

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

MATHEUS VIEIRA DE ANDRADE

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E
REPRODUTIVAS EM BOVINOS DA RAÇA SINDI**

VIÇOSA – MINAS GERAIS

2020

MATHEUS VIEIRA DE ANDRADE

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E
REPRODUTIVAS EM BOVINOS DA RAÇA SINDI**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para a obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Paulo Sávio Lopes

Coorientadores: Fabyano Fonseca e Silva
Henrique Torres Ventura

VIÇOSA – MINAS GERAIS

2020

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

A553p
2020

Andrade, Matheus Vieira de, 1995-
Parâmetros genéticos para características produtivas e
reprodutivas em bovinos da raça Sindi / Matheus Vieira de
Andrade. – Viçosa, MG, 2020.
27 f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Paulo Sávio Lopes.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f.24-27.

1. Bovinos - Melhoramento genético. 2. Genética animal.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Zootecnia.
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 636.20855

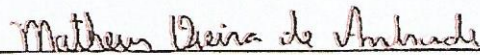
MATHEUS VIEIRA DE ANDRADE

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E
REPRODUTIVAS EM BOVINOS DA RAÇA SINDI

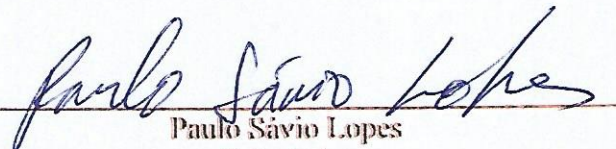
Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para a obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADO: 29 de julho de 2020

Assentimento:



Matheus Vieira de Andrade
Autor



Paulo Sávio Lopes
Orientador

AGRADECIMENTOS

A minha família, pelas oportunidades e possibilidades de crescimento, atenção, apoio, parceria e aprendizado.

A UFV pelo aprendizado, por proporcionar uma vivencia e perspectivas engrandecedoras.

A equipe de natação, pelas grandes amizades, pelas competições e pelo esporte que sempre me fez tão bem.

Aos amigos do programa de pós-graduação, pelo companheirismo e convívio, foram um grande apoio para que conseguisse realizar esta dissertação. Muito obrigado, Delvan, Teo, Pedro, Eula, Hugo, Leticia, Layla, Amanda, Natália, Alessandra e a todos do melhoramento, mesmo com o breve convívio.

Aos professores, Paulo Sávio, Fabyano e Renata, pelos quais tenho enorme gratidão, por serem gentis e sempre se colocarem a disposição de ajudar, mesmo quando ocupados, pelos ensinamentos, pela paciência, compreensão e também pelos momentos de descontração, vocês são ótimos!

Ao Departamento de Zootecnia e às instituições cujo apoio permitiram a realização deste trabalho.

A ABCZ pela contribuição e por disponibilizar os dados utilizados nesta pesquisa.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

RESUMO

ANDRADE, Matheus Vieira de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2020. **Parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas em bovinos da raça sindi.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Coorientadores: Fabyano Fonseca e Silva e Henrique Torres Ventura.

A produtividade dos bovinos de corte apresenta variações dentre diferentes regiões brasileiras, as quais podem ser causadas por diferenças ambientais e tecnológicas. Nesse âmbito, podem ser escolhidas raças que apresentem boa interação entre genótipo e ambiente de modo a tornar a criação mais eficiente. A raça Sindi se destaca quanto a capacidade de se desenvolver em ambientes com poucos recursos e condições climáticas desafiadoras. Portanto, o conhecimento dos parâmetros genéticos da raça, os quais são escassos na literatura, é fundamental para consolidar programas de melhoramento genético eficientes visando aumentar os ganhos genéticos e a importância da raça no cenário atual da bovinocultura de corte. Diante do exposto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas da raça Sindi, por meio de análises multicaracterísticas, via inferência Bayesiana. O conjunto de dados foi fornecido pela Associação Brasileira de Criadores dos Zebu - ABCZ, e contemplou informações de registro dos animais identificados e avaliados fenotipicamente pela associação desde 1955 até 2019. No total, foram utilizadas informações de 49.849 animais no pedigree; e 6.984, 5.590 e 1.353 animais para idade ao primeiro parto – IPP, peso ao desmame – P210 e perímetro escrotal ao ano – PE365, respectivamente. Foram estimadas herdabilidades e intervalos de credibilidade de 0,14 (0,08; 0,19); 0,22 (0,14; 0,29) e 0,46 (0,26; 0,67) para IPP, P210 e PE365, respectivamente. Também foram estimadas correlações genéticas e intervalos de credibilidade: -0,41 (-0,76; -0,06); -0,61 (-0,86; -0,36); 0,64 (0,45; 0,83) entre IPP e PE365, IPP e P210 e entre P210 e PE365, respectivamente. A h^2 materna para P210 foi de 0,05 (0,02; 0,08). A tendência genética demonstra ganho genético anual para IPP (-3,04 dias) e redução dos ganhos genéticos para as características P210 (-0,19 kg) e PE365 (-0,31 cm). Os resultados indicam viabilidade de seleção genética das características estudadas, seja pela seleção direta (PE365) ou indireta (IPP e P210).

Palavras-chave: Parâmetro genético. Idade ao primeiro parto. Perímetro escrotal. Peso ao desmame. Análise multicaracterística. Herdabilidade. Correlação genética. Tendência genética.

ABSTRACT

ANDRADE, Matheus Vieira de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2020. **Genetic parameters for productive and reproductive traits in sindi cattle.** Adviser: Paulo Sávio Lopes. Co-advisers: Fabyano Fonseca e Silva and Henrique Torres Ventura.

