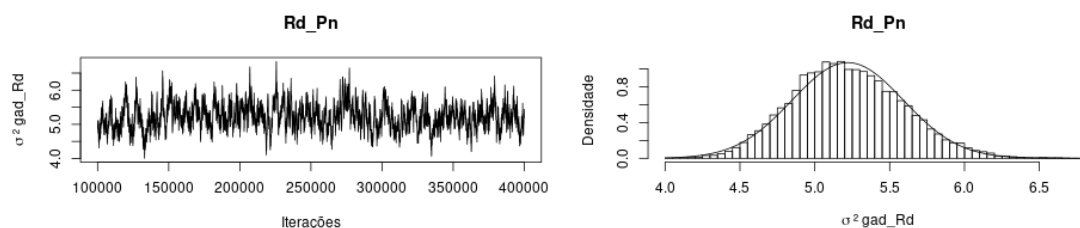


Figura 17. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

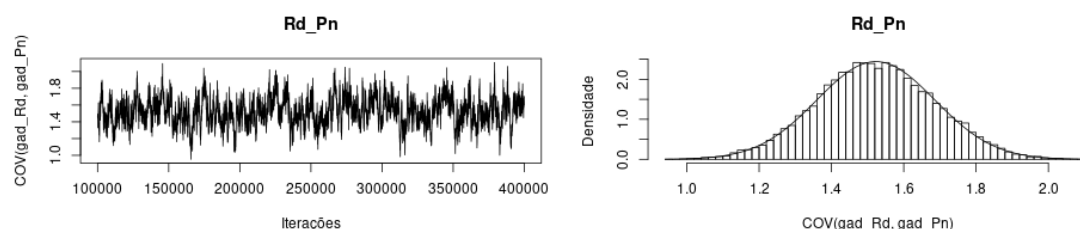


Figura 18. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto do peso ao nascer.

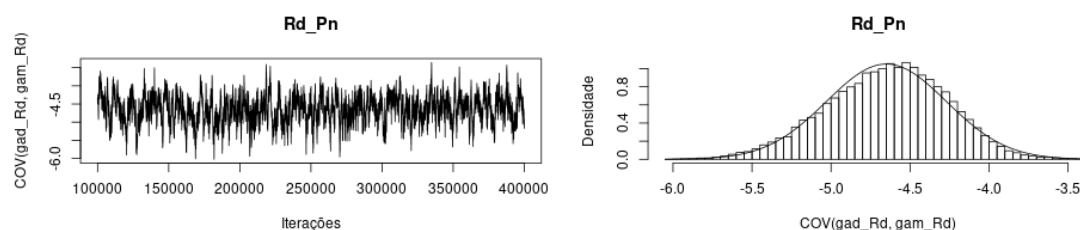


Figura 19. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

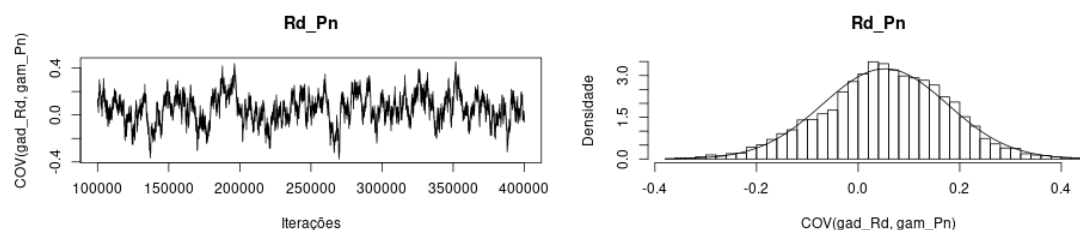


Figura 20. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo materno do peso ao nascer.

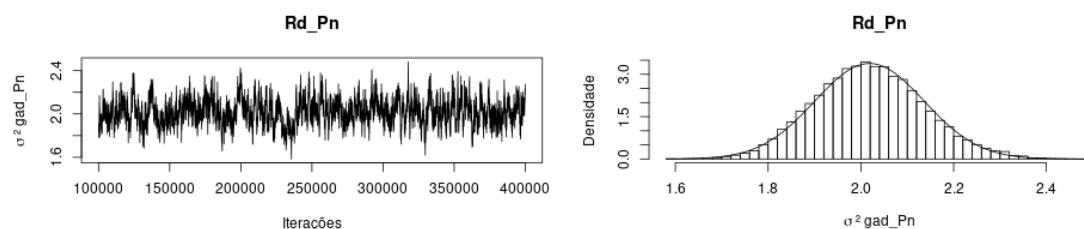


Figura 21. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto do peso ao nascer.

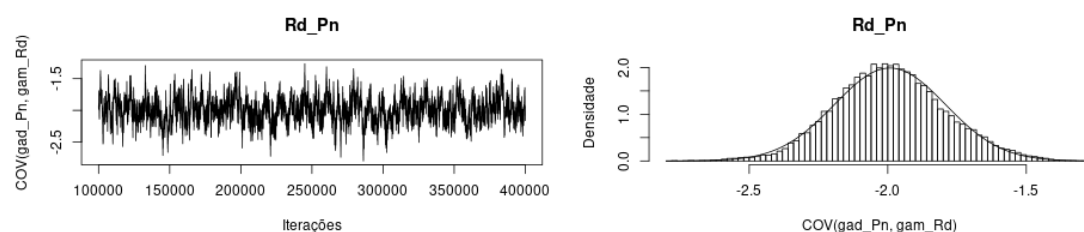


Figura 22. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto do peso ao nascer e genético aditivo materno da relação de desmama.

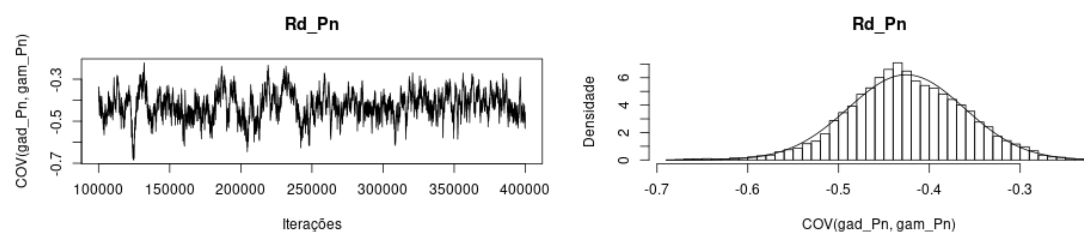


Figura 23. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno do peso ao nascer.

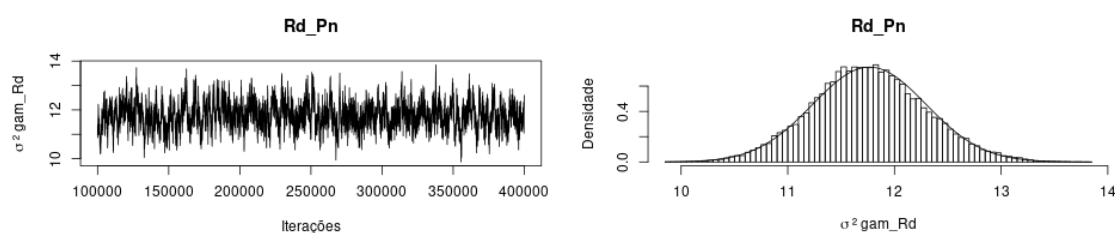


Figura 24. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

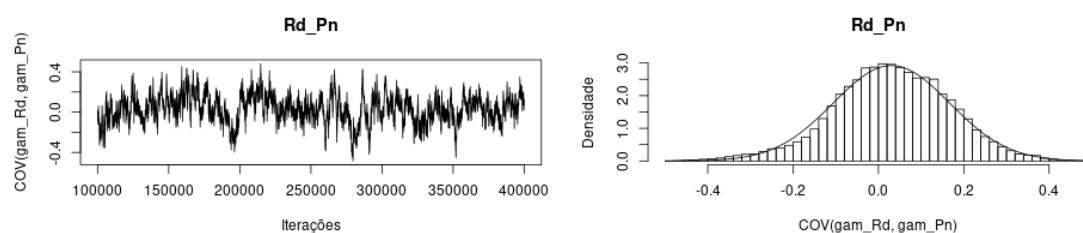


Figura 25. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo materno da relação de desmama e genético aditivo materno do peso ao nascer.

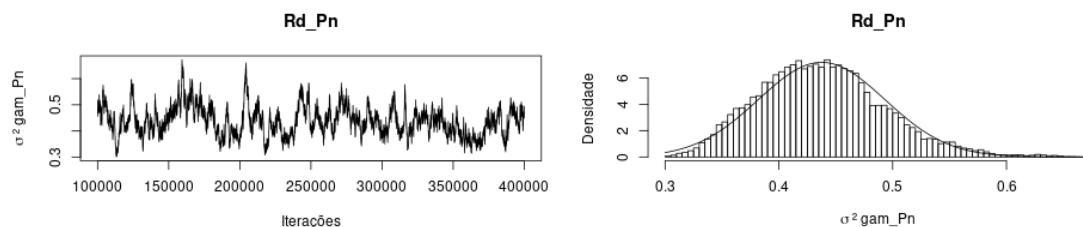


Figura 26. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno do peso ao nascer.

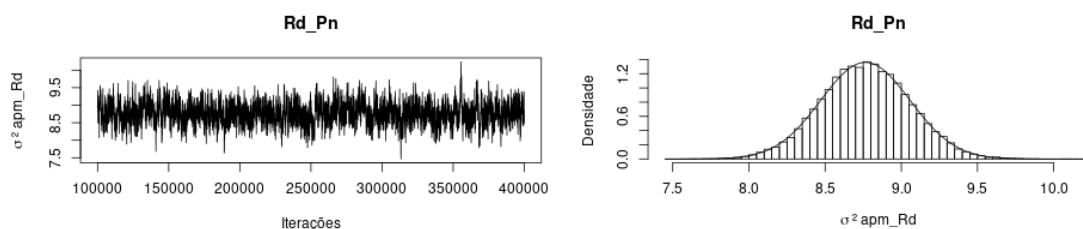


Figura 27. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

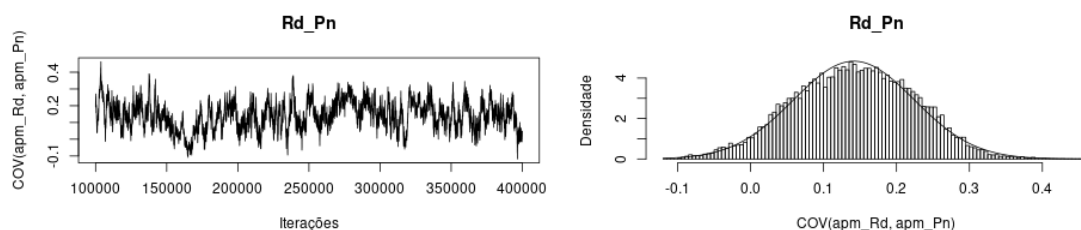


Figura 28. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos de ambiente permanente materno da relação de desmama e ambiente permanente materno do peso ao nascer.

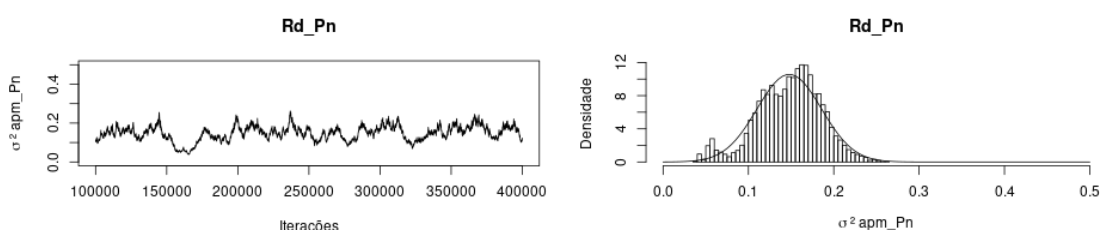


Figura 29. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno do peso ao nascer.

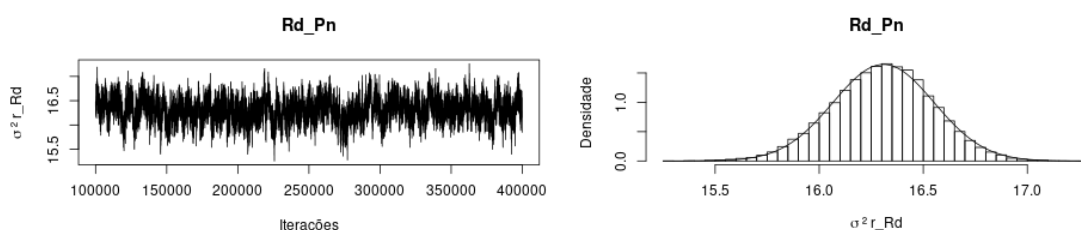


Figura 30. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

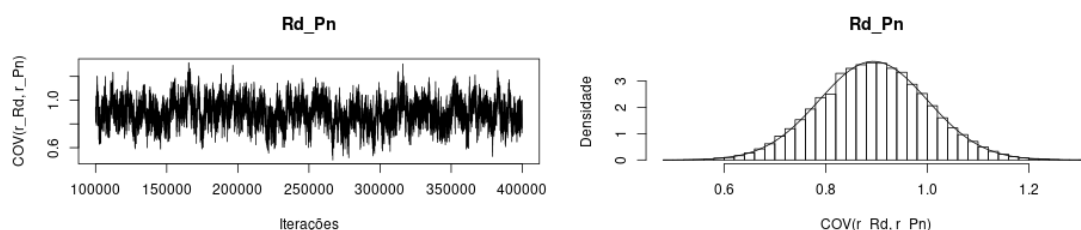


Figura 31. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual do peso ao nascer.

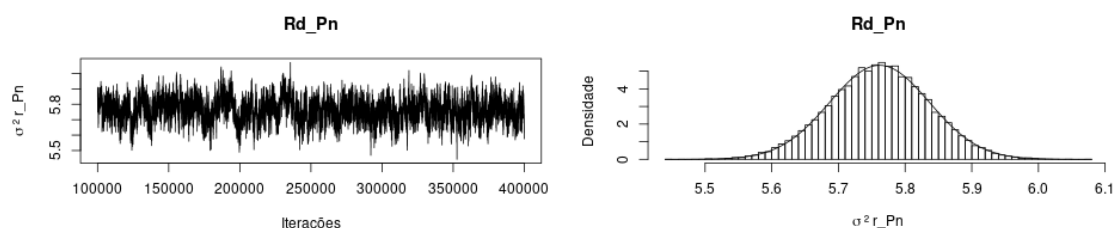


Figura 32. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual do peso ao nascer.

Tabela 6. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bícaracterística entre relação de desmama e peso ao nascer.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Pn
σ^2_{gad}	5,220	2,019
COV(gad_Rd, gad_Pn)	1,523	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-4,650	-
COV(gad_Rd, gam_Pn)	0,053	
COV(gad_Pn, gam_Rd)	-1,992	
COV(gad_Pn, gam_Pn)	-	-0,426
σ^2_{gam}	11,765	0,438
COV(gam_Rd, gam_Pn)	0,030	
σ^2_{apm}	8,764	0,148
COV(apm_Rd, apm_Pn)	0,142	
σ^2_r	16,309	5,762
COV(r_Rd, r_Pn)	0,894	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Pn, peso ao nascer.

Relação de desmama (RD%) e peso aos 120 dias de idade (P120_{kg}).

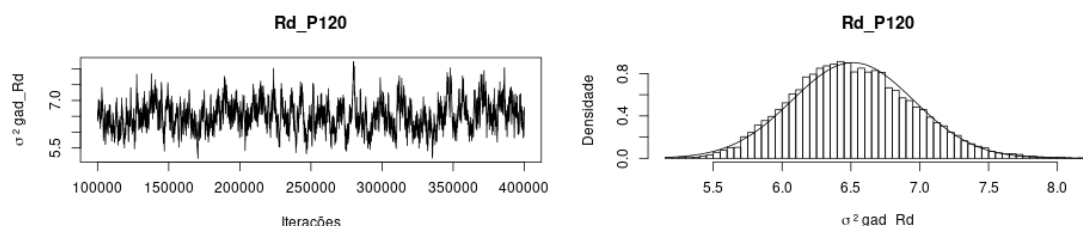


Figura 33. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

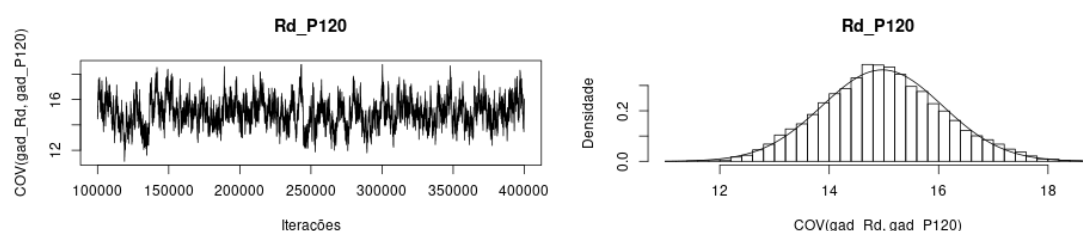


Figura 34. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto do peso aos 120 dias de idade.

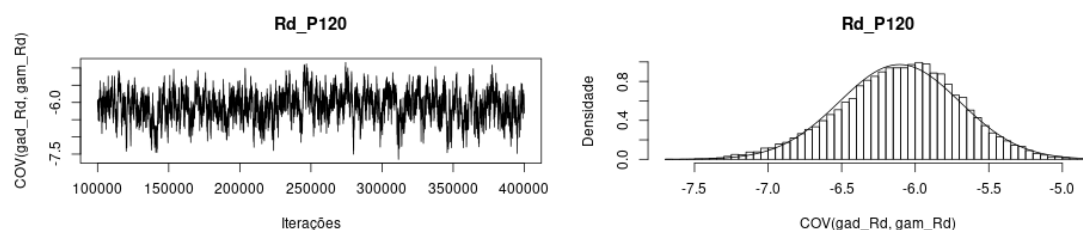


Figura 35. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

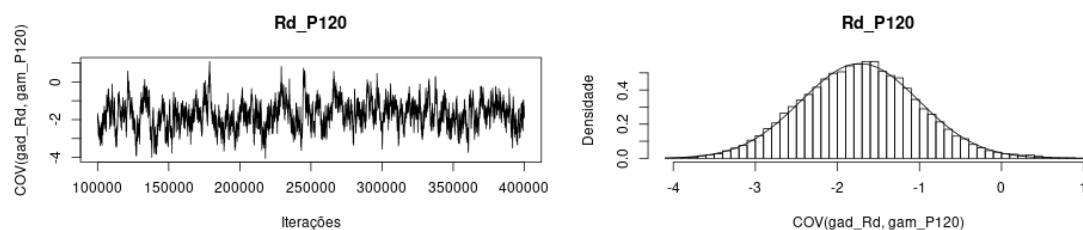


Figura 36. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo

direto da relação de desmama e genético aditivo materno do peso aos 120 dias de idade.

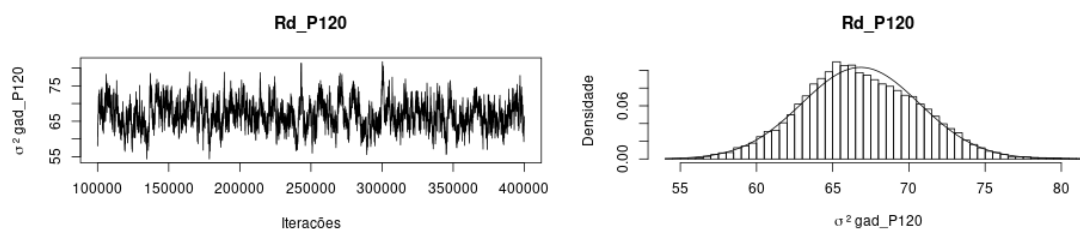


Figura 37. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto do peso aos 120 dias de idade.

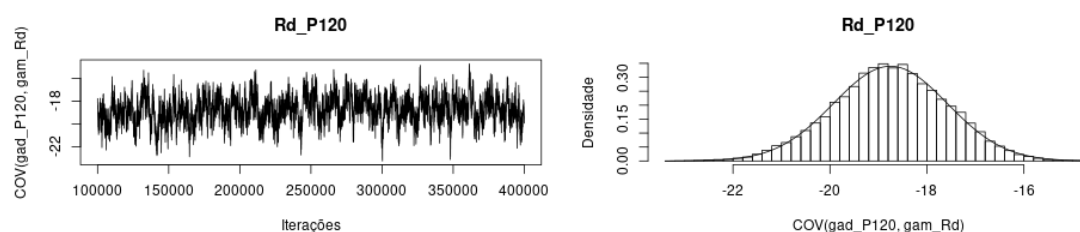


Figura 38. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto do peso aos 120 dias de idade e genético aditivo materno da relação de desmama.