The productivity of beef cattle varies between different Brazilian regions, which can be caused by environmental and technological differences. In this context, breeds with good interaction between genotype and environment can be chosen in order to make breeding more efficient. The Sindi breed stands out in terms of the ability to develop in environments with few resources and challenging climatic conditions. Therefore, knowledge of the breed's genetic parameters, which are scarce in the literature, is essential to consolidate efficient breeding programs aiming to increase genetic gains and the importance of the breed in the current scenario of beef cattle. In view of the above, the objective was to estimate genetic parameters for productive and reproductive traits in Sindhi cattle, using multi-trait analysis, via Bayesian inference. The data set was provided by the Brazilian Zebu Breeders Association - ABCZ, and included information on registration of animals identified and phenotypically evaluated by the association from 1955 to 2019. In total, information from 49,849 animals was used in the pedigree; and 6,984, 5,590 and 1,353 animals for age at first calving - IPP, weaning weight - P210 and scrotal perimeter per year - PE365, respectively. Heritabilities and credibility intervals of 0.14 (0.08; 0.19); 0.22 (0.14; 0.29) and 0.46 (0.26; 0.67) were estimated for IPP, P210 and PE365, respectively. Genetic correlations and credibility intervals were also estimated: -0.41 (-0.76; -0.06); -0.61 (-0.86; -0.36); 0.64 (0.45; 0.83) between IPP and PE365, IPP and P210 and between P210 and PE365, respectively. The maternal h^2 for P210 was 0.05 (0.02; 0.08). The genetic trend shows annual genetic gain for IPP (-3.04 days) and reduction of genetic gains for the characteristics P210 (-0.19 kg) and PE365 (-0.31 cm). The results indicate the feasibility of genetic selection of the studied traits, either by direct (PE365) or indirect (IPP and P210) selection.

Keywords: Genetic parameter. Age at first calving. Scrotal perimeter. Weight at weaning. Multi-trait analysis. Heritability. Genetic correlation. Genetic trend.

SUMÁRIO

1 – INTRODUÇÃO	7
2 – REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	8
2.1 – Raça Sindi	8
2.2 – Parâmetros genéticos	9
2.2.1 – Idade ao primeiro parto	11
2.2.2 – Perímetro escrotal	12
2.2.3 – Peso ao desmame	12
2.2.4 – Correlações genéticas	13
3 – MATERIAL E MÉTODOS	13
3.1 – Análise de dados	14
3.2 – Estimação dos componentes de covariância e parâmetros genéticos	16
3.3 – Ganhos genéticos e tendências genéticas	18
4 – RESULTADOS	18
5 – DISCUSSÃO	21
6 – CONCLUSÃO	23
7 – REFERÊNCIAS	24

1 – INTRODUÇÃO

No Brasil, estima-se que entre 2018 e 2028 ocorra um aumento na produção total de carne bovina de 14,3%, apesar dessa demanda, há uma previsão de pequeno crescimento do rebanho brasileiro de 2,7%, redução de 5,2% na área de pastagens e aumento de 7,5% na taxa de ocupação, em UA/ha (ABIEC, 2019). Espera-se que o aumento na produção seja resultado atribuído ao aumento na produtividade, resultante de melhorias obtidas na genética e no manejo nutricional e sanitário (OECD-FAO, 2018).

Esse cenário de crescimento na produção é projetado para todo o Brasil, no entanto, a produtividade e a distribuição de bovinos de corte apresentam taxas diferentes ao considerar as diferentes regiões brasileiras. A região nordeste, por exemplo, possui 13,04% do rebanho bovino e contribui com 8,65% da produção de carne nacional (IBGE, 2018).

A menor produtividade nordestina pode ser explicada, pelo clima predominantemente semiárido, sujeito a grande amplitude térmica e menor disponibilidade de recursos. Uma alternativa para mitigar esta situação é a utilização de animais com capacidade de adaptar, de modo eficiente, a estas características. Diante deste cenário, a raça Sindi se destaca quanto a sua capacidade adaptativa às condições da região nordeste e tem sido amplamente empregada nos sistemas de produção dessa região. A adaptabilidade está relacionada a origem desta raça zebuína, na região de Kohistan no Paquistão, caracterizado pelo clima semiárido (PEEL, FINLAYSON e MCMAHON, 2007), adversidades climáticas semelhantes às encontradas no Nordeste, as quais colaboraram com a formação de características da raça como: pequeno porte, rusticidade e fertilidade mesmo em condições adversas.

Ter animais adaptados ao ambiente é importante, mas é imprescindível fazer o melhoramento e obter progresso genético para ter sistemas produtivos mais eficientes e rentáveis. No entanto, a maioria dos estudos com a raça Sindi são referentes a animais com aptidão para leite decorrentes de outros países. Para desenvolvimento de programas de melhoramento genético é importante conhecer os parâmetros genéticos da população (KENNEDY, 1981), pois podem ser utilizados para promover ganhos produtivos, ponderais e de qualidade, geneticamente permanentes (WRIGHT, 1921), valorizando e viabilizando ainda mais os animais, o que também se aplica a raça Sindi. No entanto, existem poucos estudos científicos reportando estimativas de parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas na raça Sindi com aptidão para corte no Brasil.

O estudo dos parâmetros genéticos pode ser baseado nas características que se deseja aprimorar no rebanho, objetivo de seleção, como maior ganho de peso e precocidade. Para que o objetivo seja alcançado são utilizados critérios de seleção, que são características que serão utilizadas para mensurar o ganho genético e proporcionar a melhoria desejada. Dentre as diversas características que podem ser utilizadas como critério de seleção, três apresentam grande potencial e viabilidade de utilização, idade ao primeiro parto – IPP, peso ao desmame – P210 e perímetro escrotal ao ano – PE365.

Portanto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos, componentes de covariâncias, herdabilidades e correlações genéticas para as características IPP, P210 e PE365 para bovinos da raça Sindi.