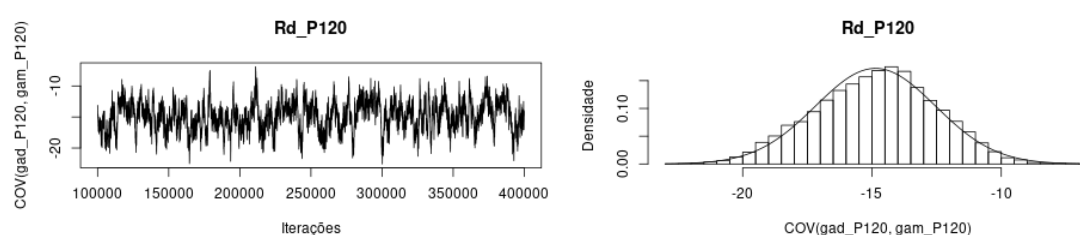


Figura 39. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno do peso aos 120 dias de idade.

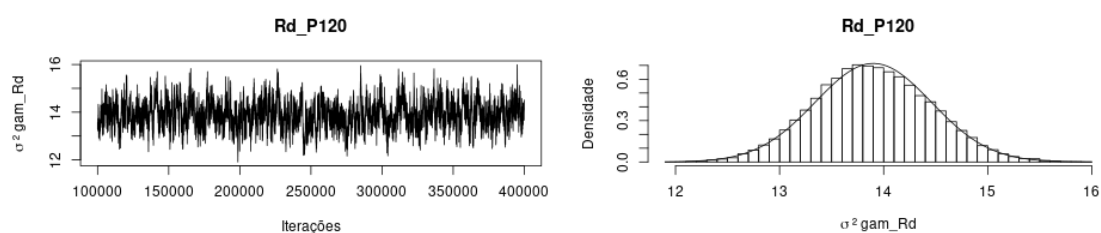


Figura 40. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

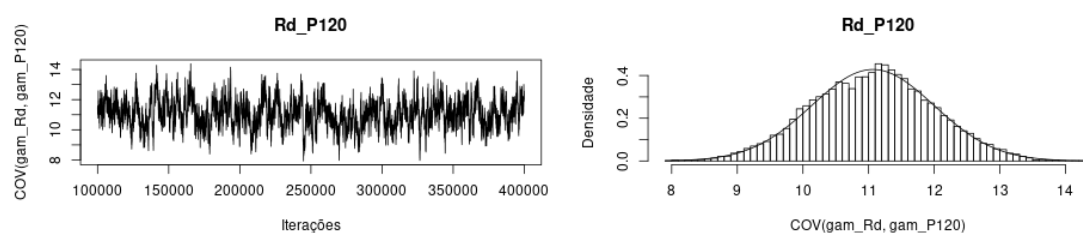


Figura 41. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo materno da relação de desmama e genético aditivo materno do peso aos 120 dias de idade.

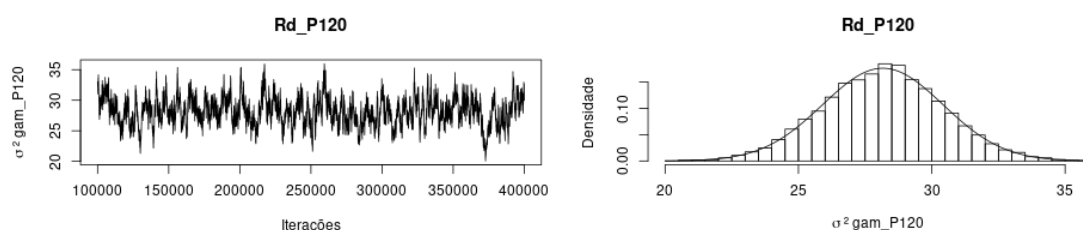


Figura 42. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno do peso aos 120 dias de idade.

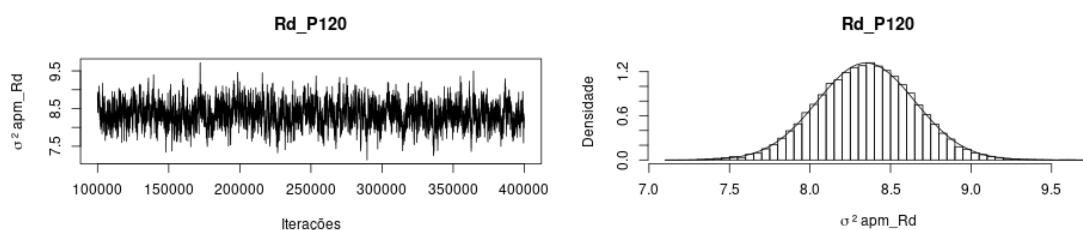


Figura 43. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

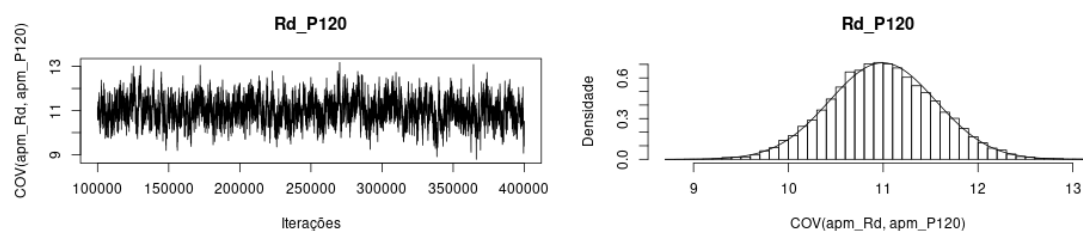


Figura 44. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos de ambiente permanente materno da relação de desmama e ambiente permanente materno do peso aos 120 dias de idade.

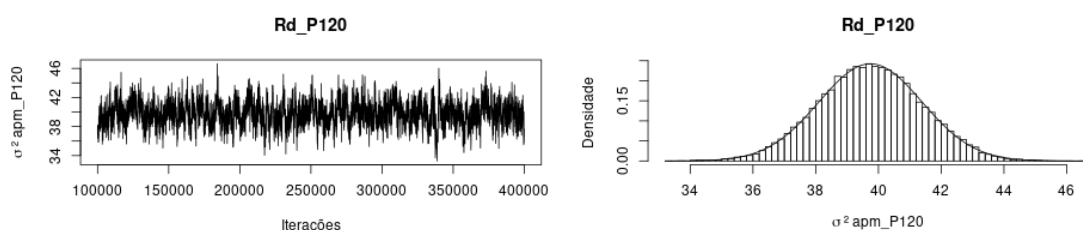


Figura 45. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno do peso aos 120 dias de idade.

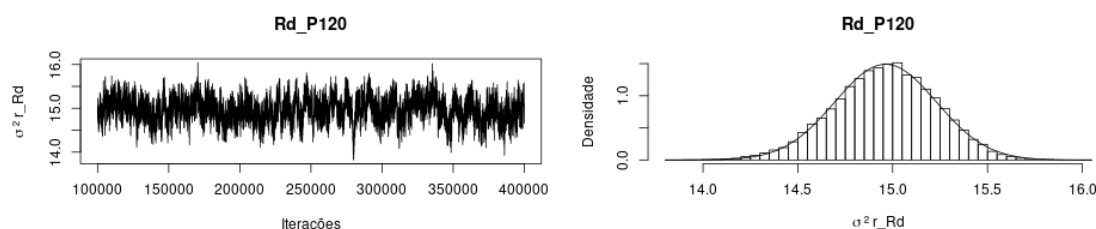


Figura 46. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

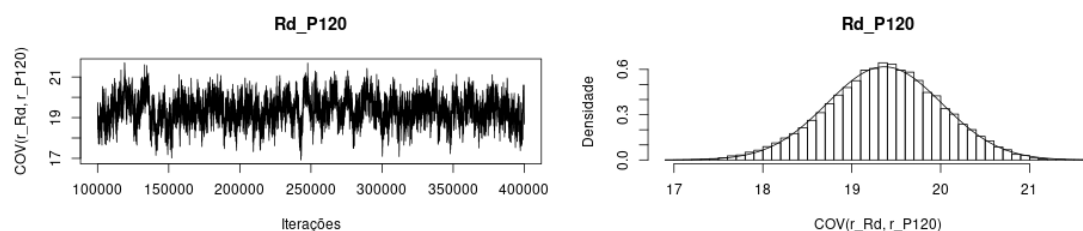


Figura 47. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual do peso aos 120 dias de idade.

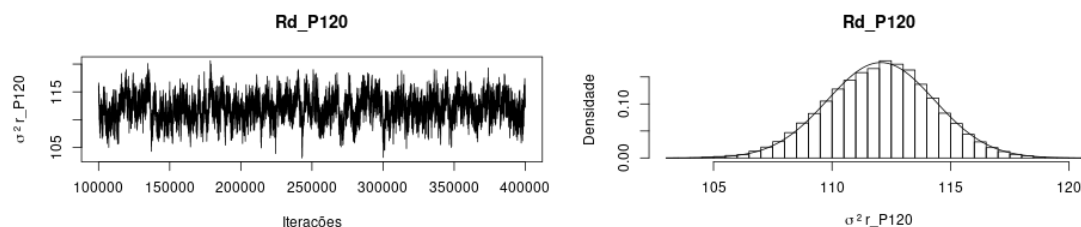


Figura 48. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual do peso aos 120 dias de idade.

Tabela 7. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e peso aos 120 dias de idade.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	P120
σ^2_{gad}	6,514	66,825
COV(gad_Rd, gad_P120)	14,971	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-6,107	-
COV(gad_Rd, gam_P120)	-1,725	
COV(gad_P120, gam_Rd)	-18,754	
COV(gad_P120, gam_P120)	-	-14,864
σ^2_{gam}	13,901	28,164
COV(gam_Rd, gam_P120)	11,066	
σ^2_{apm}	8,348	10,994
COV(apm_Rd, apm_P120)	39,746	
σ^2_r	14,963	112,062
COV(r_Rd, r_P120)	19,367	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; P120, peso aos 120 dias de idade.

Relação de desmama (RD%) e peso ao sobreano (PS_{kg}).

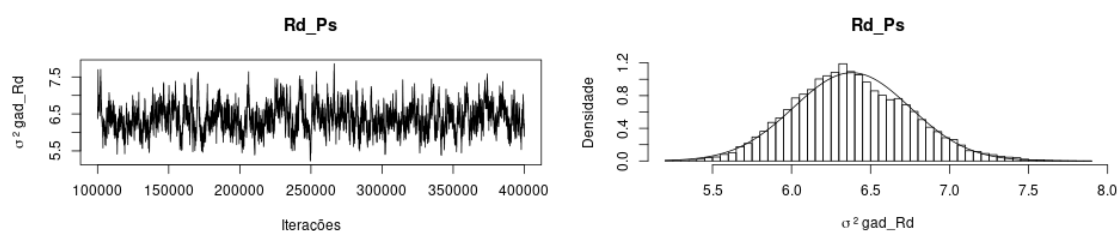


Figura 49. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

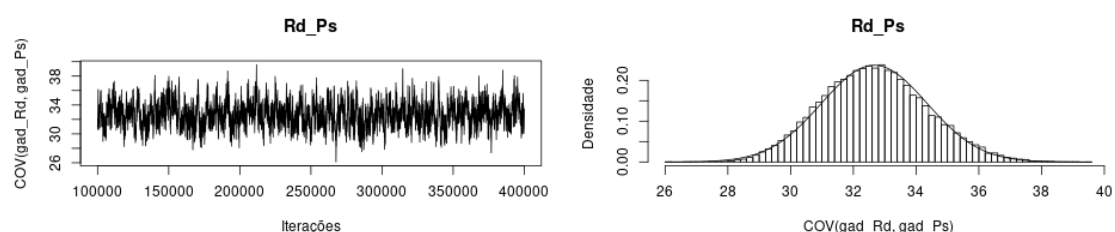


Figura 50. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto do peso ao sobreano.

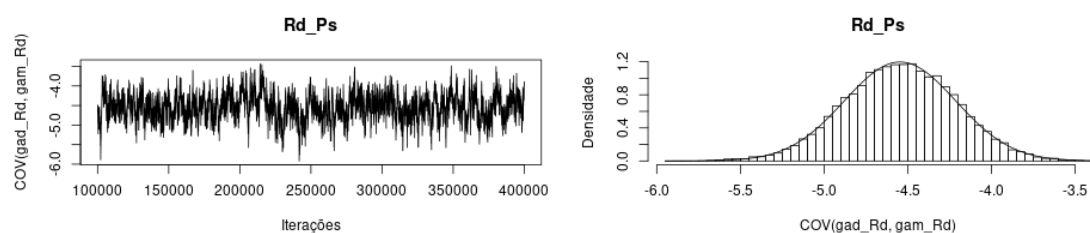


Figura 51. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

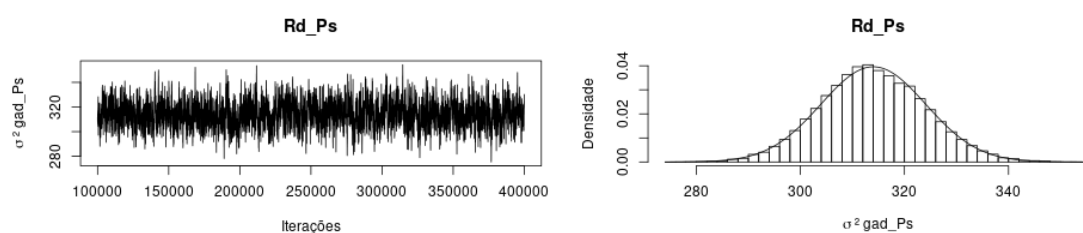


Figura 52. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto do peso ao sobreano.

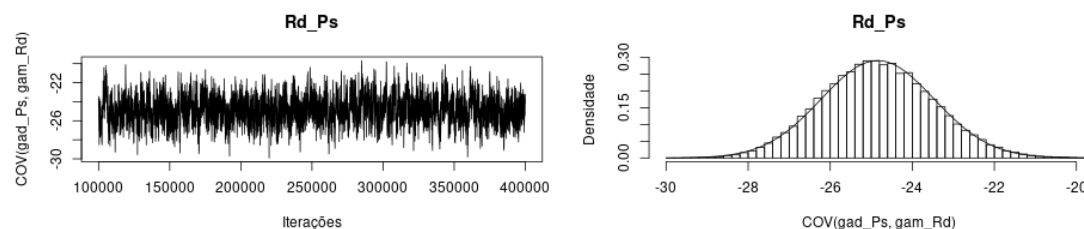


Figura 53. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição *a posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto do peso ao sobreano e genético aditivo materno da relação de desmama.

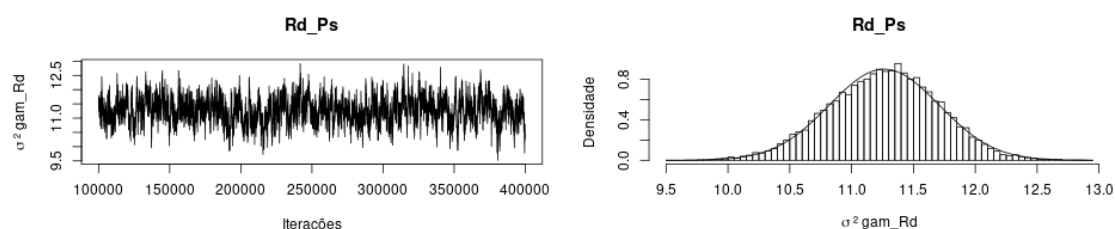


Figura 54. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição *a posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

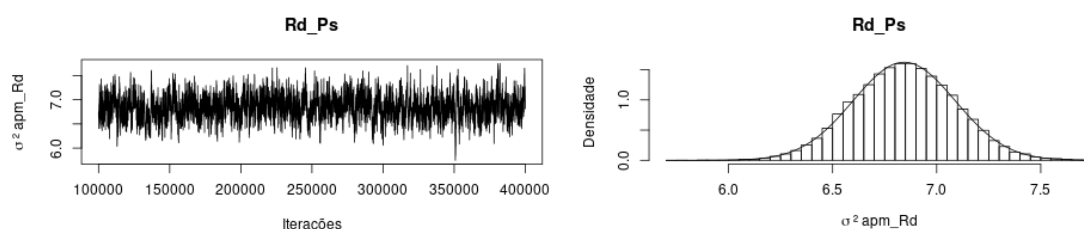


Figura 55. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição *a posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

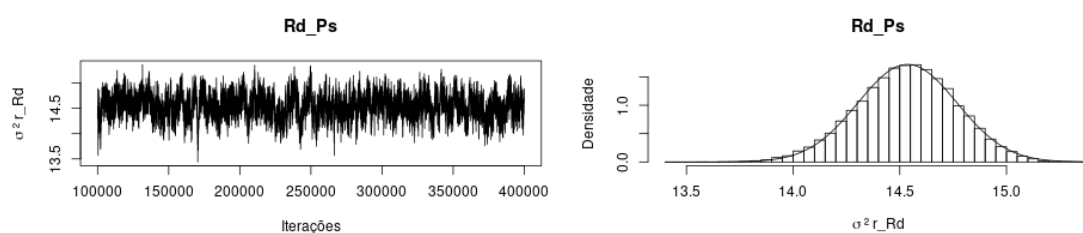


Figura 56. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

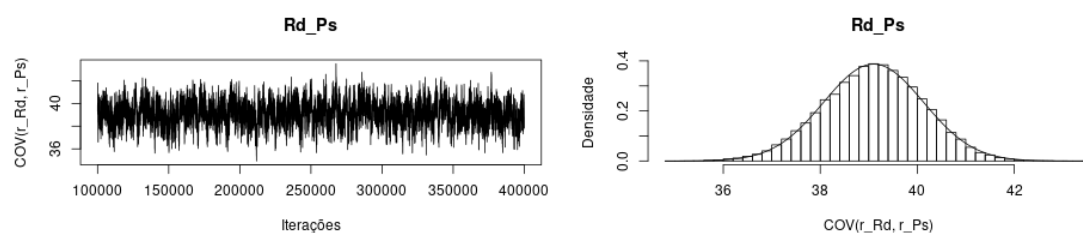


Figura 57. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual do peso ao sobreano.

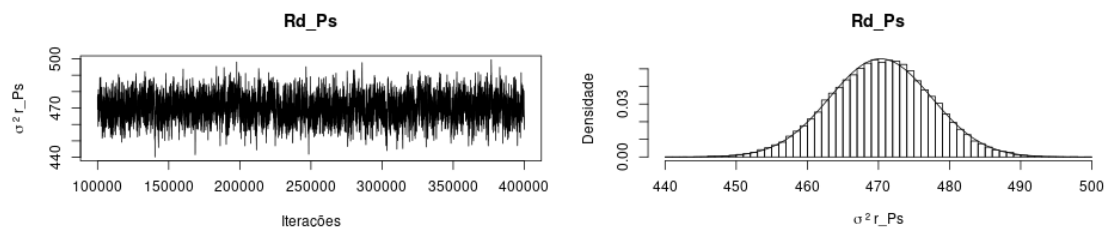


Figura 58. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual do peso ao sobreano.

Tabela 8. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e peso ao sobreano.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Ps
σ^2_{gad}	6,382	314,012
COV(gad_Rd, gad_Ps)	32,666	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-4,546	-
COV(gad_Ps, gam_Rd)	-24,844	
σ^2_{gam}	11,264	-
σ^2_{apm}	6,844	-
σ^2_{r}	14,536	470,301
COV(r_Rd, r_Ps)	39,100	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Ps, peso ao sobreano.

Relação de desmama (RD%) e peso da vaca na desmama (PVD_{kg}).

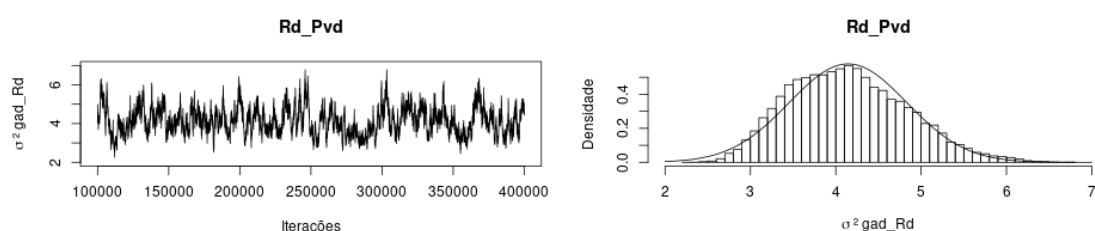


Figura 59. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

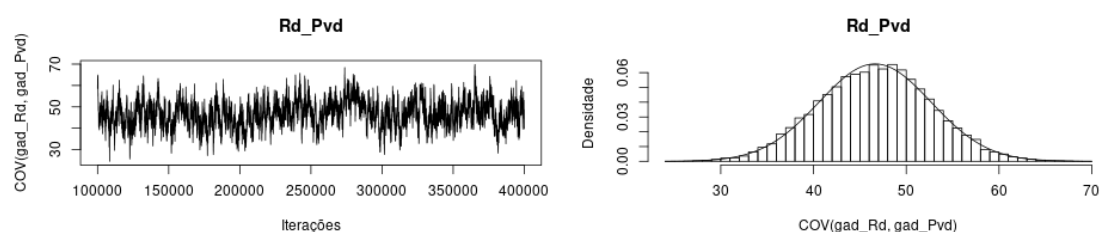


Figura 60. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto do peso da vaca na desmama.