2 – REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 – Raça Sindi

A raça Sindi, também conhecida como Red Sindhi, é originária da região de Kohistan, situada no Paquistão, local com condições edafoclimáticas desafiadoras, tendo solos arenosos e pedregosos, clima predominantemente semiárido, apresentando pluviosidade anual entre 250 e 300 mm e temperaturas variando de 1,6° a 48°C, com médias 32°C no verão e de 19°C no inverno (SANTIAGO, 2009).

A adaptação à região de origem promoveu grande rusticidade a raça Sindi, apresentando boa resistência ao carrapato, doenças, capacidade de crescer em ambientes com pouca disponibilidade de recursos, resistência ao calor, sendo capaz de manter boa fertilidade mesmo nessas condições (FARIA *et al.*, 2001; TIWARI *et al.*, 2012). Inicialmente, os animais eram criados apenas para a produção de leite com alimentação a pasto, feita por práticas criatórias nômades ou através do fornecimento de concentrados, sendo realizada a seleção para produção de leite (SANTIAGO, 2009).

Os animais Sindi são caracterizados pelo pequeno a médio porte, com peso médio de 350 e 460 kg e altura de cernelha média de 117 e 134 para fêmeas e machos, respectivamente (AFZAL e NAQVI, 2004; JOSHI e PHILLIPS, 1953; RAHWAY, 1985; RATHORE, 1949; SANTIAGO, 2009). A raça pertence ao Grupo III de tipos básicos indianos, apresenta pelos curtos e avermelhados, com tonalidades variando de acordo com o sexo do animal, ampla barbela, podendo ter cornos curtos e voltados para cima (JOSHI e PHILLIPS, 1953; SANTIAGO, 2009) ou mesmo podendo ser mocha, tendo animais assim registrados no Brasil desde 2002 (ABCSINDI, 2019).

A grande rusticidade da raça permite que ela seja utilizada em ambientes brasileiros com menor disponibilidade de recursos, como por exemplo no Nordeste, clima predominantemente semiárido, o que de fato acontece e pode ser demonstrado pelo percentual de registro da raça Sindí na Associação Brasileira dos Criadores de Zebu - ABCZ, com 41,86% no Nordeste, 36,75% no Sudeste, 20,75% no Centro-oeste, 0,44% no Norte e 0,19% Sul, entre 2010 e 2019 (ABCZ, 2019), sendo a raça que mais cresceu em número de registros dentro da ABCZ (ABCSINDI, 2017).

2.2 – Parâmetros genéticos

Os principais parâmetros genéticos de uma população são a herdabilidade (h^2) e a correlação genética (r_g), permitem compreender o comportamento genético aditivo de uma ou mais características no animal e nos parentes, fundamental para o melhoramento genético. A herdabilidade representa a proporção da variância fenotípica total que é atribuída à variância genética aditiva e é calculada pela equação:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

sendo h^2 a herdabilidade; σ_a^2 a variância genética aditiva e σ_p^2 a variância fenotípica. A h^2 têm a importância de prever a confiança no valor fenotípico como guia para o valor genético. A correlação genética permite compreender como a seleção em uma característica poderia influenciar em outra, importante para planejar o ganho genético da população (FALCONER e MACKAY, 1996), sendo calculada pela equação:

$$r_g = \frac{\sigma_{a_{i,j}}}{\sqrt{\sigma_{a_i}^2 \times \sigma_{a_j}^2}}$$

em que r_g é a correlação genética aditiva entre duas características; $\sigma_{a_{i,j}}$ é a covariância genética aditiva entre as características i e j; $\sigma_{a_i}^2$ é a variância genética aditiva da característica i e $\sigma_{a_j}^2$ é a variância genética aditiva da característica j.

Os valores de herdabilidade variam entre 0 e 1, sendo considerada baixa (0 a 0,20), média (0,20 a 0,40) ou alta (acima de 0,40) (LOPES *et al.*, 2005). A correlação genética pode variar de -1 a 1, ou seja, a seleção em uma característica pode implicar no aumento, redução, ou não impactar em outra característica, caso a correlação seja, positiva, negativa ou igual a zero, respectivamente. As estimativas desses parâmetros genéticos auxiliam na

decisão do objetivo de seleção, e auxiliam no planejamento dos programas de melhoramento genético.

A herdabilidade e a variância genética aditiva podem ser utilizadas para calcular o ganho genético obtido pela seleção direta, sendo calculado pela fórmula: $\Delta_G = h \cdot \sigma_a \cdot i$, em que Δ_G é o ganho genético, h é a raiz quadrada herdabilidade, σ_a é a variância genética aditiva e i é a intensidade de seleção (LOPES *et al.*, 2005).

O ganho genético em uma característica também pode ser decorrente da seleção em outra característica correlacionada. Correlações genéticas entre características possibilitam prever o ganho que pode ser obtido a partir da resposta correlacionada, sendo uma alternativa de se utilizar uma característica de mais fácil mensuração, ou de menor custo, substituindo outra de maior custo ou maior dificuldade de mensuração ou que envolva um tempo maior para ser mensurada, sem deixar de considerá-la no programa de melhoramento genético. O ganho genético correlacionado pode ser calculado pela fórmula: $\Delta_{GYX} = r_{GYX} \cdot h_Y \cdot h_X \cdot \sigma_{pY} \cdot i_X$, em que Δ_{GYX} é o ganho genético esperado na característica Y quando a seleção é realizada na característica X , r_{GYX} é a correlação genética entre as características Y e X , h_X é a raiz da herdabilidade da característica X , h_Y é a raiz da herdabilidade da característica Y , σ_{pY} é o desvio padrão fenotípico da característica Y e i_X é a intensidade de seleção praticada sobre o animais avaliados para a característica X (LOPES *et al.*, 2005).

A eficiência entre resposta correlacionada e seleção direta pode ser comparada pela razão entre as duas, essa comparação permite avaliar qual abordagem de seleção é a mais indicada, se o resultado for maior que 1 o ganho genético em Y será maior na resposta correlacionada do que na resposta direta (LOPES *et al.*, 2005).

O progresso genético é o progresso que é obtido quando a média do valor genético dos descendentes é superior ao valor genético médio da geração anterior (INRAE, 2020), sendo alcançado com planejamento de objetivos de médio a longo prazo, que levem a ganhos econômicos. O ganho econômico está relacionado a capacidade de produzir um produto valorizado pelo mercado e também pela quantidade que se consegue ofertar. Para definir os objetivos de produção do rebanho é sensato avaliar a realidade produtiva do rebanho, identificar deficiências e potenciais, e planejar o que se deseja obter, seja em produtividade, precocidade, diferenciação da qualidade do produto. Usualmente é desejável atender mais de um objetivo devido a ampla quantidade de fatores importantes para se ter sucesso econômico em mercados cada vez mais exigentes e competitivos.

Em adição aos objetivos é importante definir os critérios de seleção, um conjunto de características de desempenho produtivo que serão avaliadas e utilizadas como guia e acompanhamento para verificar se os objetivos serão e estão sendo alcançados. Os critérios podem ser elencados em produtivos, como: peso ao nascer, peso ao desmame, peso ao ano, ao sobreano, rendimento de carcaça, conversão alimentar; qualitativos, como: propriedades de qualidade da carne, marmoreio ou reprodutivos, como: idade a primeira prenhez, idade ao primeiro parto, duração da gestação, longevidade produtiva, *stayability*, habilidade materna, perímetro escrotal, dentre outros.

No caso do rebanho Sindí, o ambiente tende a ser um fator limitante, impactando na eficiência do rebanho, deste modo, potenciais critérios de seleção são: idade ao primeiro parto, peso ao desmame e perímetro escrotal. Sendo necessário identificar a representatividade dos componentes genéticos na expressão fenotípica dos animais, para compreender, planejar e projetar, como os animais irão responder a seleção dessas características e a viabilidade de fazer a seleção em questão. A utilização dessas características significa selecionar animais ainda mais adaptados a um ambiente de menor disponibilidade de recursos, resultando em animais mais eficientes na produção e reprodução.

A estimação dos parâmetros do modelo estatístico pode ser feita por metodologias diferentes, dentre elas, a inferência Bayesiana, que apresenta diversas vantagens por poder ser utilizada em pequenos e grandes rebanhos, permitir a utilização de diferentes modelos estatísticos, fornecer densidades marginais a posteriori das características estudadas (SORENSEN e GIANOLA, 2002; BLASCO, 2017).

A avaliação genética de características como IPP, PE365 e P210 permite identificar, selecionar e reproduzir animais superiores, levando a uma redução no número de categorias de fêmeas improdutivas, maior longevidade, maior produtividade e maior retorno econômico (BORMANN e WILSON, 2010; PONZONI, 1992).

2.2.1 – Idade ao primeiro parto

Características reprodutivas tendem a ter baixa herdabilidade (BOLIGON *et al.*, 2010; BORMANN e WILSON, 2010), mesmo assim, apresentam grande importância econômica, uma vez que a maior eficiência destas gera mais animais para serem comercializados (PONZONI, 1992).

A idade ao primeiro parto é a mensuração do tempo entre a data de nascimento da fêmea e a primeira parição, sendo a característica reprodutiva mais avaliada em fêmeas (BOLIGON *et al.*, 2010), tendo grande importância ao melhoramento genético e a eficiência produtiva. É uma avaliação simples, com baixo custo, mas de grande importância econômica, por ter relação direta com a eficiência do ciclo produtivo. Animais precoces permitem obter uma maior lucratividade, devido a redução do período improdutivo, possibilita o aumento do número de bezerros gerados por matriz. Além de permitir identificar animais mais precoces no rebanho (SCHMIDT *et al.*, 2018).

2.2.2 – Perímetro escrotal

A mensuração do perímetro escrotal é feita em torno de 365, 450 ou 550 dias de idade do animal utilizando uma fita de medição, sendo posteriormente ajustada para a data de referência, por meio de uma regressão não linear. Essa avaliação é importante por ser correlacionada com o peso do animal, em todas as idades, com a maturidade sexual das filhas, irmãs e também a do próprio touro, estando relacionada com quantidade, qualidade e viabilidade espermática, além de apresentar facilidade e baixo custo de mensuração (GRESSLER *et al.*, 2000; PEÑA, QUEIROZ e FRIES, 2000).

A maior parte do desenvolvimento testicular ocorre aos 12 meses, apresentando herdabilidades similares a de idades maiores (GRESSLER, GRESSLER e BERGMANN, 2014), o que torna essa idade importante para a avaliação genética, uma vez que sendo medida mais precocemente possibilita reduzir o intervalo entre gerações.

Valores de herdabilidade encontrados para PE365 são: 0,30 (SILVA, *et al.*, 2000), 0,43 (OLIVEIRA, *et al.*, 2017a), 0,45 (MOTA *et al.*, 2019), 0,53 (SOARES *et al.*, 2018), para as raças Canchim, Nelore, Guzerá e Brahman, respectivamente. Devido à baixa herdabilidade em características reprodutivas em fêmeas, uma alternativa é usar o perímetro escrotal, por este ter herdabilidade de moderada a alta e por ser correlacionado com IPP (BUZANSKAS *et al.*, 2017).

2.2.3 – Peso ao desmame

A avaliação genética do peso ao desmame, feita, usualmente, com pesos de animais aos 210 dias, permite avaliar a parte do desempenho que é de origem genética aditiva, a habilidade materna, além de estar correlacionado com o peso em outras idades do animal (FERRAZ FILHO *et al.*, 2002; CORTÉS-LACRUZ *et al.*, 2017), sendo uma mensuração simples de ser obtida, no mais, o fato de ser mensurada em idade jovem favorece ao melhoramento genético.