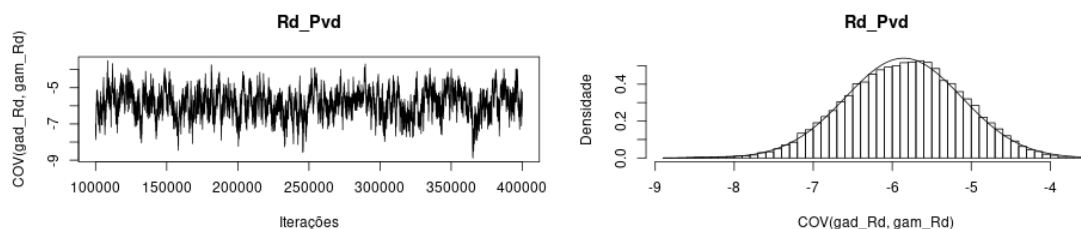


Figura 61. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

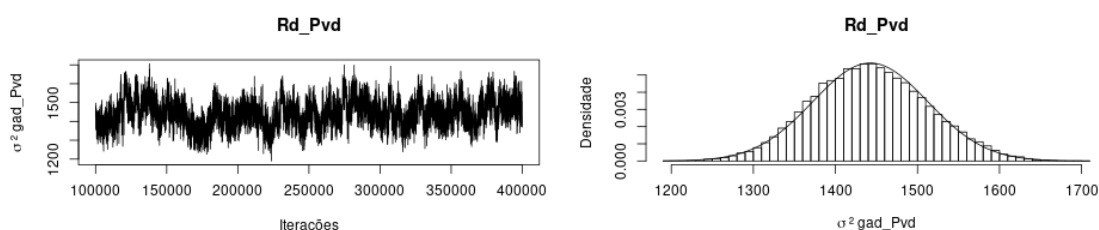


Figura 62. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto do peso da vaca na desmama.

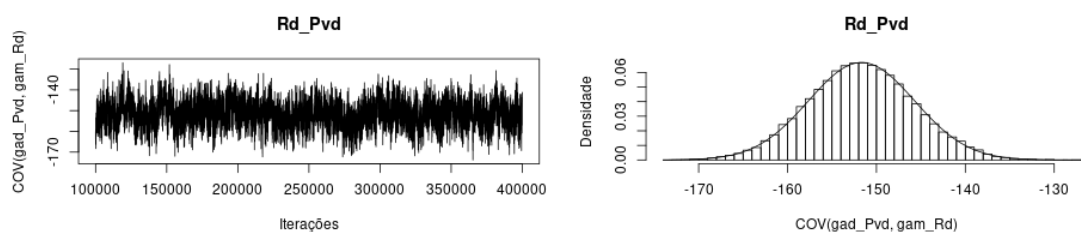


Figura 63. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto do peso da vaca na desmama e genético aditivo materno da relação de desmama.

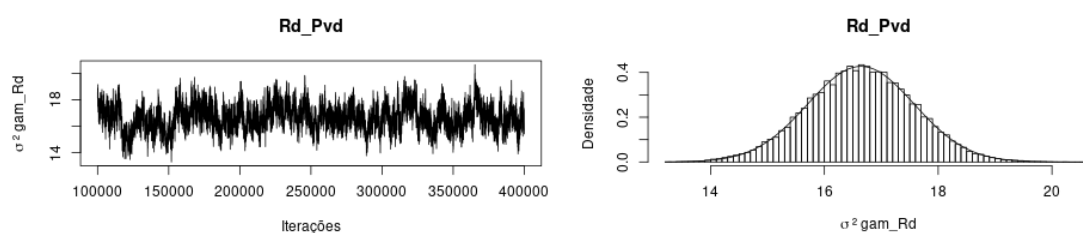


Figura 64. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

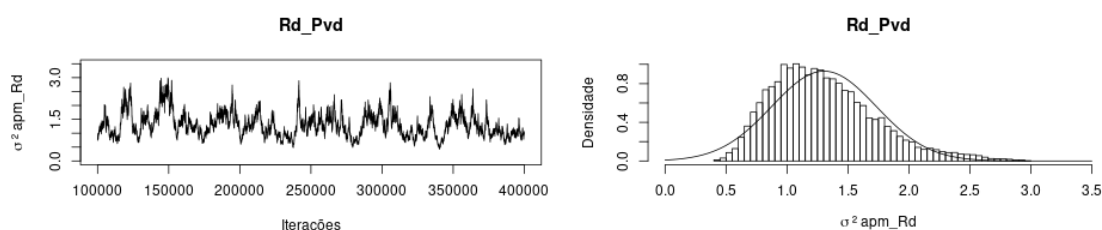


Figura 65. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

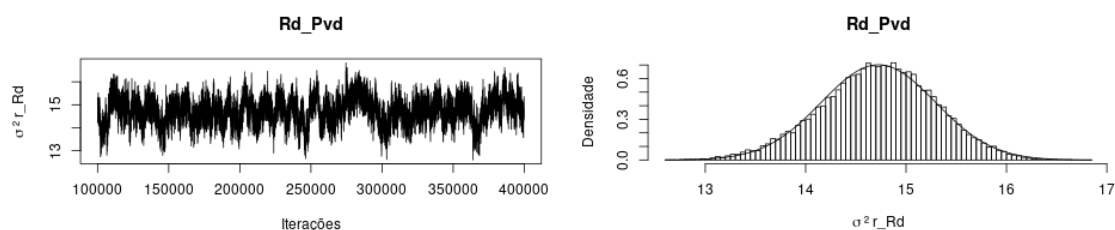


Figura 66. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

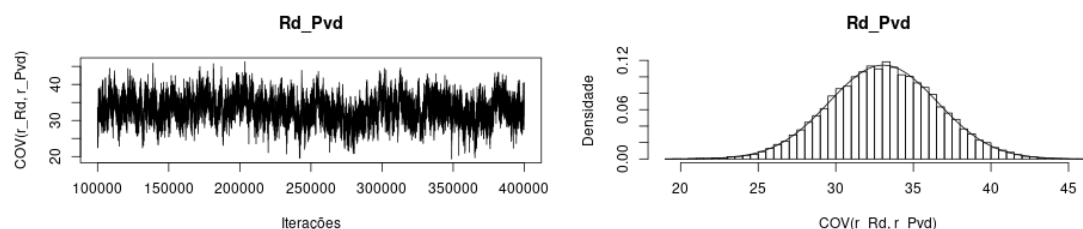


Figura 67. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual do peso da vaca na desmama.

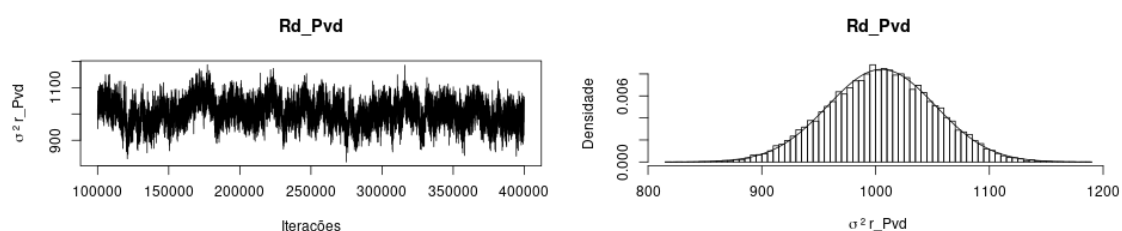


Figura 68. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual do peso da vaca na desmama.

Tabela 9. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e peso da vaca na desmama.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Pvd
σ^2_{gad}	4,143	1442,503
COV(gad_Rd, gad_Pvd)	46,637	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-5,856	-
COV(gad_Pvd, gam_Rd)	-151,677	
σ^2_{gam}	16,642	-
σ^2_{apm}	1,303	-
σ^2_{r}	14,725	1005,290
COV(r_Rd, r_Pvd)	33,063	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Pvd, peso da vaca na desmama.

Relação de desmama (RD%) e ganho de peso pós desmama (GPD_{kg}).

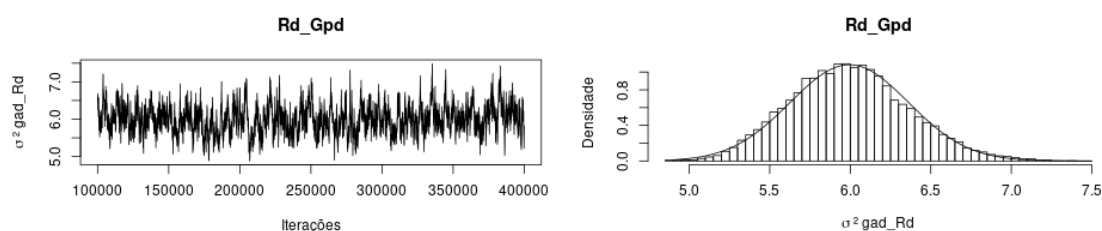


Figura 69. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

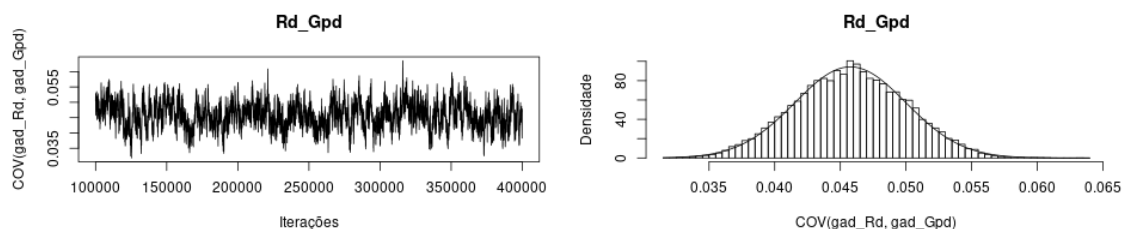


Figura 70. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto do ganho de peso pós desmama.

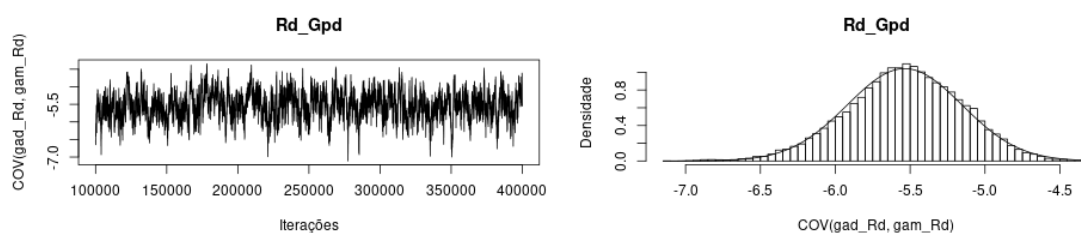


Figura 71. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

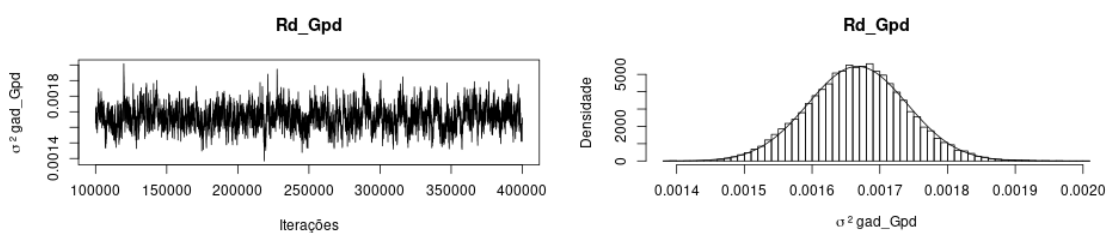


Figura 72. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto do ganho de peso pós desmama.

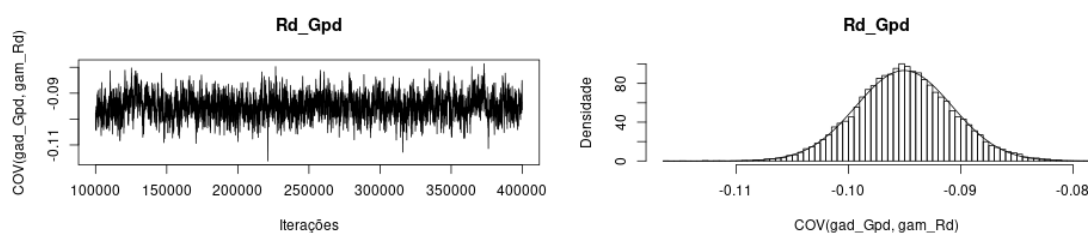


Figura 73. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto do ganho de peso pós desmama e genético aditivo materno da relação de desmama.

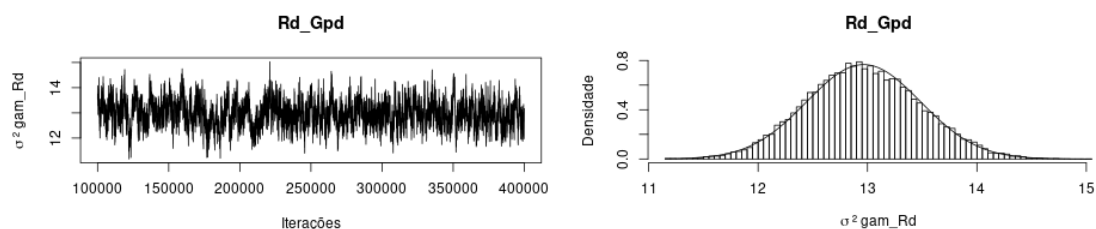


Figura 74. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

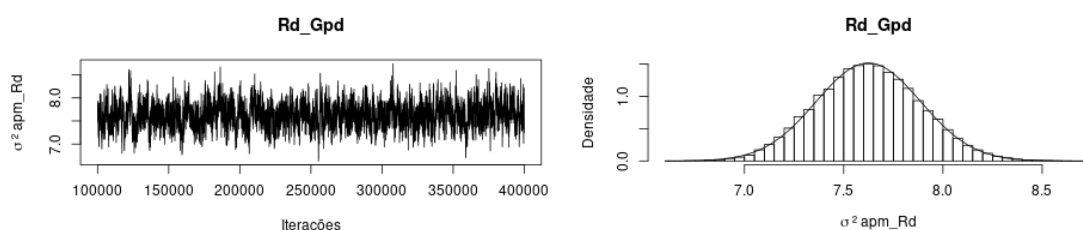


Figura 75. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

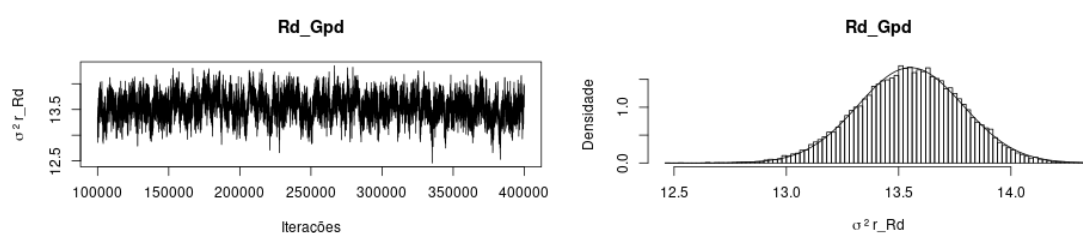


Figura 76. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

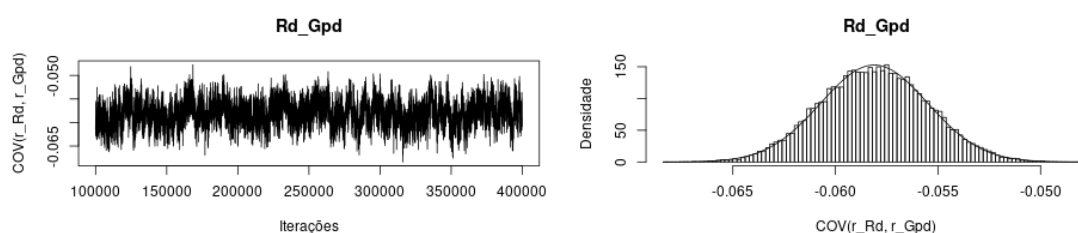


Figura 77. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual do ganho de peso pós desmama.

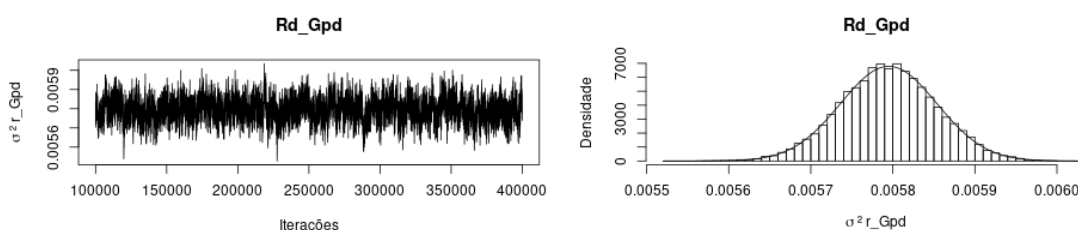


Figura 78. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual do ganho de peso pós desmama.

Tabela 10. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e ganho de peso pós desmama.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Gpd
σ^2_{gad}	5,994	0,002
COV(gad_Rd, gad_Gpd)	0,046	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-5,537	-
COV(gad_Gpd, gam_Rd)	-0,095	
σ^2_{gam}	12,965	-
σ^2_{apm}	7,624	-
σ^2_r	13,553	0,006
COV(r_Rd, r_Gpd)	-0,058	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Gpd, ganho de peso pós desmama.

Relação de desmama (RD%) e perímetro escrotal a desmama (PED_{cm}).

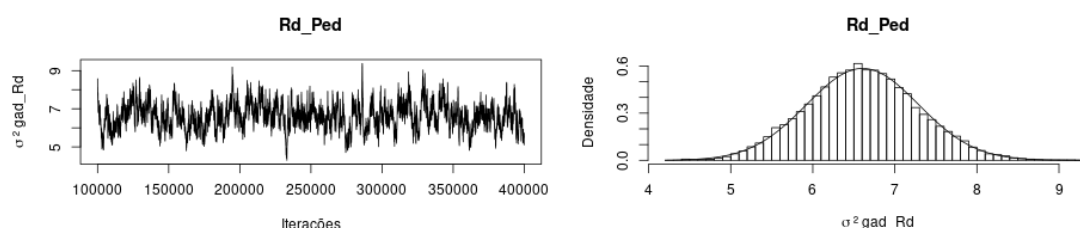


Figura 79. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

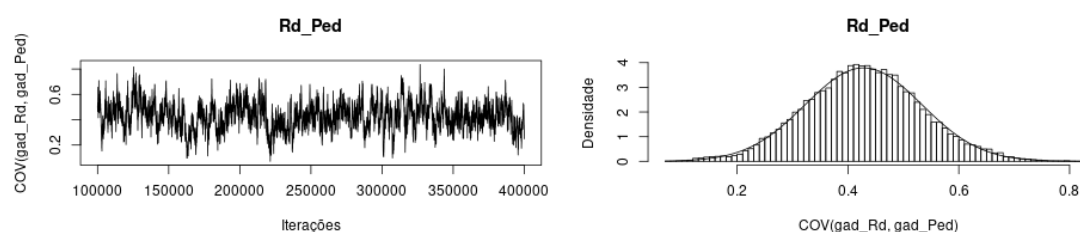


Figura 80. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto do perímetro escrotal a desmama.

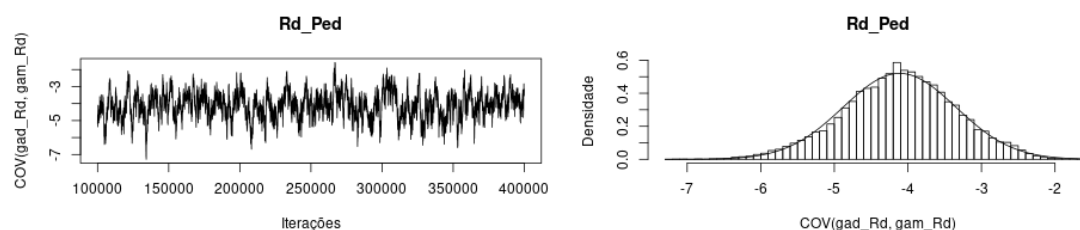


Figura 81. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

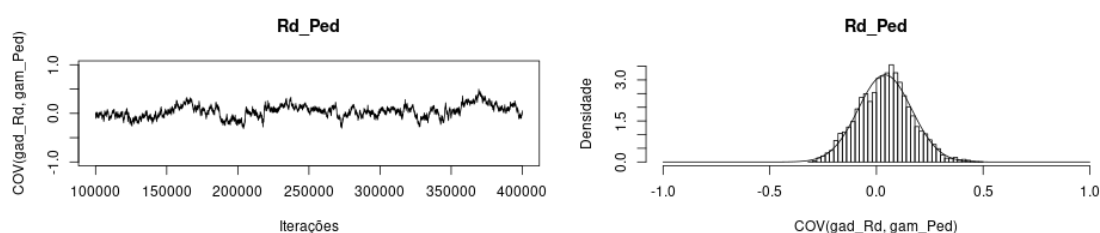


Figura 82. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo materno do perímetro escrotal a desmama.

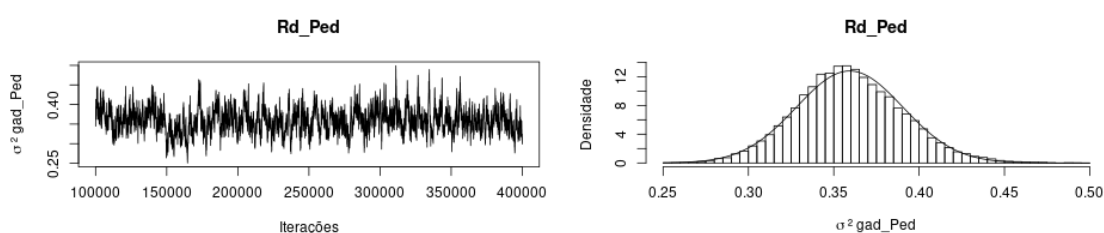


Figura 83. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto do perímetro escrotal a desmama.

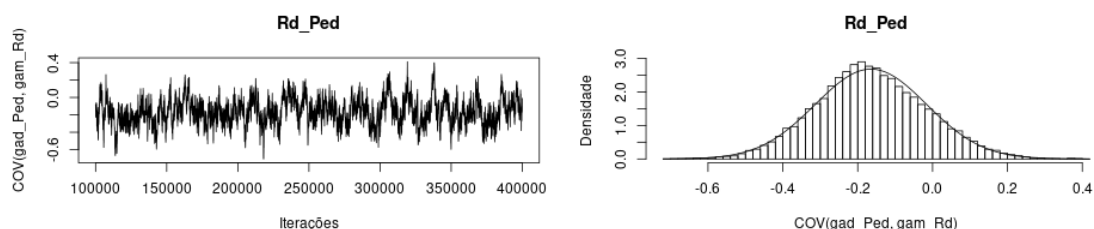


Figura 84. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto do perímetro escrotal a desmama e genético aditivo materno da relação de desmama.

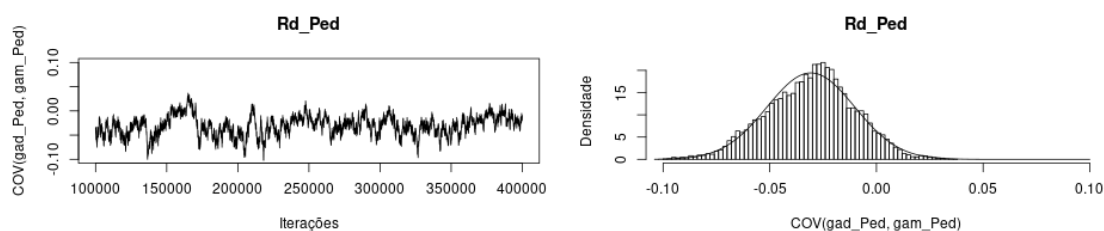


Figura 85. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno do perímetro escrotal a desmama.

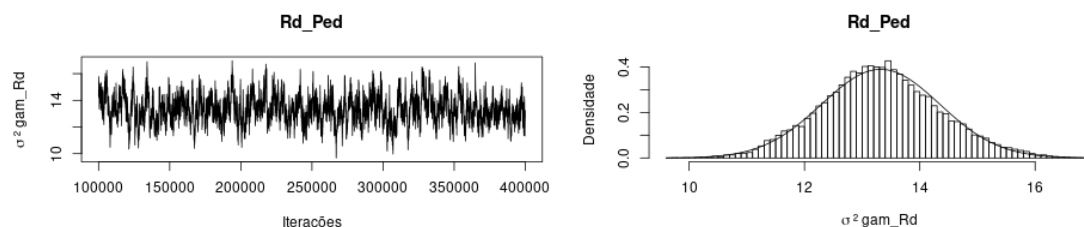


Figura 86. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

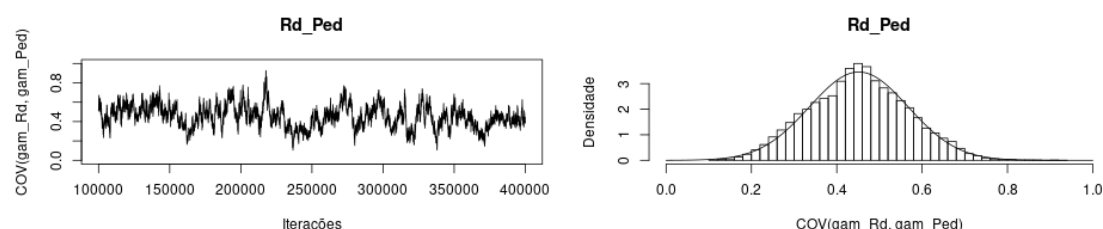


Figura 87. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo materno da relação de desmama e genético aditivo materno do perímetro escrotal a desmama.

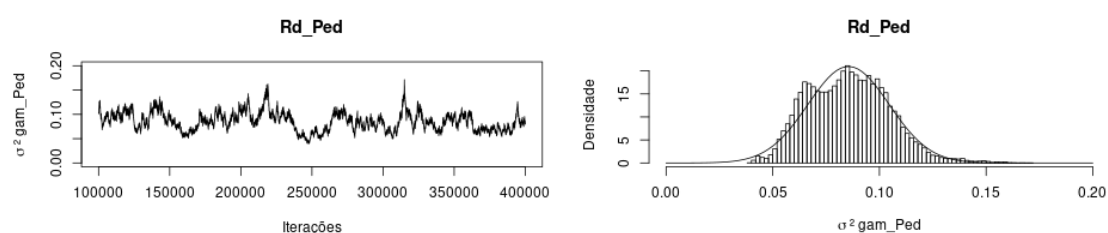


Figura 88. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno do perímetro escrotal a desmama.

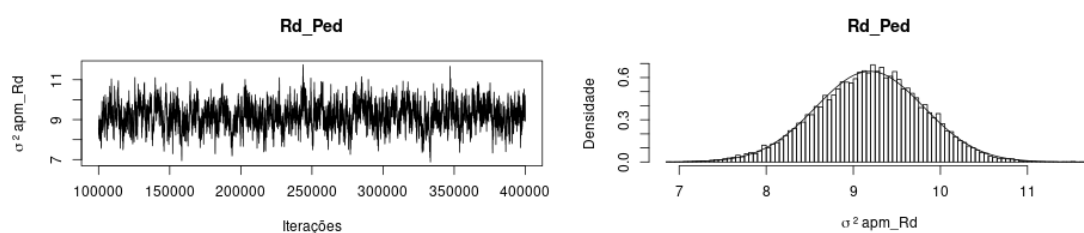


Figura 89. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

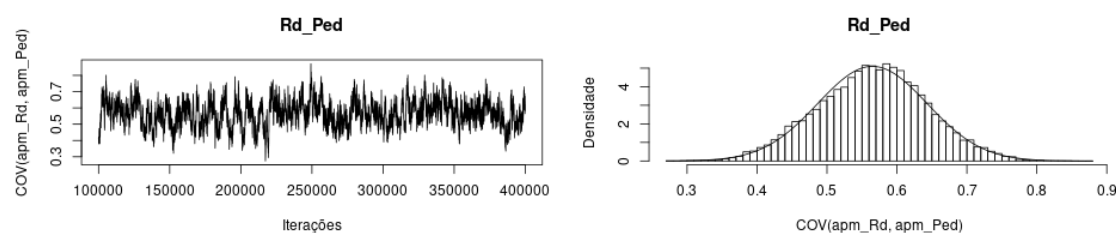


Figura 90. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos de ambiente permanente materno da relação de desmama e ambiente permanente materno do perímetro escrotal a desmama.

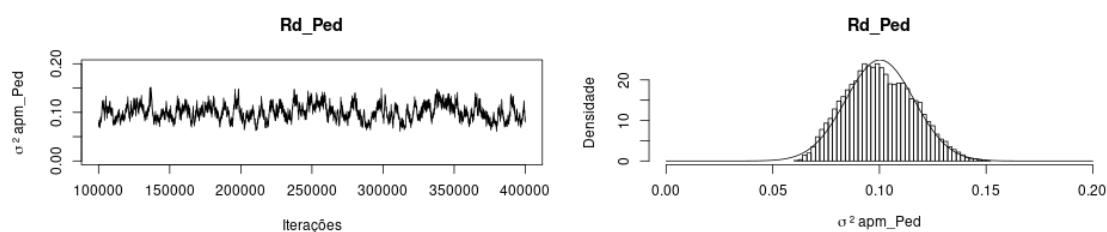


Figura 91. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno do perímetro escrotal a desmama.

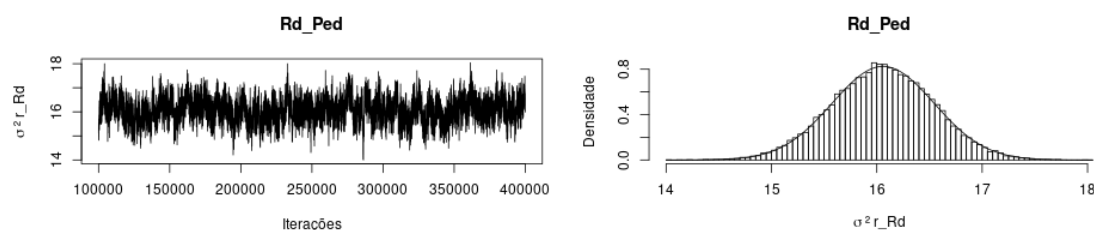


Figura 92. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

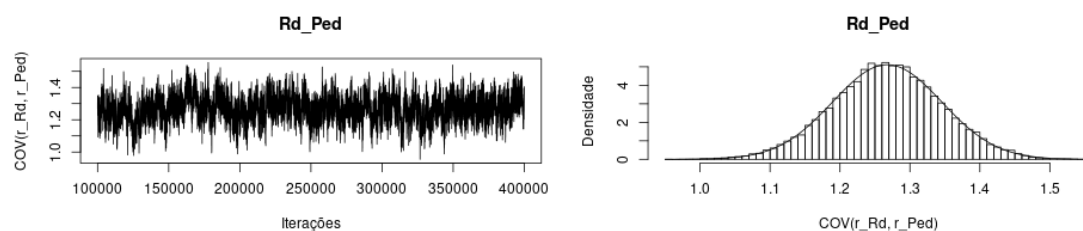


Figura 93. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual do perímetro escrotal a desmama.

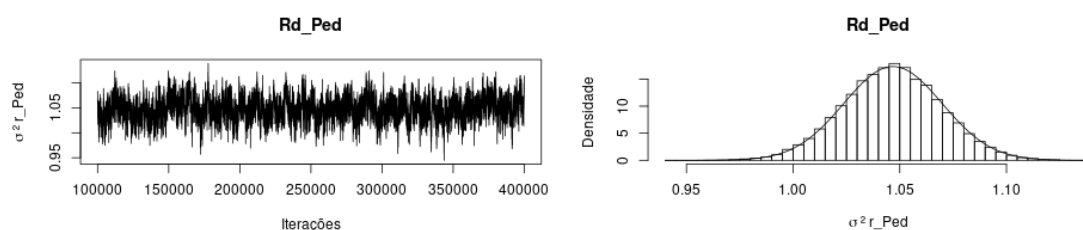


Figura 94. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual do perímetro escrotal a desmama.

Tabela 11. Médias *a posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e perímetro escrotal à desmama.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Ped
σ^2_{gad}	6,607	0,359
COV(gad_Rd, gad_Ped)	0,428	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-4,113	-
COV(gad_Rd, gam_Ped)	0,040	
COV(gad_Ped, gam_Rd)	-0,165	
COV(gad_Ped, gam_Ped)	-	-0,031
σ^2_{gam}	13,321	0,086
COV(gam_Rd, gam_Ped)	0,452	
σ^2_{apm}	9,190	0,100
COV(apm_Rd, apm_Ped)	0,565	
σ^2_r	16,060	1,047
COV(r_Rd, r_Ped)	1,268	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Ped, perímetro escrotal à desmama.

Relação de desmama (RD%) e perímetro escrotal ao sobreano (PES_{cm}).

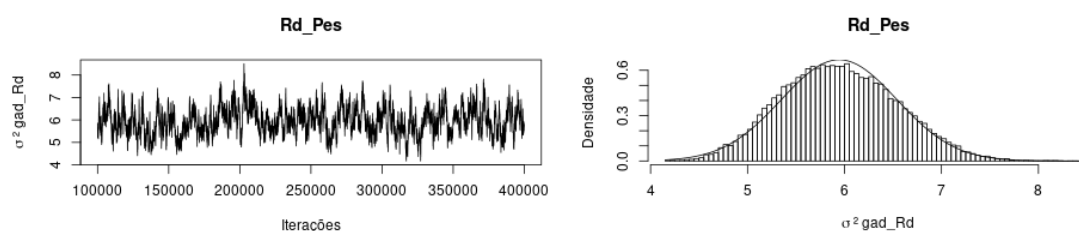


Figura 95. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição *a posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

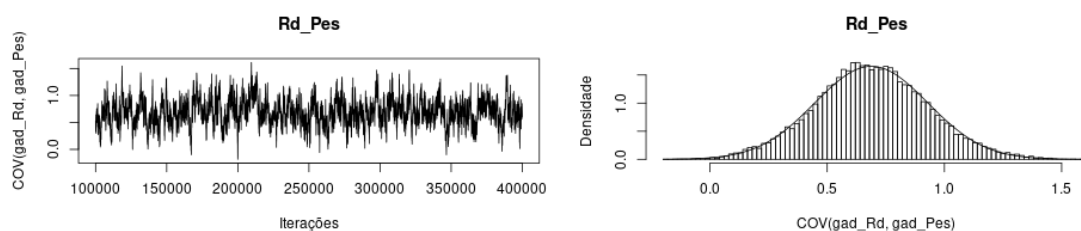


Figura 96. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto do perímetro escrotal ao sobreano.

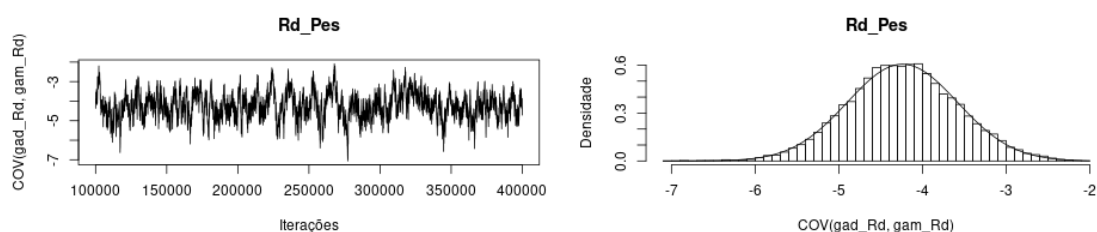


Figura 97. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

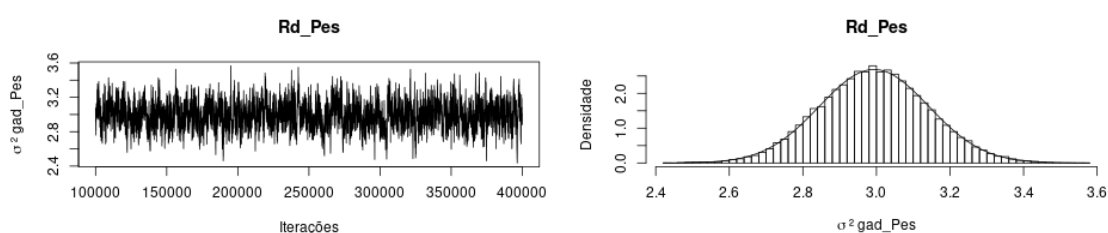


Figura 98. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto do perímetro escrotal ao sobreano.

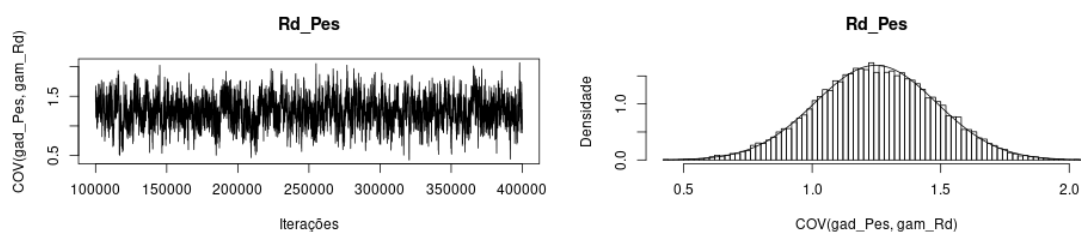


Figura 99. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto do perímetro escrotal ao sobreano e genético aditivo materno da relação de desmama.

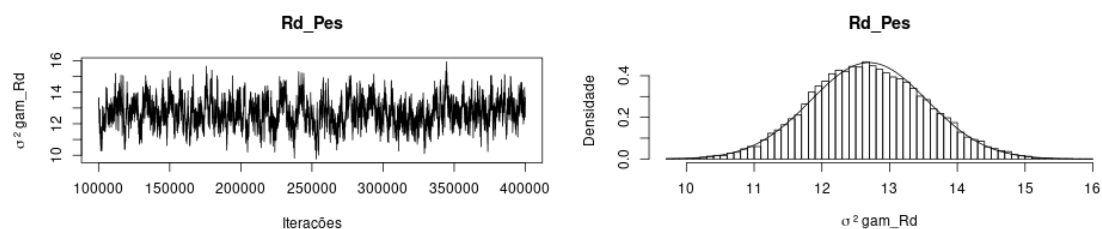


Figura 100. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

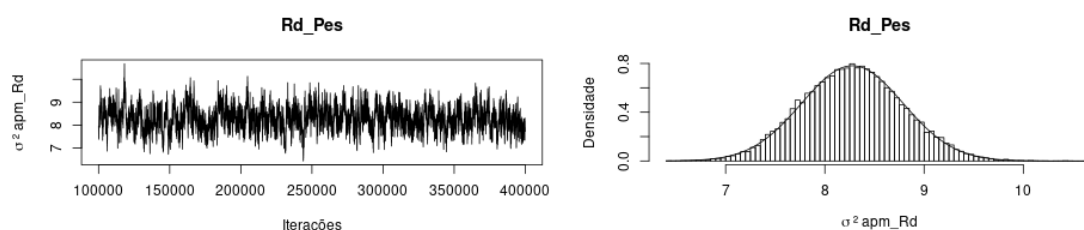


Figura 101. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

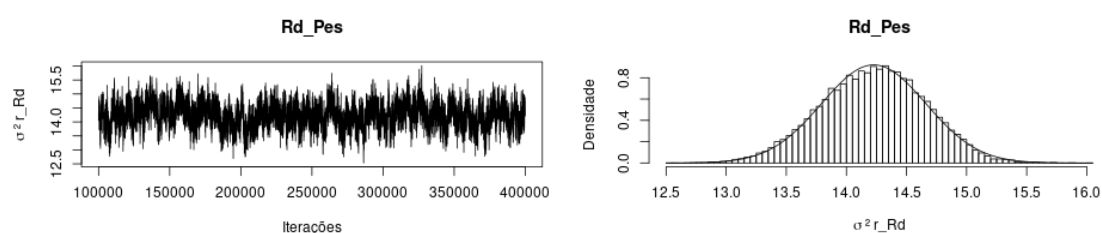


Figura 102. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

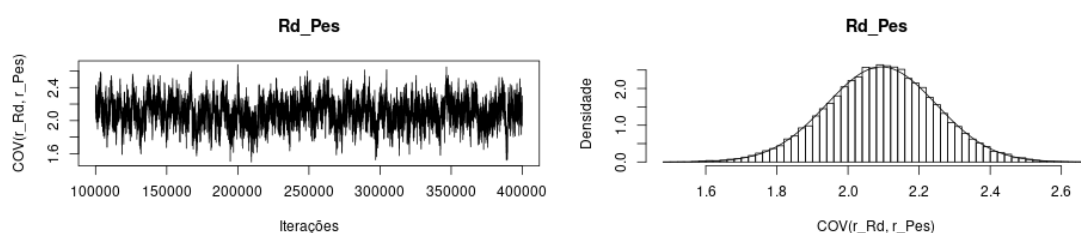


Figura 103. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual do perímetro escrotal ao sobreano.

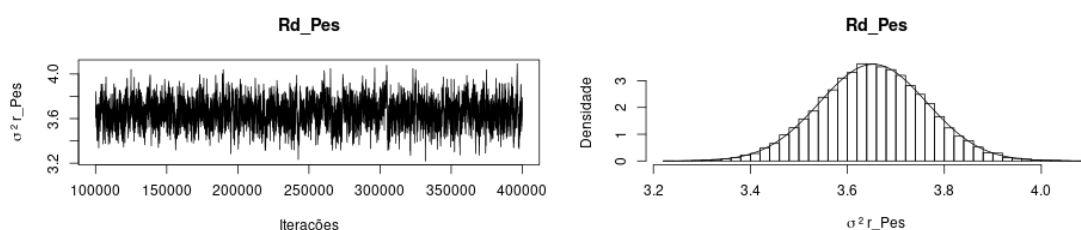


Figura 104. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual do perímetro escrotal ao sobreano.