O desmame e as pesagens não ocorrem todas aos 210 dias, mas sim próximas a esta data idealizada. Normalmente os animais são desmamados e pesados em lotes, pela praticidade do manejo, sendo assim, uma vez que os animais não nascem todos no mesmo dia e sim ao longo de um período correlacionado com a duração da estação de monta anterior, ou inseminação artificial, torna-se útil ajustar os pesos a uma idade padrão, para otimizar as análises e interpretações.

A herdabilidade para P210 foi calculada em diversas raças, algumas delas são 0,28 (KAMPRASERT, DUIJVESTIJN e WERF, 2019), 0,26 (OLIVEIRA, *et al.*, 2017a) e 0,19 (OLIVEIRA, *et al.*, 2017b) para Brahman, Nelore e Tabapuã, respectivamente.

O cálculo para P210 normalmente leva em consideração o efeito materno, uma vez que o peso ao desmame é afetado pelo ambiente uterino, quantidade de leite produzido e condição corporal da fêmea e pela capacidade de cuidar do bezerro (KOCH, 1972; CORTÉS-LACRUZ *et al.*, 2017), o que é influenciado pela idade da vaca, as mais novas e mais velhas tendem a produzir bezerros mais leves (CANDA, 2014).

2.2.4 – Correlações genéticas

São relatados valores de correlação genética entre IPP e PE365 de: -0,16 (OLIVEIRA, *et al.*, 2017a); -0,41 (GRUPIONI *et al.*, 2015); -0,47 (MARY *et al.*, 2000), para Nelore, Guzerá e Canchim, respectivamente; entre IPP e P210 de -0,16 (LAUREANO *et al.*, 2011); -0,51 (GUIDOLIN, 2013); -0,58 (MARY *et al.*, 2000), para Nelore, Guzerá e Canchim; e entre PE365 e P210 de: 0,24 (LAUREANO *et al.*, 2011); 0,50 (GUIDOLIN, 2013), para Nelore e Guzerá, respectivamente.

As correlações genéticas encontradas entre IPP e PE365 indicam que o aumento do PE365 leva a redução da IPP (LAUREANO *et al.*, 2011). As correlações negativas encontradas para IPP e P210, indicam que animais pesados no desmame apresentam maior precocidade sexual. As correlações positivas entre PE365 e IPP demonstram associação favorável entre PE365 e P210.

3 – MATERIAL E MÉTODOS

O banco de dados foi fornecido pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). Informações de pedigree (49.849 animais) e fenotípicas das características produtivas (13.605 animais para peso ao desmame - P210) e reprodutivas (10.694 e 2.526 animais para idade ao primeiro parto - IPP e perímetro escrotal ao ano - PE365, respectivamente), bem como informações necessárias para a estruturação dos grupos de

contemporâneos (GC), dos efeitos sistemáticos e covariáveis foram fornecidas para a realização das análises. O banco de dados contém a informação e registro de todos os animais identificados e avaliados pela ABCZ, abrangendo um trabalho de 64 anos (1955 a 2019).

3.1 – Análise de dados

Foi realizado o controle de qualidade dos dados com intuito de remover informações, fenotípicas e de pedigree, inconsistentes, por meio do software R (R CORE TEAM, 2018). No tratamento dos dados foram retirados pais que continham identificação igual à dos filhos, pais com idade inferior a 609 dias e mães com idade inferior a 609 e superior a 9126 dias (SILVA, *et al.*, 2017). Para PE foram eliminados animais com menos de 265 e mais de 375 dias de idade, a fim de manter bom aproveitamento do número de animais e eliminar mensurações muito distantes da idade alvo de 365 dias. Para P210 foi feita a eliminação de *outliers*, fora do intervalo de 3 desvios padrão, com o intuito de obter melhor validação biológica para os pesos. Foram retirados animais que não tinham identificação da mãe, ou da idade da mãe, pois essa informação foi utilizada como efeito do modelo. Os animais avaliados são da raça Sindi, sendo considerados apenas animais puro de origem (PO), puro por cruzamento (PC) e puro por avaliação (PA).

Foi feita a categorização da idade da vaca ao parto, mãe do animal com características fenotípicas avaliadas em 14 categorias, sendo a categoria 1 vacas com idade ao parto menor ou igual a 30 meses, as categorias de 2 a 13 compreendem 12 meses posteriores a categoria anterior e a categoria 14 representa as vacas com mais de 174 meses ao parto. O nascimento dos animais foi dividido em 4 estações, 1 – novembro, dezembro e janeiro; 2 – fevereiro, março e abril; 3 – maio, junho e julho; 4 – agosto, setembro e outubro.

Com as informações fornecidas dos animais e acerca da criação dos mesmos foram montados os grupos de contemporâneos, cuja composição está detalhada na Tabela 1.

Tabela 1 – Formação dos grupos de contemporâneos

Característica	Descrição dos grupos de contemporâneos
P210	FC + RA + ANO + EST + DP + S
PE365	FC + RA + ANO + EST + DM
IPP	FC + ANO + EST

P210 - peso ao desmame; PE365 - perímetro escrotal aos 365 dias; IPP - idade ao primeiro parto; FC - fazenda do criador; RA - regime alimentar; ANO - ano de nascimento; EST - estação de nascimento; DP - data da pesagem; S - sexo e DM - data da mensuração.

Durante a realização do controle de qualidade do banco de dados, os fenótipos IPP, P210 e PE365 foram calculados e ajustados, como demonstrado a seguir.

A IPP foi calculada pela diferença da data do primeiro parto e a data de nascimento da vaca, característica mensurada em dias.