Tabela 12. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e perímetro escrotal ao sobreano.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Pes
$\sigma^2\text{gad}$	5,944	2,993
$\text{COV}(\text{gad_Rd}, \text{gad_Pes})$	0,688	
$\text{COV}(\text{gad_Rd}, \text{gam_Rd})$	-4,240	-
$\text{COV}(\text{gad_Pes}, \text{gam_Rd})$	1,247	
$\sigma^2\text{gam}$	12,695	-
$\sigma^2\text{apm}$	8,277	-
$\sigma^2\text{r}$	14,227	3,653
$\text{COV}(\text{r_Rd}, \text{r_Pes})$	2,094	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Pes, perímetro escrotal ao sobreano.

Relação de desmama (RD%) e conformação frigorífica à desmama (CFD₁₋₆).

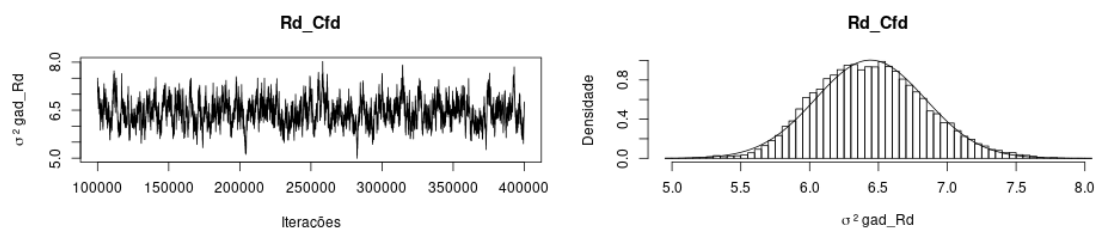


Figura 105. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

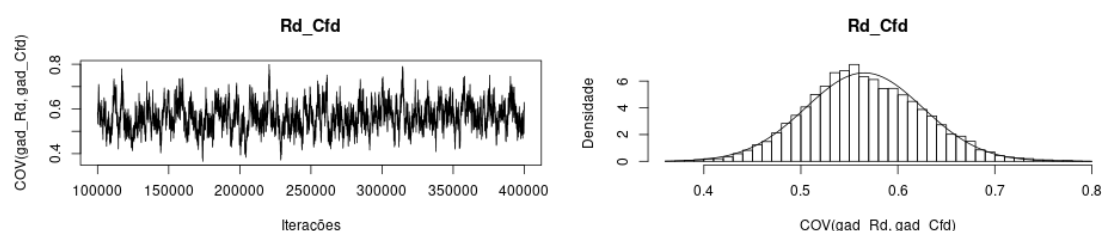


Figura 106. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto da conformação frigorífica à desmama.

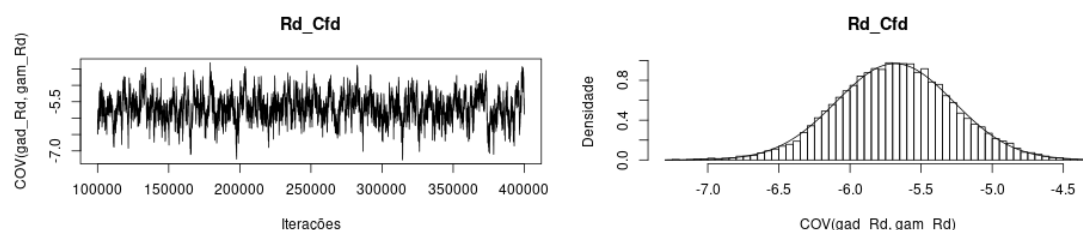


Figura 107. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

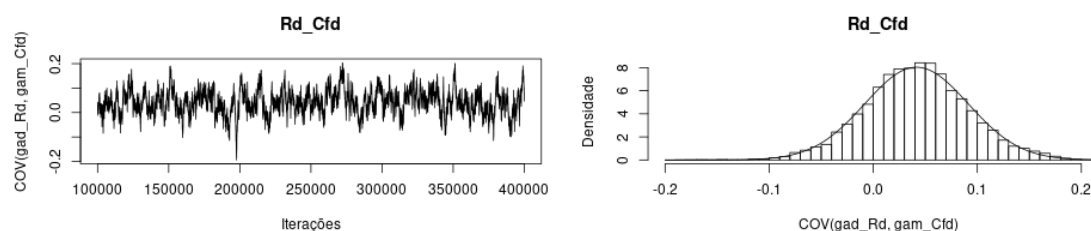


Figura 108. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo materno da conformação frigorífica à desmama.

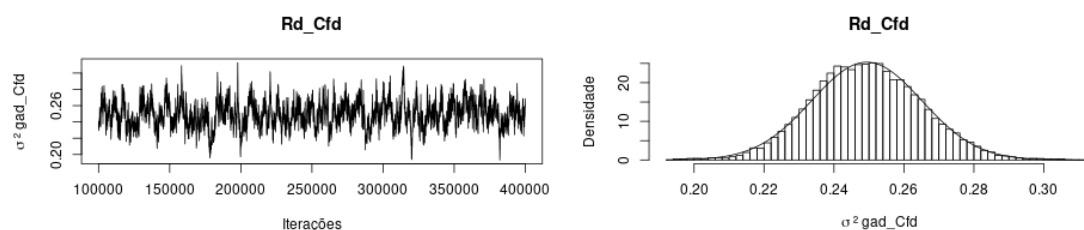


Figura 109. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da conformação frigorífica à desmama.

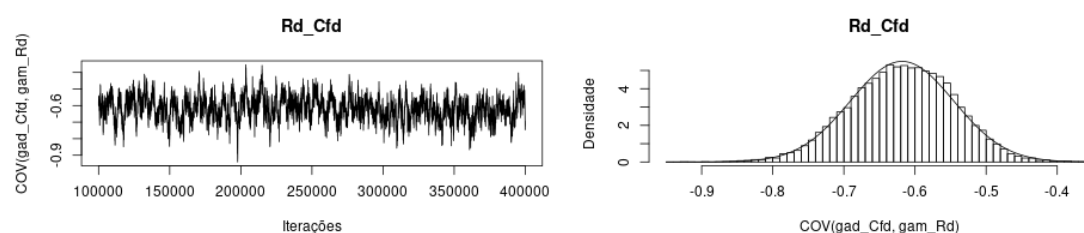


Figura 110. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da conformação frigorífica à desmama e genético aditivo materno da relação de desmama.

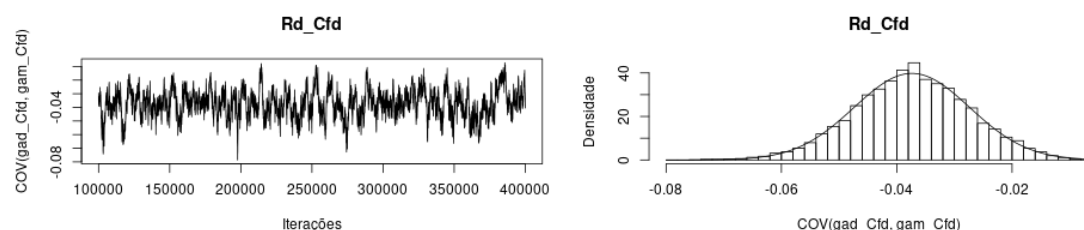


Figura 111. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da conformação frigorífica à desmama.

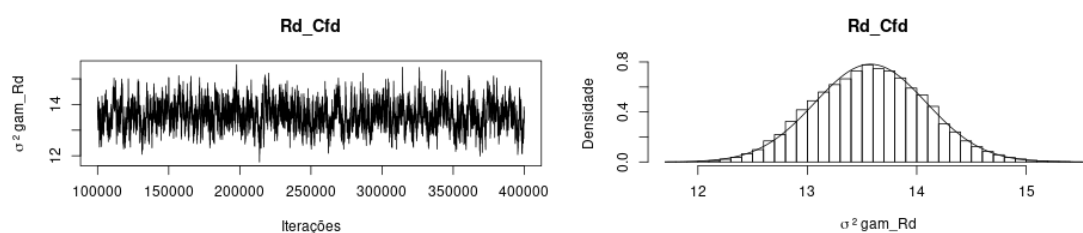


Figura 112. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

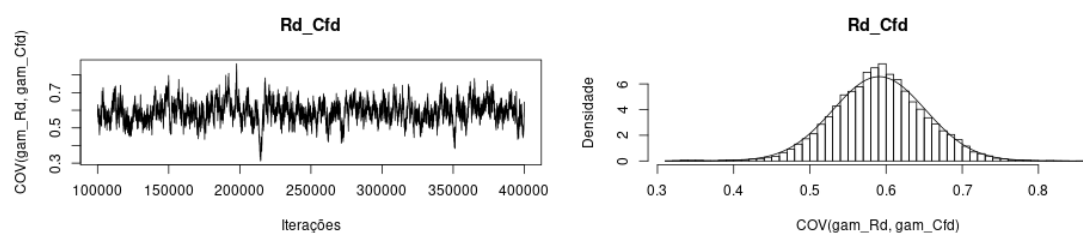


Figura 113. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo materno da relação de desmama e genético aditivo materno da conformação frigorífica à desmama.

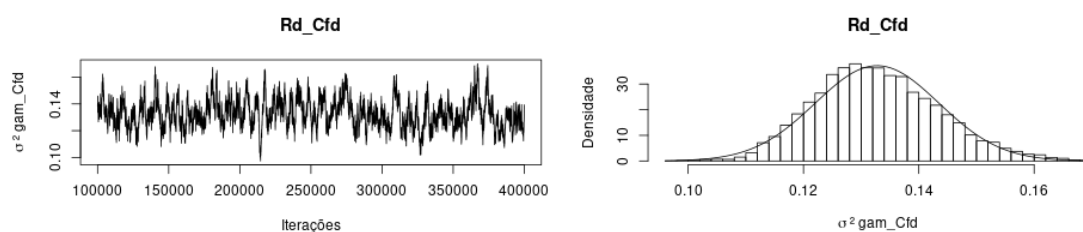


Figura 114. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da conformação frigorífica à desmama.

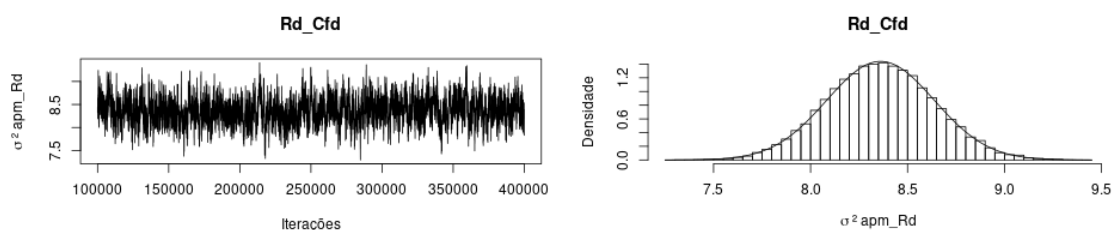


Figura 115. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

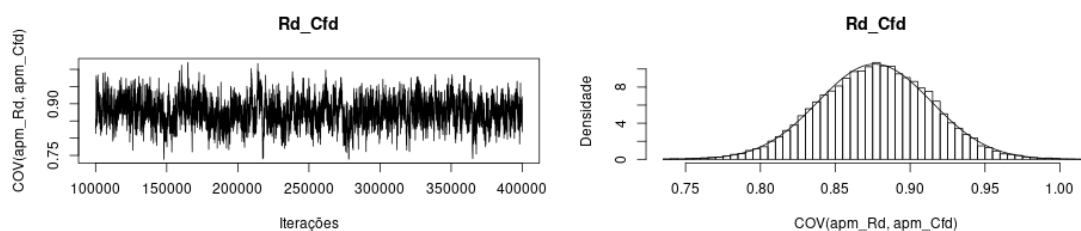


Figura 116. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos de ambiente permanente materno da relação de desmama e ambiente permanente materno da conformação frigorífica à desmama.

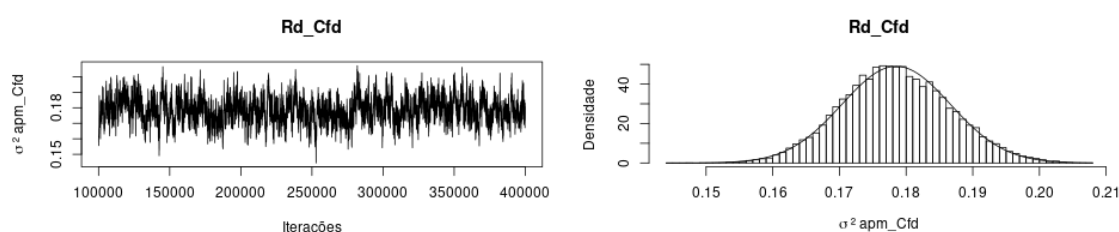


Figura 117. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da conformação frigorífica à desmama.

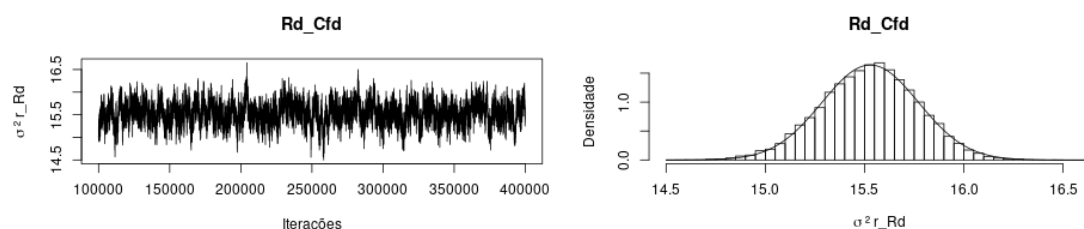


Figura 118. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

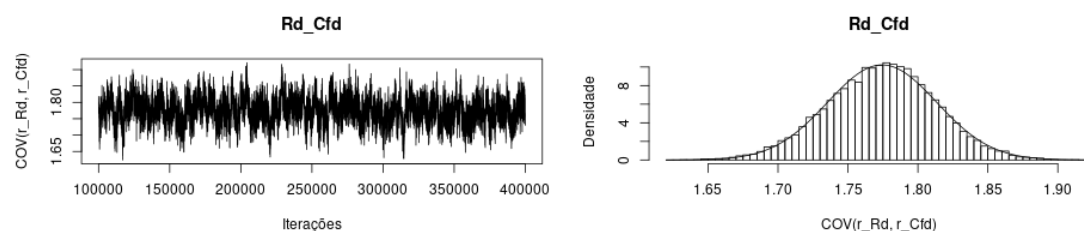


Figura 119. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual da conformação frigorífica à desmama.

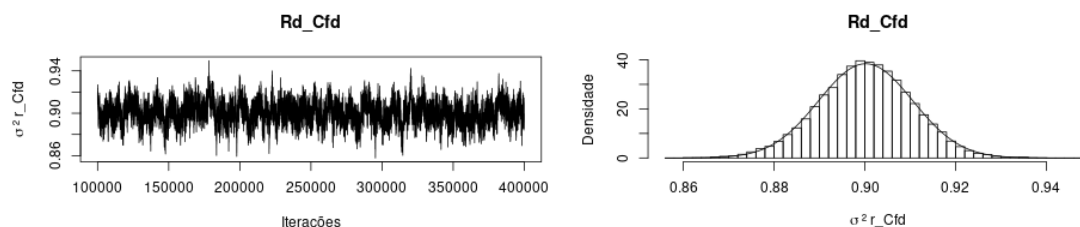


Figura 120. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da conformação frigorífica à desmama.

Tabela 13. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e conformação frigorífica à desmama.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Cfd
σ^2_{gad}	6,442	0,249
COV(gad_Rd, gad_Cfd)	0,565	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-5,684	-
COV(gad_Rd, gam_Cfd)	0,042	
COV(gad_Cfd, gam_Rd)	-0,618	
COV(gad_Cfd, gam_Cfd)	-	-0,037
σ^2_{gam}	13,578	0,133
COV(gam_Rd, gam_Cfd)	0,591	
σ^2_{apm}	8,361	0,179
COV(apm_Rd, apm_Cfd)	0,876	
σ^2_r	15,529	0,900
COV(r_Rd, r_Cfd)	1,774	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Cfd, conformação frigorífica à desmama.

Relação de desmama (RD%) e conformação frigorífica ao sobreano (CFS₁₋₆).

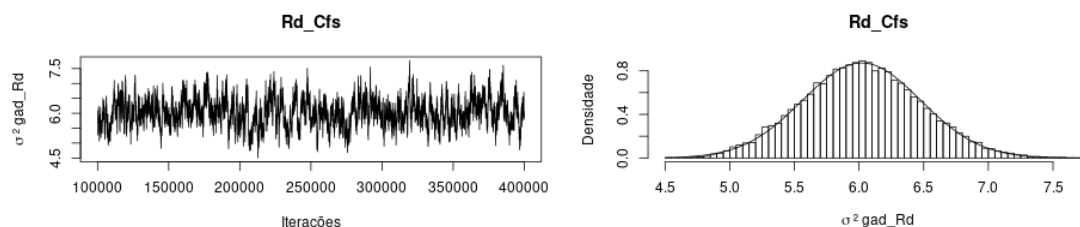


Figura 121. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

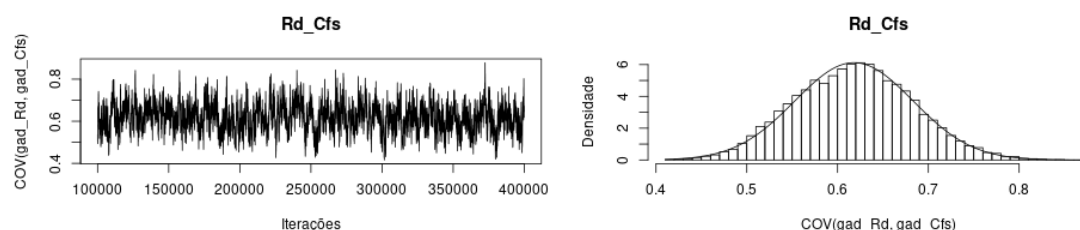


Figura 122. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto da conformação frigorífica ao sobreano.

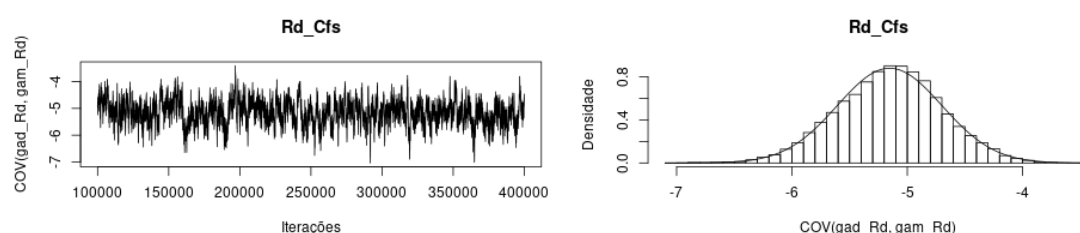


Figura 123. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

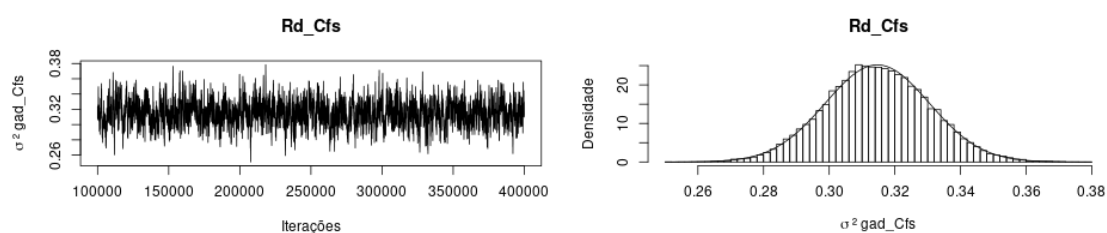


Figura 124. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da conformação frigorífica ao sobreano.

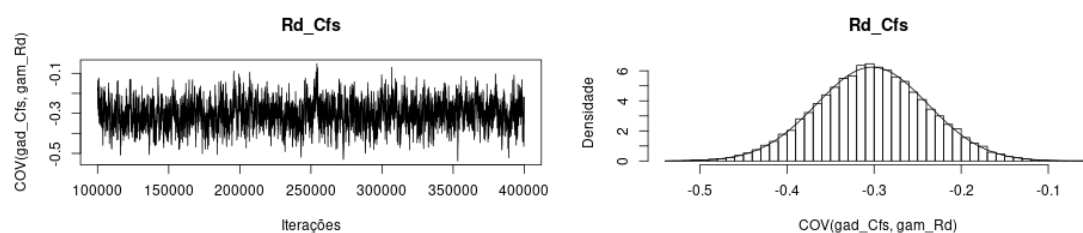


Figura 125. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da conformação frigorífica ao sobreano e genético aditivo materno da relação de desmama.

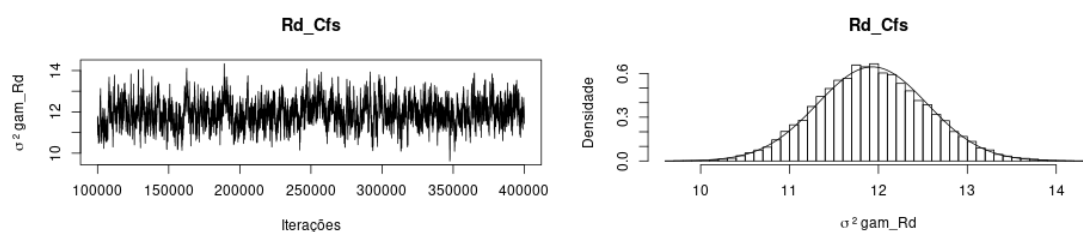


Figura 126. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

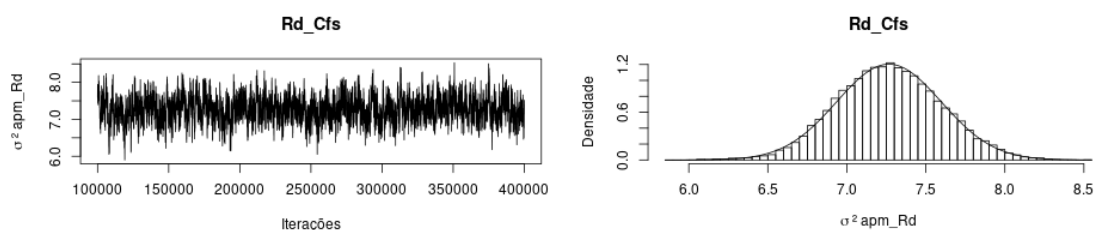


Figura 127. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

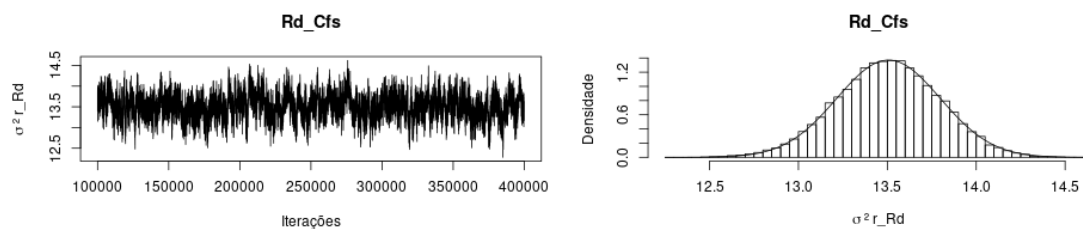


Figura 128. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

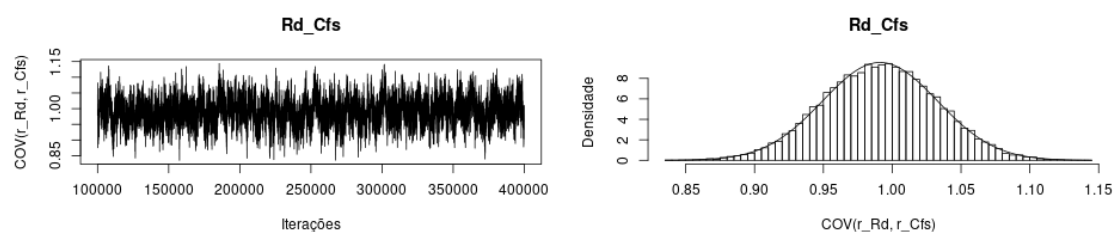


Figura 129. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual da conformação frigorífica ao sobreano.

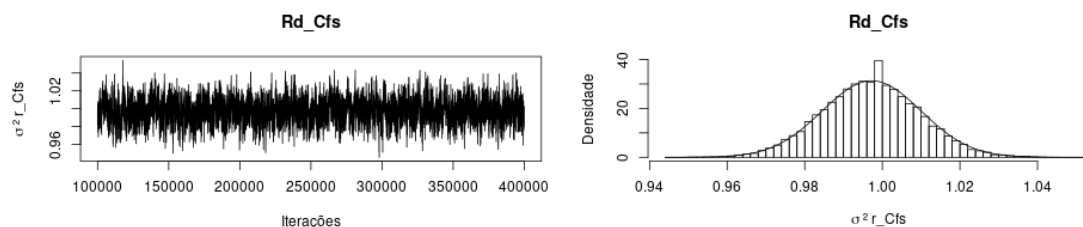


Figura 130. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da conformação frigorífica ao sobreano.

Tabela 14. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e conformação frigorífica ao sobreano.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Cfs
σ^2_{gad}	6,020	0,315
COV(gad_Rd, gad_Cfs)	0,618	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-5,153	-
COV(gad_Cfs, gam_Rd)	-0,302	
σ^2_{gam}	11,931	-
σ^2_{apm}	7,266	-
σ^2_{r}	13,507	0,997
COV(r_Rd, r_Cfs)	0,991	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Cfs, conformação frigorífica ao sobreano.

Relação de desmama (RD%) e idade ao primeiro parto (IPP_{dias}).

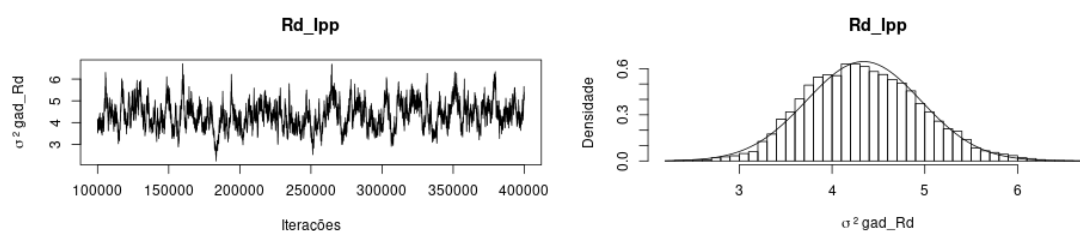


Figura 131. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

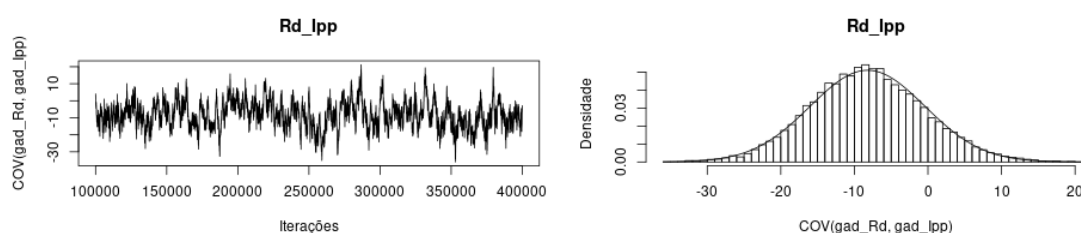


Figura 132. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto da idade ao primeiro parto.

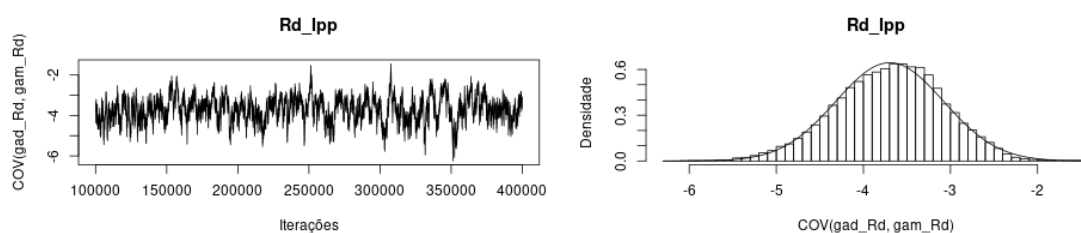


Figura 133. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

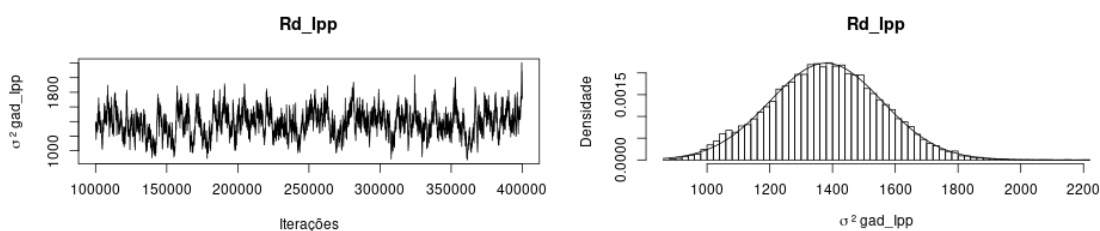


Figura 134. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da idade ao primeiro parto.

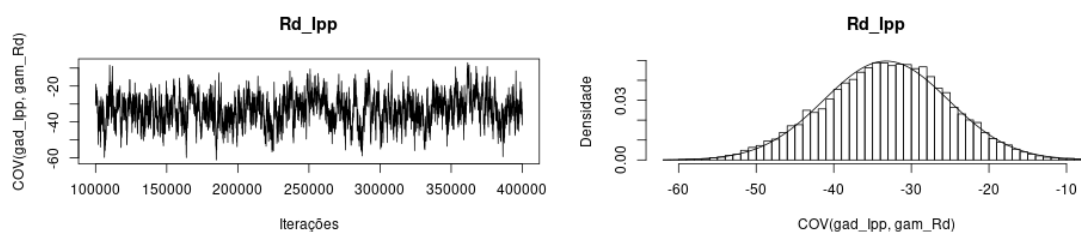


Figura 135. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da idade ao primeiro parto e genético aditivo materno da relação de desmama.

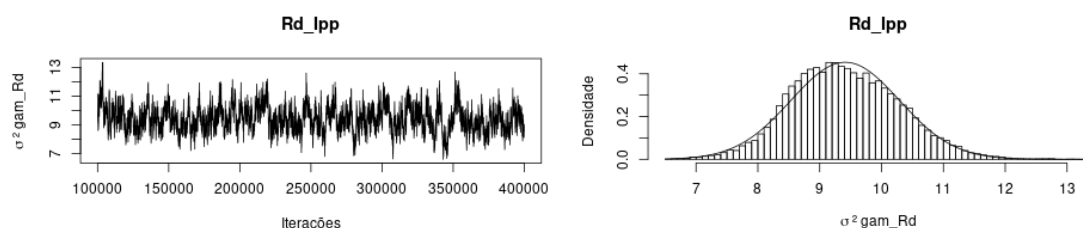


Figura 136. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

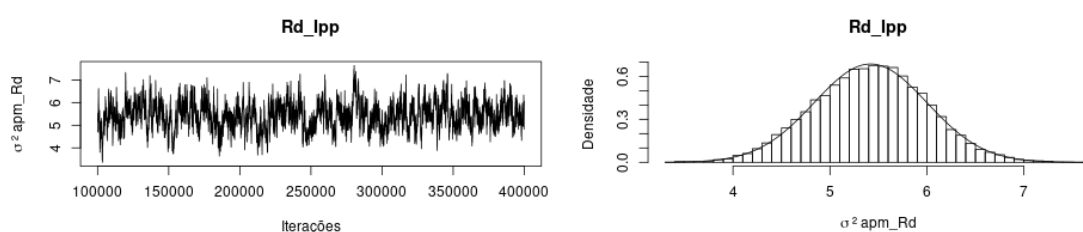


Figura 137. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

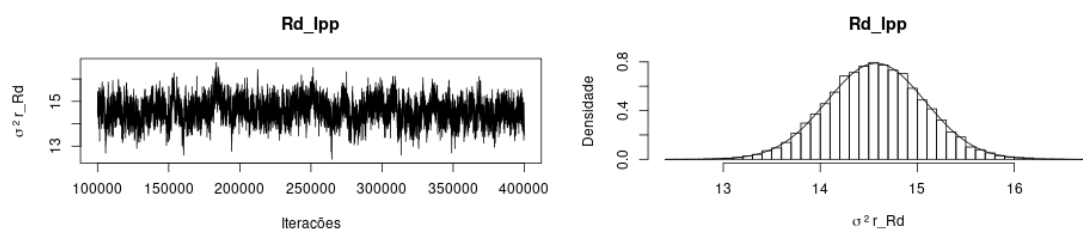


Figura 138. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

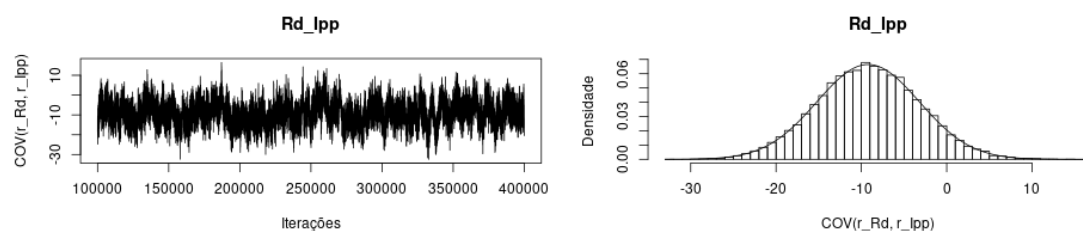


Figura 139. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual da idade ao primeiro parto.

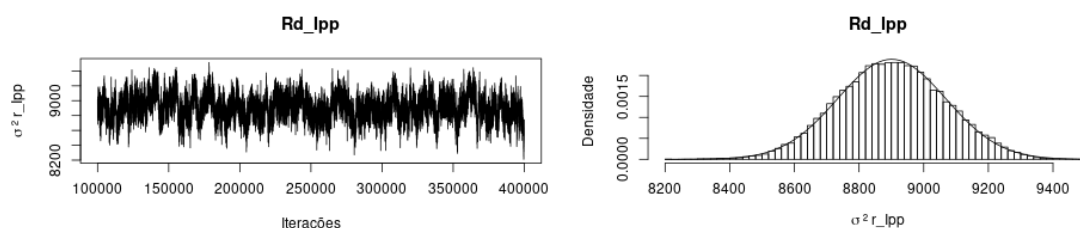


Figura 140. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da idade ao primeiro parto.

Tabela 15. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e idade ao primeiro parto.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	lpp
σ^2_{gad}	4,341	1379,365
COV(gad_Rd, gad_lpp)	-8,212	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-3,698	-
COV(gad_lpp, gam_Rd)	-33,255	
σ^2_{gam}	9,412	-
σ^2_{apm}	5,419	-
σ^2_{r}	14,575	8901,031
COV(r_Rd, r_lpp)	-9,209	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; lpp, idade ao primeiro parto.

Relação de desmama (RD%) e espessura de gordura subcutânea (EGS_{mm}).

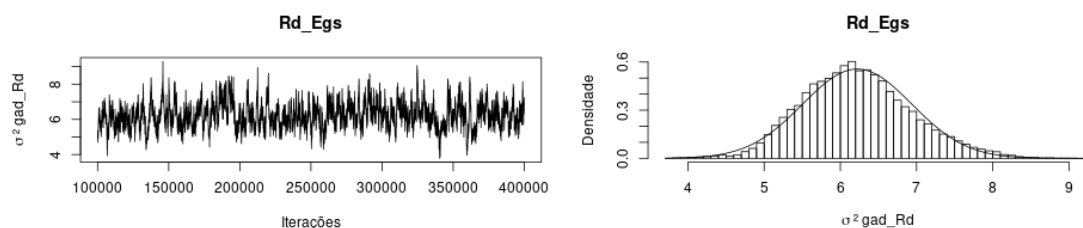


Figura 141. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

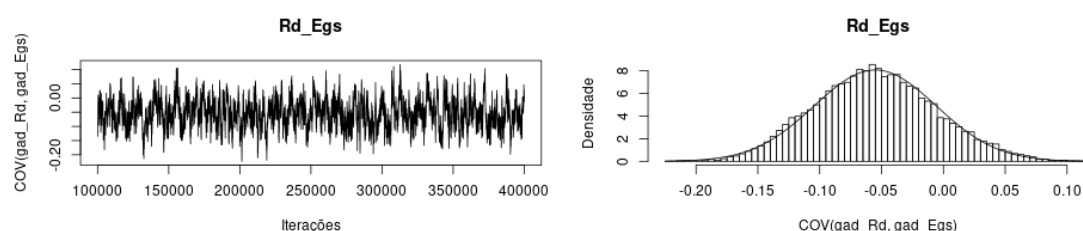


Figura 142. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto da espessura de gordura subcutânea.

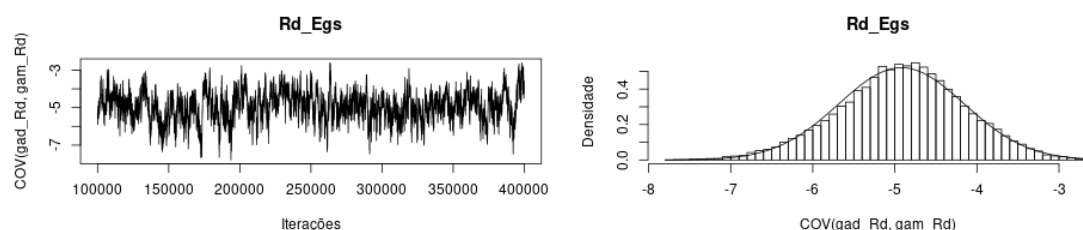


Figura 143. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

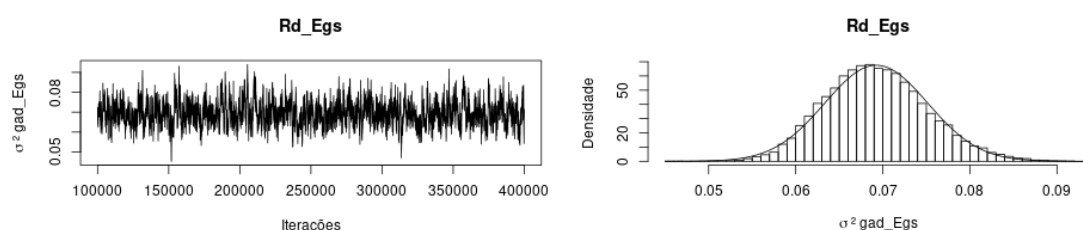


Figura 144. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da espessura de gordura subcutânea.

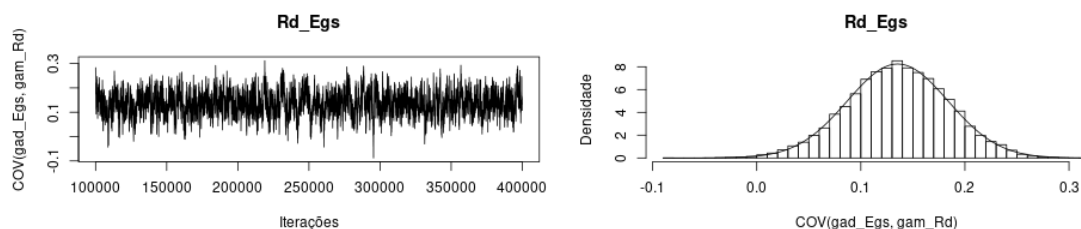


Figura 145. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição *a posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da espessura de gordura subcutânea e genético aditivo materno da relação de desmama.

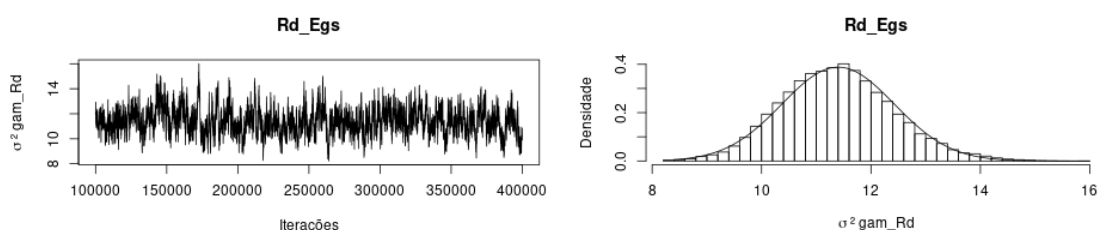


Figura 146. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição *a posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

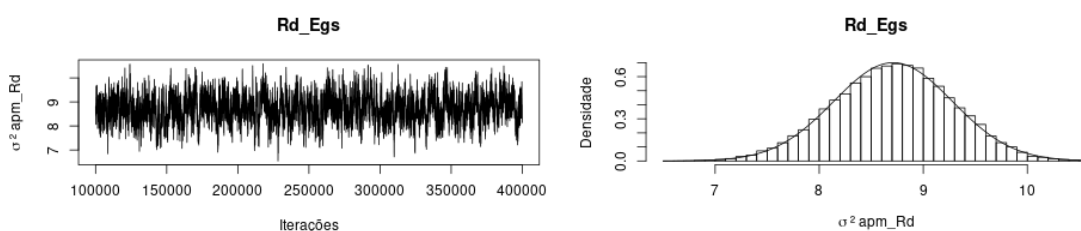


Figura 147. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição *a posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

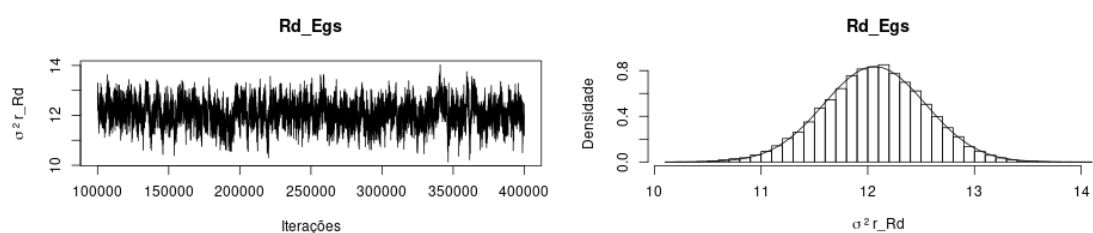


Figura 148. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

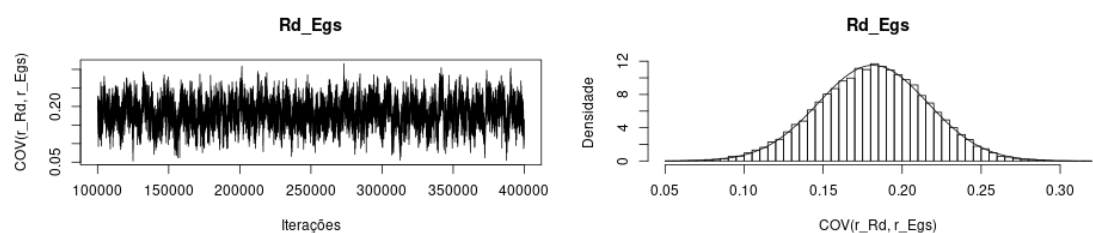


Figura 149. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual da espessura de gordura subcutânea.