O perímetro escrotal foi ajustado para a idade de 365 dias por meio do ajuste do modelo logístico de três parâmetros. Tal modelo tem sido o mais indicado para descrever o perímetro escrotal em bovinos Nelore (QUIRINO e BERGMANN, 1998). O ajuste do modelo foi realizado para o conjunto de dados de perímetro escrotal, via procedimento NLIN do software estatístico (SAS/STAT, 2020) e a seguinte equação de regressão foi obtida para o perímetro escrotal (PE):

$$PE = \frac{a}{(1 + b^{(-k*im_i)})} + e$$

em que: im_i é a idade em que o animal i teve o PE avaliado; a , b e k são parâmetros do modelo e e é o erro. A equação para ajustar o PE365 dias utilizada foi:

$$PE365 = PE_i + (365 - im_i) \times FA$$

sendo PE_i o valor mensurado do perímetro escrotal mensurado no animal i , na idade im_i ; im_i é a idade de mensuração da medida de PE no animal i , FA é o fator de ajuste (crescimento testicular por dia) $FA = \frac{(a - PE_{nasc})}{365}$, sendo PE_{nasc} o perímetro escrotal ao nascimento dado pela equação $\frac{a}{(1 + b^{(-k*0)})}$.

Foram consideradas pesagens realizadas no intervalo de 210 ± 45 dias (BIF, 2010), sendo 210 dias a referência para a qual os dados foram ajustados, sendo calculada utilizando a seguinte equação:

$$P210_i = \left[\left(\frac{(pr_i - pn_i)}{(dpr_i - dn_i)} \right) \times 210 \right] + pn_i$$

em que: $P210_i$ é o peso ajustado aos 210 dias para o animal i ; pr_i é o peso real do animal i ; pn_i é o peso ao nascimento do animal i ; dpr_i é a data da pesagem real realizada no

animal i ; e dn_i é a data de nascimento do animal i . Foi atribuído o peso ao nascer de 25 kg para fêmeas e 26 kg para machos, calculado com base nos dados, com o intuito de retirar *outliers*, erros de tabulação de dados.

Foram retiradas medidas repetidas, de um mesmo animal, considerando a medida mais próxima da idade de ajuste alvo, ou seja, em caso de mais de uma mensuração, em um mesmo animal, para PE365, no intervalo entre 265 e 465 dias, foi considerada a mensuração mais próxima de 365 dias, já para P210, caso o animal tivesse mais de uma mensuração no intervalo ente 165 e 255 dias, foi considerada a pesagem mais próxima de 210 dias. Adicionalmente, foram retirados potenciais *outliers*, de peso, IPP e de PE365, retirando mensurações fora do intervalo de ± 3 desvios padrão, por fim, foram removidos grupos de contemporâneos (GC) com menos de três animais.

3.2 – Estimação dos componentes de covariância e parâmetros genéticos

Os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados por meio da inferência Bayesiana utilizando simulação de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC), neste caso o algoritmo Gibbs Sampler. Para tanto, foi utilizado o software GIBBS2F90 (MISZTAL *et al.*, 2018). Foram atribuídas 1.000.000 iterações, sendo que as 200.000 iterações iniciais foram removidas (*burn-in*) e um intervalo de 5 iterações (*thin*) foi amostrado, resultando em um tamanho efetivo de cadeia de 160.000 iterações para as inferências *a posteriori*. A convergência foi testada com base no critério de Geweke (GEWEKE, 1991).

Os dados foram analisados sob o seguinte modelo animal multicaracterístico:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + \mathbf{Z}_3\mathbf{pm} + \mathbf{e},$$

em que: \mathbf{y} é um vetor de observações fenotípicas dos indivíduos (P210, IPP e PE365); \mathbf{b} é o vetor de efeitos sistemáticos (GC e a classe de idade da mãe ao parto concatenada ao sexo do filho - CVS) e covariável (desvio da idade do animal em relação à média da idade dos animais no grupo de contemporâneos - DI); \mathbf{a} é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; \mathbf{m} é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos (considerado apenas para P210); \mathbf{pm} é o vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno (considerado apenas para P210) e \mathbf{e} é o vetor de efeito residual; \mathbf{X} e \mathbf{Z}_1 , \mathbf{Z}_2 e \mathbf{Z}_3 são as matrizes de incidência para os efeitos sistemáticos, genéticos aditivos diretos, genéticos aditivos maternos e de ambiente permanente materno, respectivamente.

A distribuição condicional dos dados (\mathbf{y}) dado os parâmetros foi assumida como: $\mathbf{y} | \mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{m}, \mathbf{pm}, \mathbf{G}_0, \Sigma_{pm}, \mathbf{R} \sim N(\mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + \mathbf{Z}_3\mathbf{pm}, \mathbf{R})$. Sendo: \mathbf{G}_0 a matriz de (co)variâncias genéticas aditivas direta; \mathbf{R} a matriz de (co)variância residual.

Foram definidas *a priori*: uma distribuição uniforme (U) para \mathbf{b} ; distribuição normal (N) para os vetores \mathbf{a} , \mathbf{m} , \mathbf{pm} e \mathbf{e} ; uma distribuição Wishart invertida escalada (*IW*) para \mathbf{G}_0 e \mathbf{R} , distribuição de qui-quadrado invertida para Σ_{pm} demonstradas a seguir:

$$\begin{aligned} \mathbf{a} | \mathbf{G}_0 &\sim N(\mathbf{0}, \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0) & \mathbf{m} | \Sigma_m &\sim N(\mathbf{0}, \mathbf{A} \otimes \Sigma_m) \\ \mathbf{G}_0 &\sim IW(\mathbf{V}, v_a) & \mathbf{G}_0 &= [\Sigma_a] \\ \Sigma_a &= \begin{bmatrix} \sigma_{a1}^2 & \sigma_{a1,2} & \sigma_{a1,3} \\ & \sigma_{a2}^2 & \sigma_{a2,3} \\ Sim & & \sigma_{a3}^2 \end{bmatrix} & \Sigma_m &= [\sigma_{m1}^2] \\ \mathbf{pm} | \Sigma_{pm} &\sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I} \otimes \Sigma_{pm}) & \Sigma_{pm} &\sim Inv - \chi_n^2 \\ \Sigma_{pm} &= [\sigma_{pm1}^2] & \mathbf{R} &= \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & \sigma_{e1,2}^2 & \sigma_{e1,3}^2 \\ & \sigma_{e2}^2 & \sigma_{e2,3}^2 \\ Sim & & \sigma_{e3}^2 \end{bmatrix} \\ \mathbf{e} | \mathbf{R} &\sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I} \otimes \mathbf{R}) & \mathbf{R} &\sim IW(\mathbf{V}_r, v_r) \end{aligned}$$