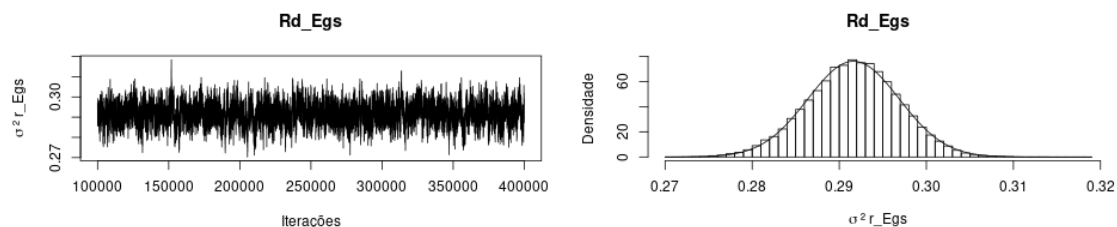


Figura 150. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da espessura de gordura subcutânea.

Tabela 16. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e espessura de gordura subcutânea.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Egs
σ^2_{gad}	6,221	0,069
COV(gad_Rd, gad_Egs)	-0,055	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-4,919	-
COV(gad_Egs, gam_Rd)	0,135	
σ^2_{gam}	11,399	-
σ^2_{apm}	8,710	-
σ^2_{r}	12,064	0,292
COV(r_Rd, r_Egs)	0,182	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Egs, espessura de gordura subcutânea.

Relação de desmama (RD%) e espessura de gordura subcutânea na garupa (EGSP8mm).

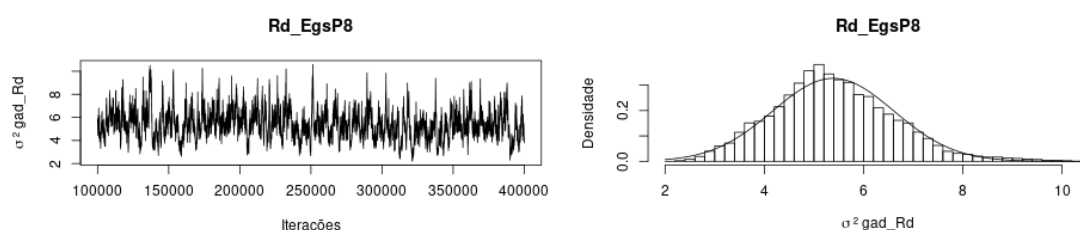


Figura 151. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

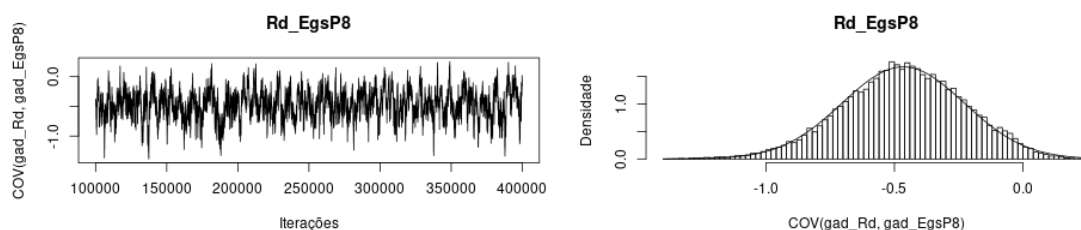


Figura 152. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição *a posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto da espessura de gordura subcutânea na garupa.

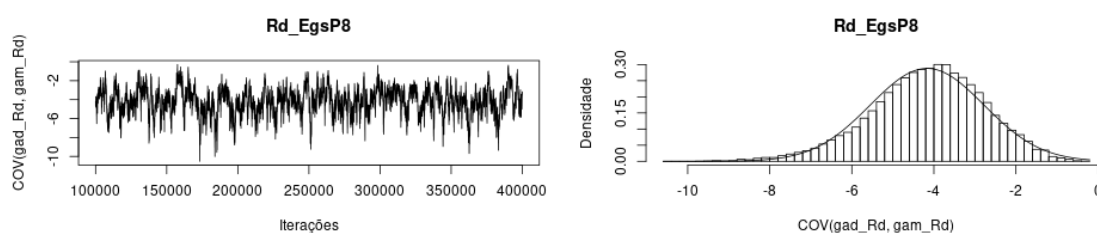


Figura 153. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição *a posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

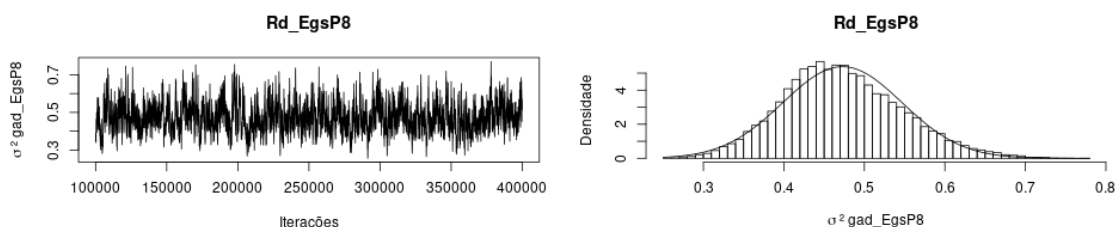


Figura 154. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição *a posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da espessura de gordura subcutânea na garupa.

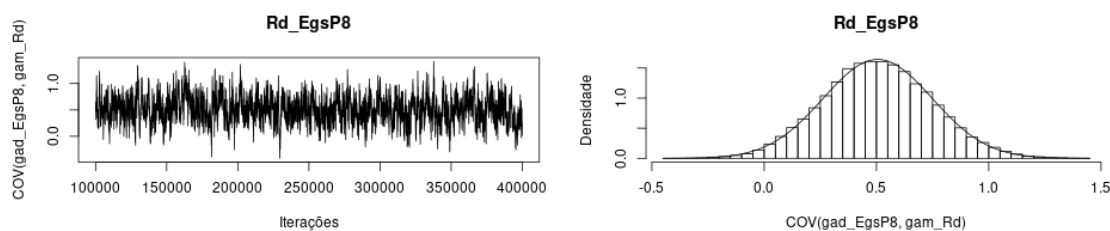


Figura 155. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição *a posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo

direto da espessura de gordura subcutânea na garupa e genético aditivo materno da relação de desmama.

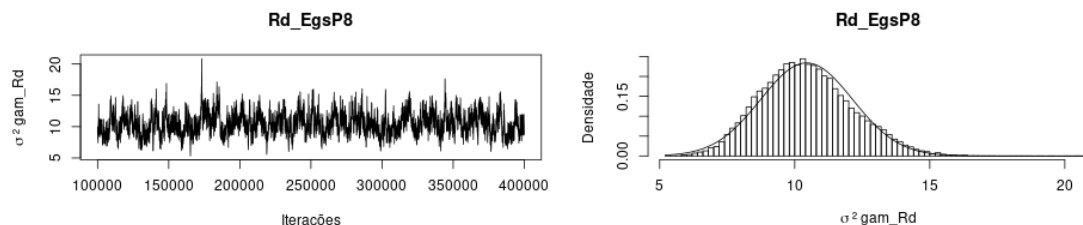


Figura 156. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

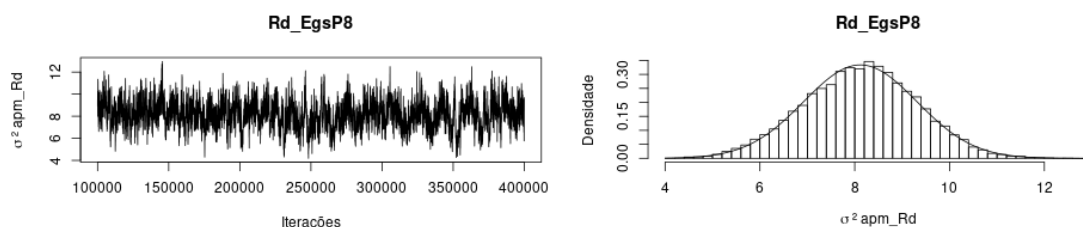


Figura 157. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

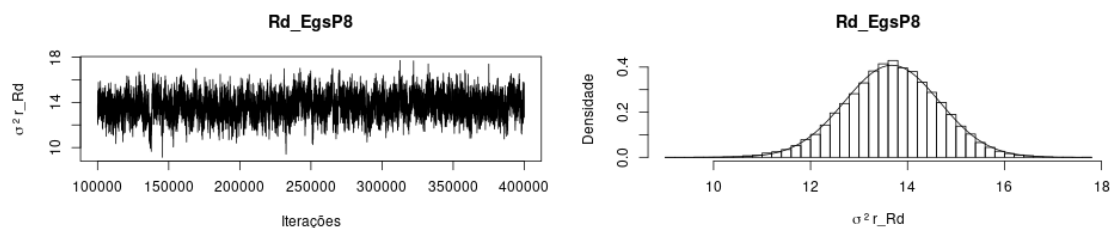


Figura 158. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

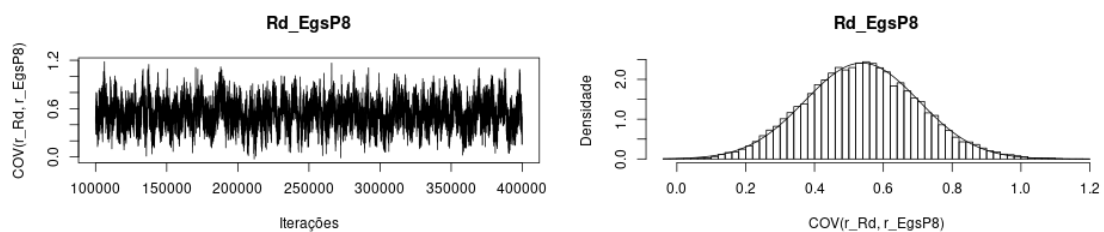


Figura 159. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual da espessura de gordura subcutânea na garupa.

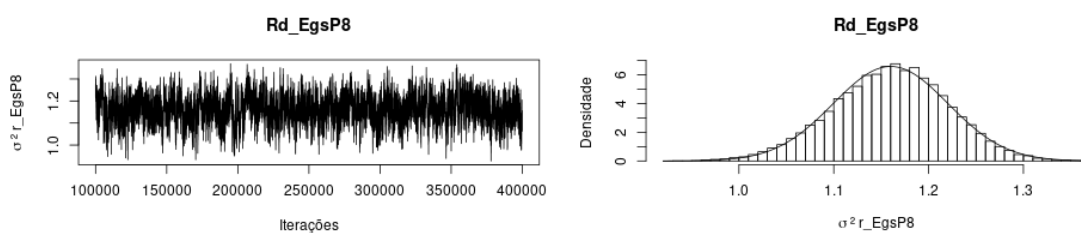


Figura 160. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da espessura de gordura subcutânea na garupa.

Tabela 17. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e espessura de gordura subcutânea na garupa.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	EgsP8
σ^2_{gad}	5,389	0,473
COV(gad_Rd, gad_EgsP8)	-0,466	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-4,165	-
COV(gad_EgsP8, gam_Rd)	0,506	
σ^2_{gam}	10,440	-
σ^2_{apm}	8,118	-
σ^2_{r}	13,678	1,160
COV(r_Rd, r_EgsP8)	0,538	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; EgsP8, espessura de gordura subcutânea na garupa.

Relação de desmama (RD%) e área de olho de lombo (AOL_{cm²}).

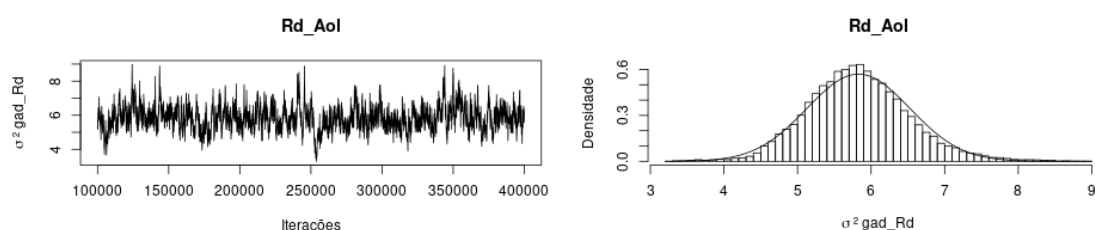


Figura 161. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

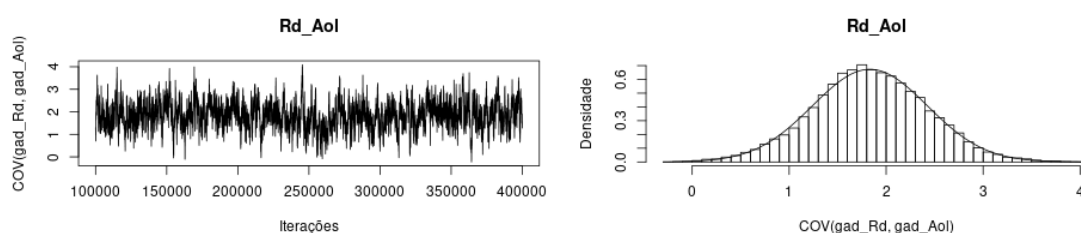


Figura 162. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto da área de olho de lombo.

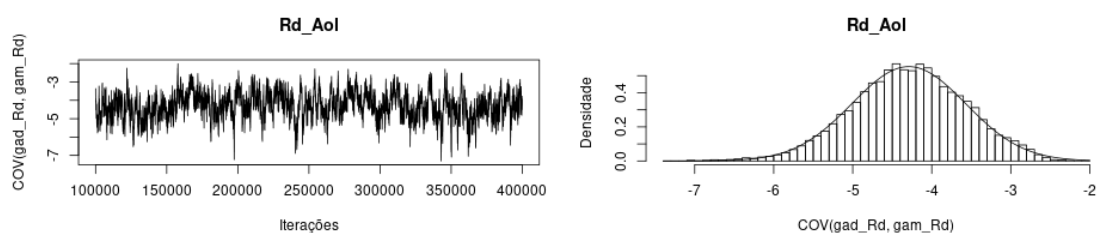


Figura 163. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

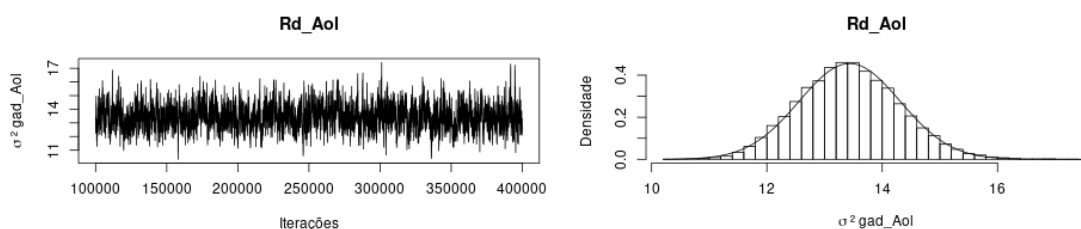


Figura 164. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da área de olho de lombo.

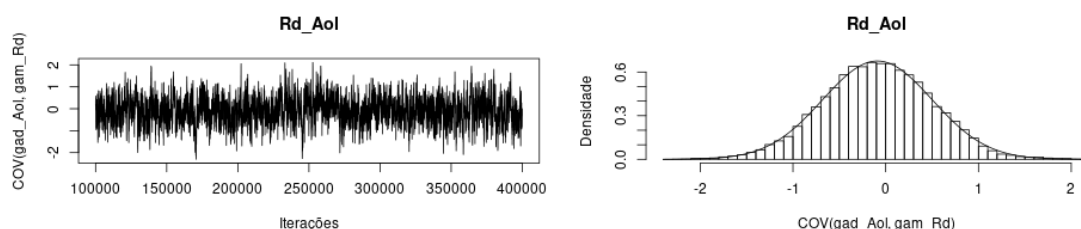


Figura 165. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da área de olho de lombo e genético aditivo materno da relação de desmama.

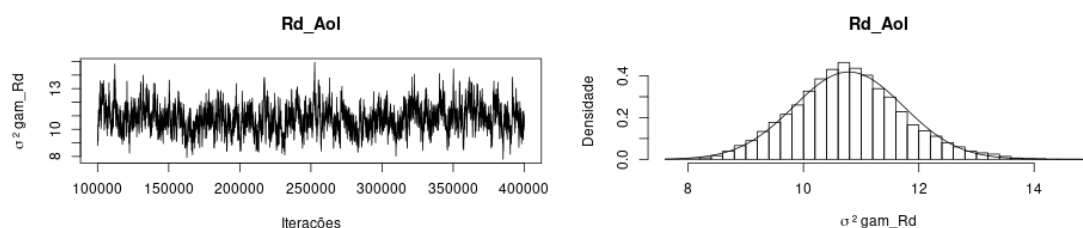


Figura 166. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

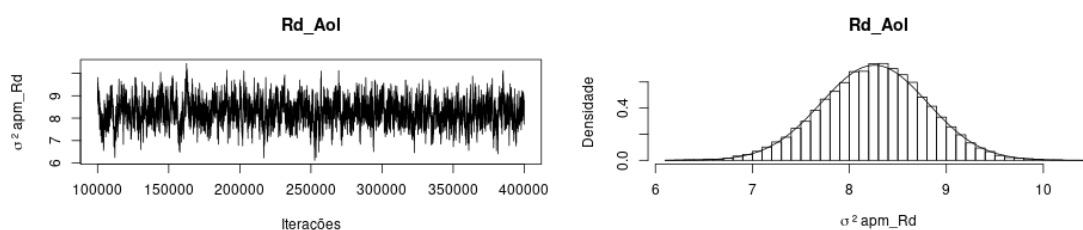


Figura 167. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

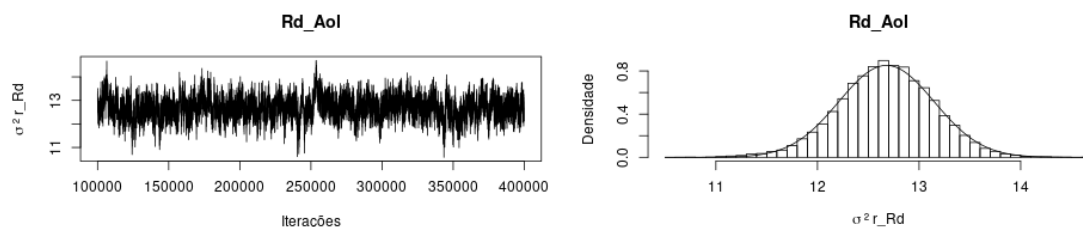


Figura 168. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

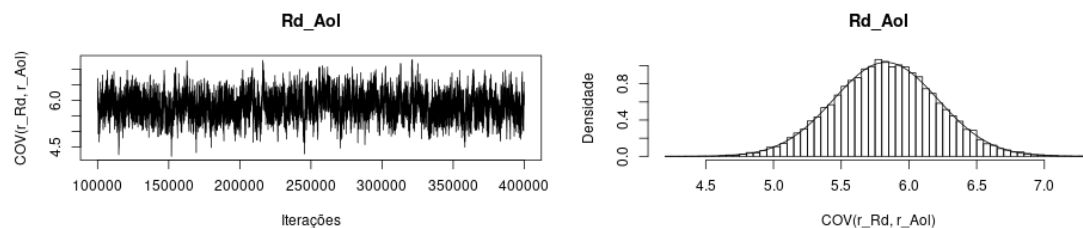


Figura 169. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual da área de olho de lombo.