em que: \mathbf{A} é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright; \mathbf{I} é a matriz identidade de ordem apropriada; Σ_a é a matriz de covariâncias genéticas aditivas diretas; Σ_m é a matriz unitária da variância genética aditiva materna, para P210; Σ_{pm} é a matriz unitária da variância de ambiente permanente materno; n é o número de graus de liberdade da distribuição qui-quadrado invertida; σ_{aj}^2 é a variância genética aditiva direta da característica $j = 1, 2$ e 3 ($1 = P210, 2 = IPP$ e $3 = PE365$); $\sigma_{aj,j'}$ é a covariância genética aditiva direta entre duas características, sendo $j \neq j'$ (ex. 1 e 2 é igual a P210 e IPP, respectivamente); σ_{ej}^2 é a variância residual da característica j ($1 = P210, 2 = IPP$ e $3 = PE365$); $\sigma_{e,j,j'}$ é a covariância residual entre duas características, sendo $j \neq j'$ e σ_{pm}^2 representa a variância de ambiente permanente materno; \mathbf{V} , e \mathbf{V}_r são matrizes positiva-definidas com valores *a priori* para as (co)variâncias dos efeitos genéticos aditivos diretos e maternos, ambiente permanente materno e residual, respectivamente; v_a e v_r são os valores de grau de confiança correspondentes a \mathbf{V} e \mathbf{V}_r , respectivamente; e \otimes é produto de Kronecker.

3.3 – Ganhos genéticos e tendências genéticas

A avaliação de eficiência entre a resposta correlacionada e seleção direta foi feita pela equação:

$$\frac{\Delta_{GYX}}{\Delta_{GY}} = \frac{h_X \cdot i_X}{h_Y \cdot i_Y} |r_{GYX}|$$

em que: Δ_{GY} é o ganho genético quando a seleção é feita na característica Y , Δ_{GYX} é o ganho genético esperado na característica Y quando a seleção é realizada na característica X , h_Y e h_X são as raízes quadradas das herdabilidades das características Y e X , respectivamente, i_Y , i_X são as intensidades de seleção praticadas sobre os animais avaliados para as características X e Y , respectivamente, r_{GYX} é a correlação genética aditiva direta entre as características Y e X (LOPES *et al.*, 2005). Foram consideradas intensidades de seleção de 0,5 para fêmeas (IPP), de $i=1,76$ para machos (PE365) e a média das intensidades (1,13) para P210, similar ao feito por COSTA (2017).

As tendências genéticas foram estimadas pela regressão das médias dos valores genéticos preditos das características sobre o ano de nascimento dos animais.

4 – RESULTADOS

Os componentes de (co)variância atingiram convergência de acordo com os critérios de Geweke (GEWEKE, 1991), os valores de z variaram entre -0,01 e 0,06.

O número de animais e descrição estatística dos dados utilizados nas análises estão representados na Tabela 2.

Tabela 2 – Descrição dos dados utilizados na análise

Característica	N	Média	DP	CV%
IPP	6984	1206	316,43	26,24
P210	5590	160,65	34,07	21,21
PE365	1353	22,42	3,42	15,23

IPP - idade ao primeiro parto (dias); P210 - peso ao desmame (kg); PE365 - perímetro escrotal aos 365 dias (cm); N - número de observações, DP - desvio padrão, CV% - coeficiente de variação.

Os valores dos componentes de covariância estão demonstrados na Tabela 3.

Tabela 3 – Média a posteriori, intervalo de credibilidade – IC e valor da estatística de Geweke para os valores dos componentes de (co)variância para idade ao primeiro parto, perímetro escrotal aos 365 dias e peso ao desmame

	Média	IC - 95%		Geweke
$\sigma^2_{a_1}$	9347,10	5550,30	13144,00	-0,01
$\sigma^2_{a_2}$	3,26	1,75	4,77	0,10
$\sigma^2_{a_3}$	114,59	72,50	156,67	0,03
$\sigma^2_{m_3}$	25,03	7,38	42,68	-0,07
$\sigma^2_{pm_3}$	36,62	15,68	57,57	0,00
$\sigma_{a_{1,2}}$	-71,13	-134,98	-7,28	0,00
$\sigma_{a_{1,3}}$	-626,80	-937,54	-316,09	0,11
$\sigma_{a_{2,3}}$	12,16	7,27	17,06	0,04
$\sigma^2_{e_1}$	58412,00	55011,00	61813,00	0,01
$\sigma^2_{e_2}$	2,98	1,93	4,04	-0,10
$\sigma^2_{e_3}$	330,98	300,38	361,59	-0,01
$\sigma_{e_{1,2}}$	-	-	-	-
$\sigma_{e_{1,3}}$	-1058,80	-1487,10	-630,39	-0,07
$\sigma_{e_{2,3}}$	10,93	5,59	16,28	-0,03

$\sigma^2_{a_i}$ - variância genética aditiva direta; $\sigma^2_{m_3}$ - variância genética materna para P210; $\sigma^2_{pm_3}$ - variância de ambiente permanente materno para P210; $\sigma_{a_{i,j}}$ - covariância genética aditiva entre as características i e j ; $\sigma^2_{e_i}$ - variância residual; $\sigma_{e_{i,j}}$ - covariância residual entre as características i e j ; $i = 1, 2$ e 3 representa a IPP, PE365 e P210, respectivamente.