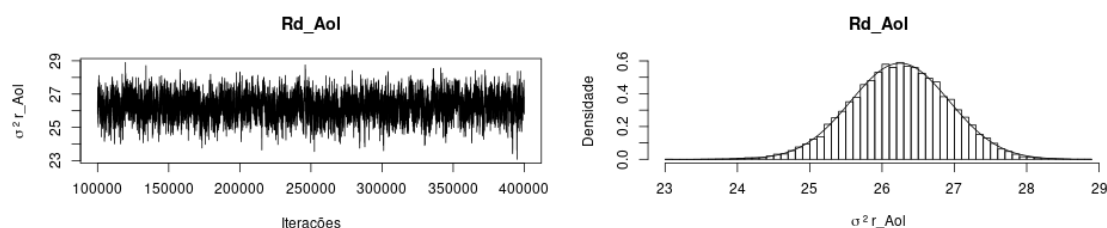


Figura 170. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da área de olho de lombo.

Tabela 18. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e área de olho de lombo.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Aol
σ^2_{gad}	5,828	13,435
COV(gad_Rd, gad_Aol)	1,832	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-4,291	-
COV(gad_Aol, gam_Rd)	-0,090	
σ^2_{gam}	10,784	-
σ^2_{apm}	8,259	-
σ^2_{r}	12,679	26,248
COV(r_Rd, r_Aol)	5,829	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Aol, área de olho de lombo.

Relação de desmama (RD%) e área de olho de lombo 450 (AOL450_{cm²}).

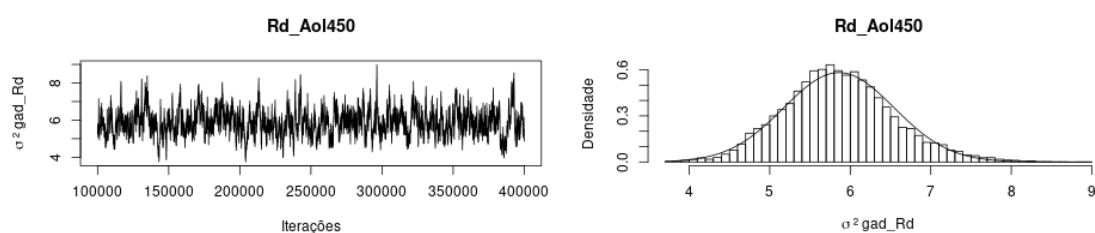


Figura 171. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

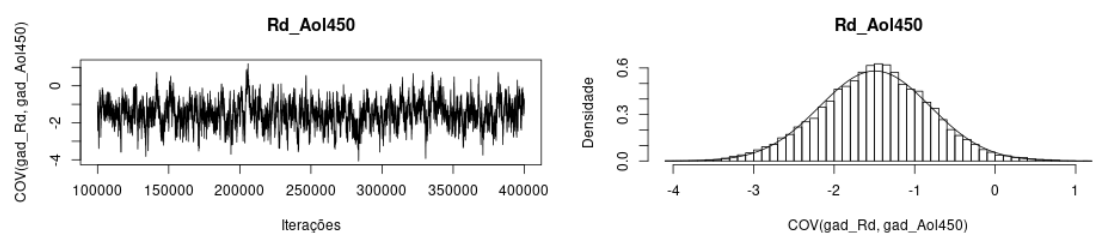


Figura 172. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto da área de olho de lombo 450.

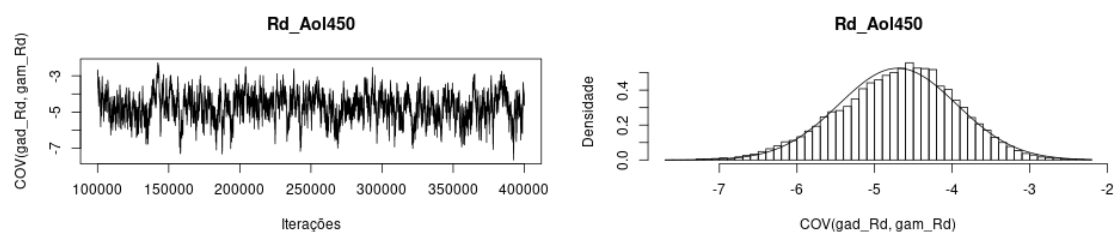


Figura 173. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

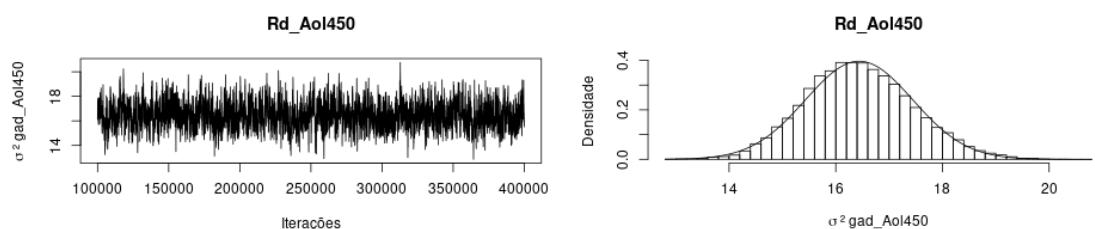


Figura 174. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da área de olho de lombo 450.

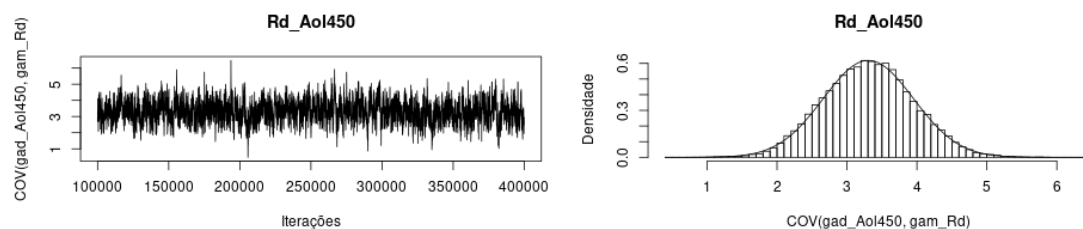


Figura 175. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da área de olho de lombo 450 e genético aditivo materno da relação de desmama.

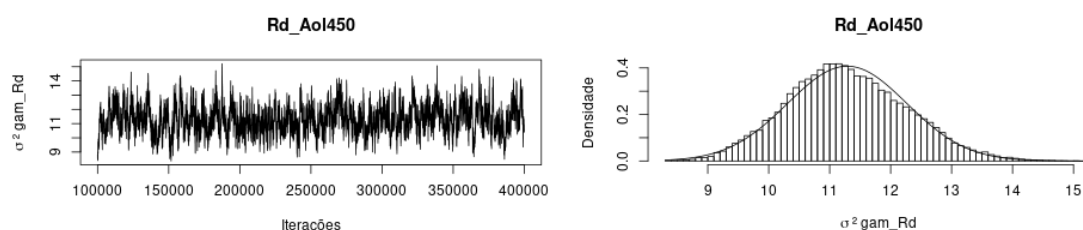


Figura 176. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

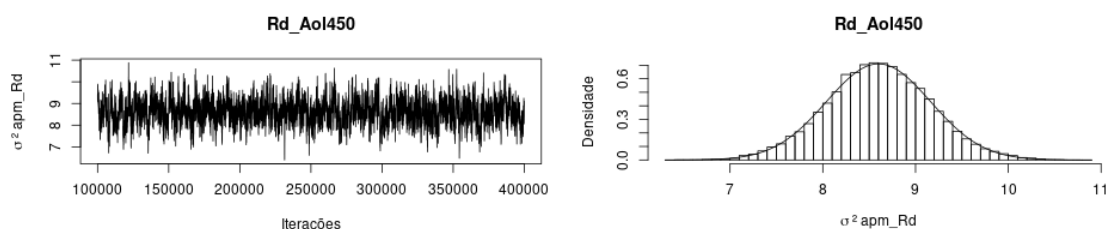


Figura 177. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

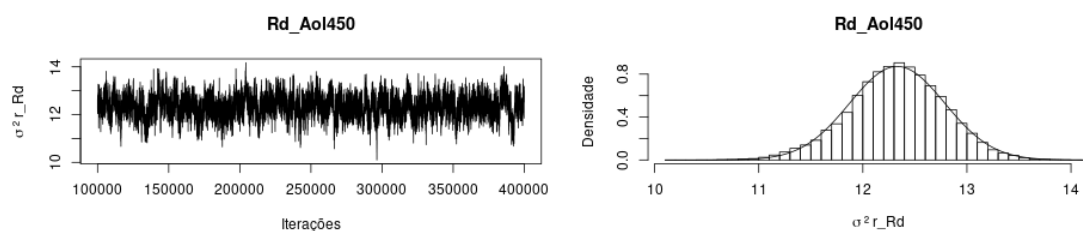


Figura 178. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a

posteriori dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

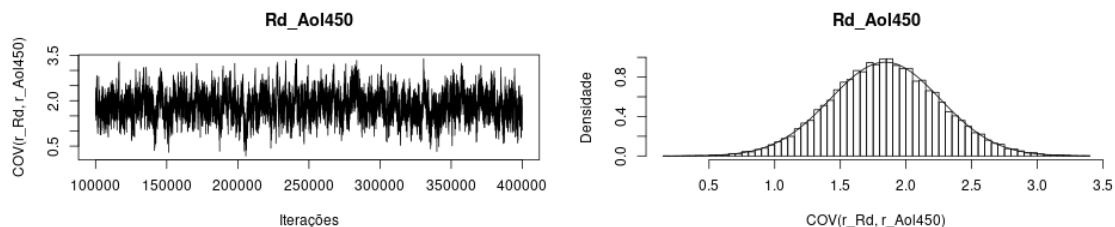


Figura 179. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual da área de olho de lombo 450.

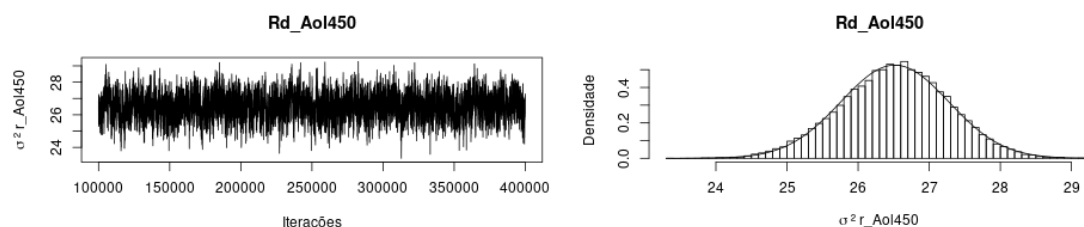


Figura 180. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da área de olho de lombo 450.

Tabela 19. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e área de olho de lombo 450.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Aol450
σ^2_{gad}	5,859	16,438
COV(gad_Rd, gad_Aol450)	-1,493	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-4,701	-
COV(gad_Aol450, gam_Rd)	3,306	
σ^2_{gam}	11,287	-
σ^2_{apm}	8,601	-
σ^2_{r}	12,330	26,515
COV(r_Rd, r_Aol450)	1,842	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Aol450, área de olho de lombo 450.

Relação de desmama (RD%) e marmoreio (MAR%).

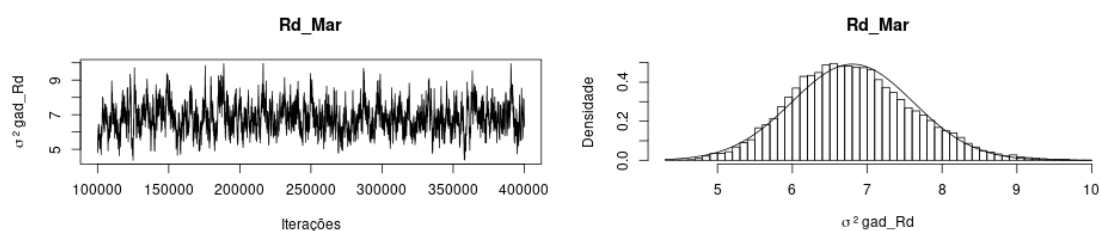


Figura 181. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto da relação de desmama.

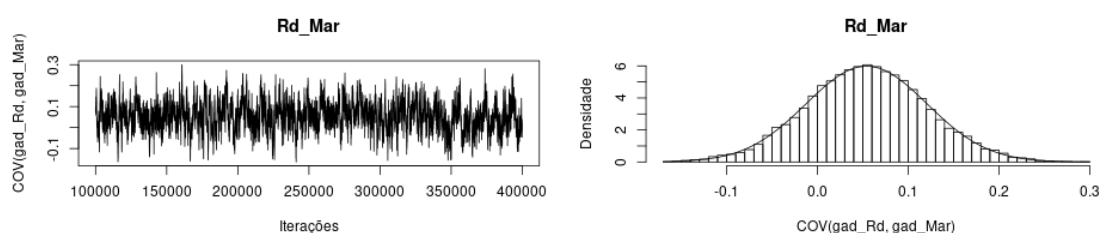


Figura 182. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto da relação de desmama e genético aditivo direto do marmoreio.

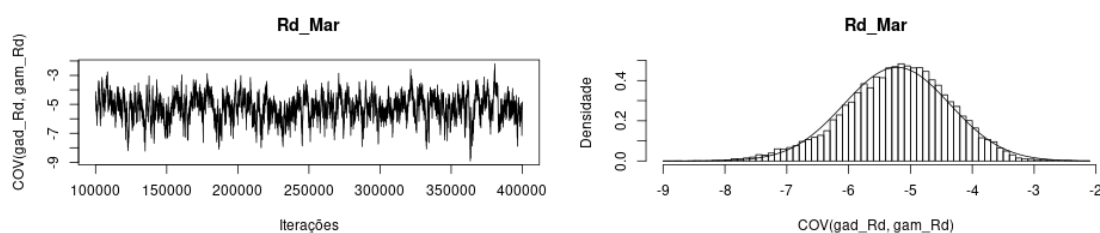


Figura 183. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

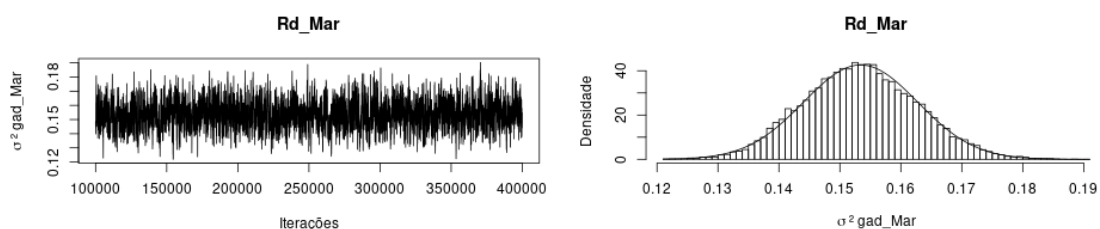


Figura 184. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo direto do marmoreio.

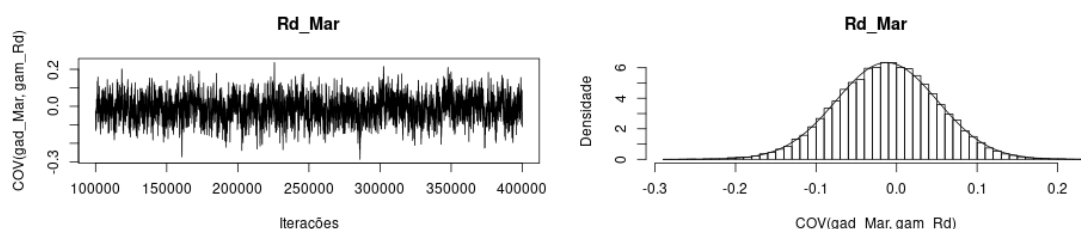


Figura 185. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos genético aditivo direto do marmoreio e genético aditivo materno da relação de desmama.

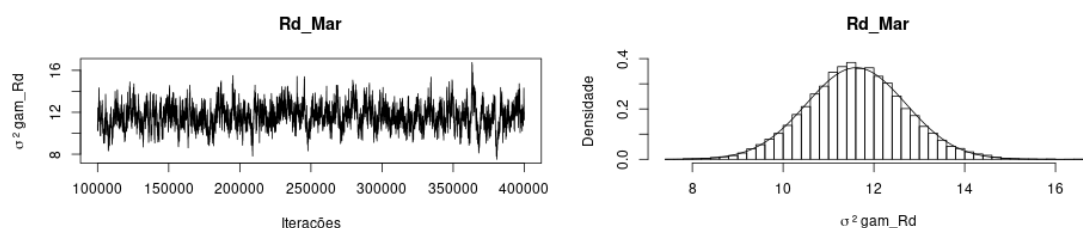


Figura 186. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito genético aditivo materno da relação de desmama.

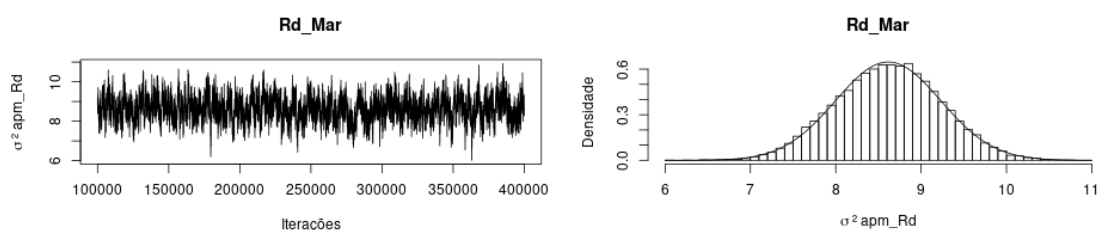


Figura 187. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito de ambiente permanente materno da relação de desmama.

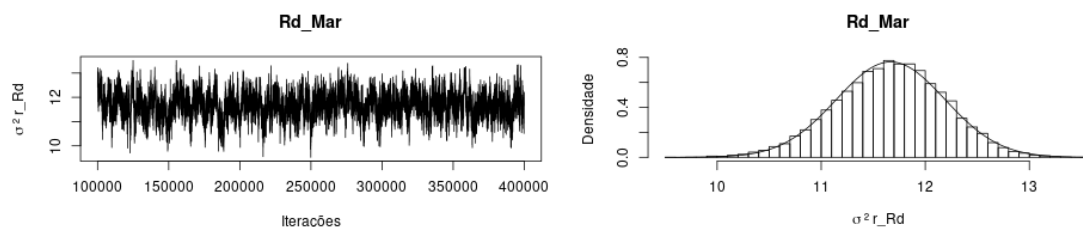


Figura 188. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual da relação de desmama.

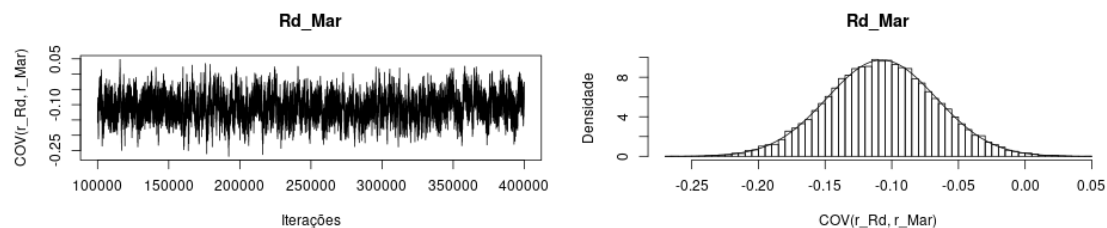


Figura 189. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a (co)variância entre os efeitos residual da relação de desmama e residual do marmoreio.

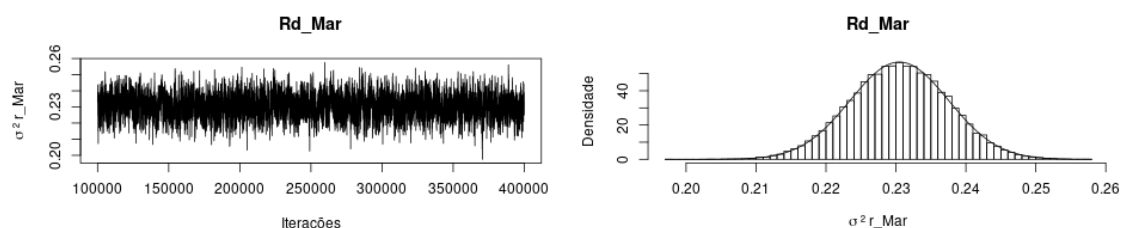


Figura 190. Gráficos de traços das iterações da cadeia de *Markov* e da distribuição a *posteriori* dos valores estimados para a variância do efeito residual do marmoreio.

Tabela 20. Médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância estimados na análise bicaracterística entre relação de desmama e marmoreio.

¹ Componente de (co)variância	² Características	
	Rd	Mar
σ^2_{gad}	6,803	0,153
COV(gad_Rd, gad_Mar)	0,054	
COV(gad_Rd, gam_Rd)	-5,219	-
COV(gad_Mar, gam_Rd)	-0,012	
σ^2_{gam}	11,609	-
σ^2_{apm}	8,614	-
σ^2_{r}	11,668	0,231
COV(r_Rd, r_Mar)	-0,108	

¹ σ^2 , variância; COV, covariância; gad, efeito genético aditivo direto; gam, efeito genético aditivo materno; apm, efeito de ambiente permanente materno; r, efeito residual; ²Rd, relação de desmama; Mar, marmoreio.