Os valores de herdabilidades e correlações genéticas e fenotípicas para IPP, PE365 e P210, são apresentados na Tabela 4, a herdabilidade para habilidade materna, h_m^2 , da característica P210 foi de 0,05 (0,03; 0,08), já o efeito de ambiente permanente materno representou 7,2% (0,03; 0,11) da variância fenotípica.

Na Tabela 5 são apresentadas comparações entre eficiências de seleção direta e respostas correlacionadas, condicional a intensidade de seleção escolhida pelo melhorista.

Tabela 4 – Herdabilidades (diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal), com os respectivos intervalos de maior densidade a posteriori (HPD 95%) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) para IPP, PE365 e P210

	MULTICARACTERÍSTICA		
	IPP	PE365	P210
IPP	0,14 (0,08; 0,19)	-0,41 (-0,76; -0,06)	-0,61 (-0,86; -0,36)
PE365	-0,38	0,52 (0,32; 0,72)	0,64 (0,45; 0,83)
P210	-0,71	0,15	0,23 (0,15; 0,30)

IPP - idade ao primeiro parto; PE365 - perímetro escrotal aos 365 dias e P210 - peso aos 210 dias.

Tabela 5 – Comparação entre resposta correlacionada e seleção direta com os respectivos intervalos de maior densidade a posteriori (HPD 95%), para idade ao primeiro parto (IPP), perímetro escrotal aos 365 dias (PE365) e peso ao desmame (P210)

	Eficiência Relativa		
	IPP	PE365	P210
IPP	-	2,84 (0,35; 5,33)	1,78 (0,94; 2,63)
PE365	0,06 (0,04; 0,12)	-	0,27 (0,15; 0,39)
P210	0,21 (0,11; 0,32)	1,51 (0,96; 2,06)	-

Os valores genéticos preditos dos animais, por ano, com o respectivo erro padrão, representam as tendências genéticas para IPP, PE365 e P210, são apresentados nas Figuras 1, 2 e 3.

Figura 1 - Tendência genética para idade ao primeiro parto.

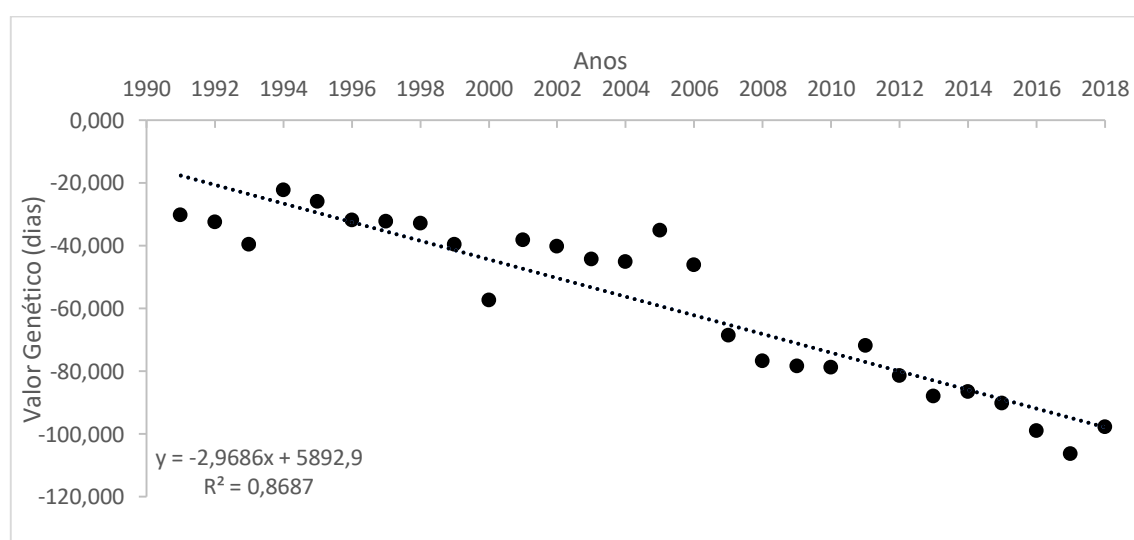


Figura 2 - Tendência genética para perímetro escrotal aos 365 dias.

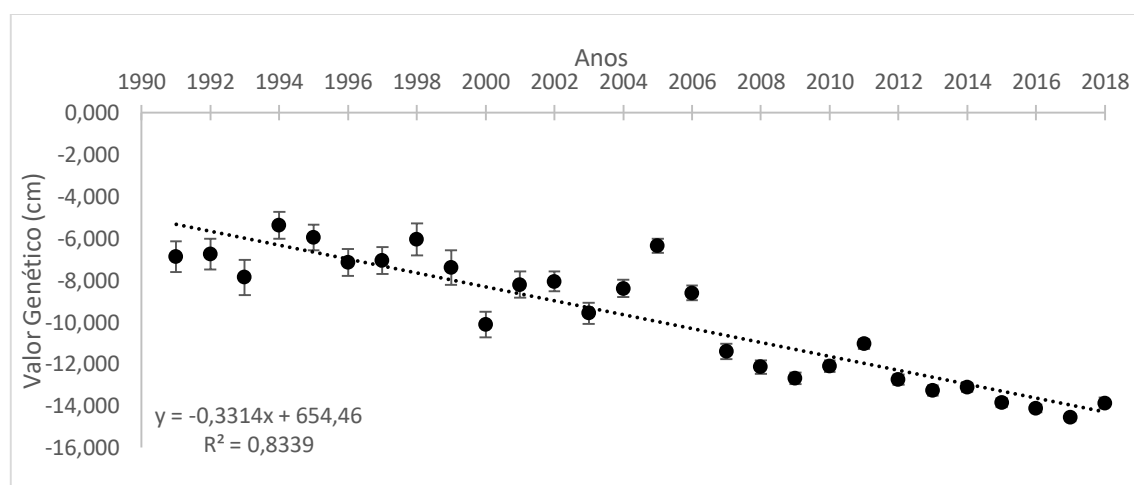
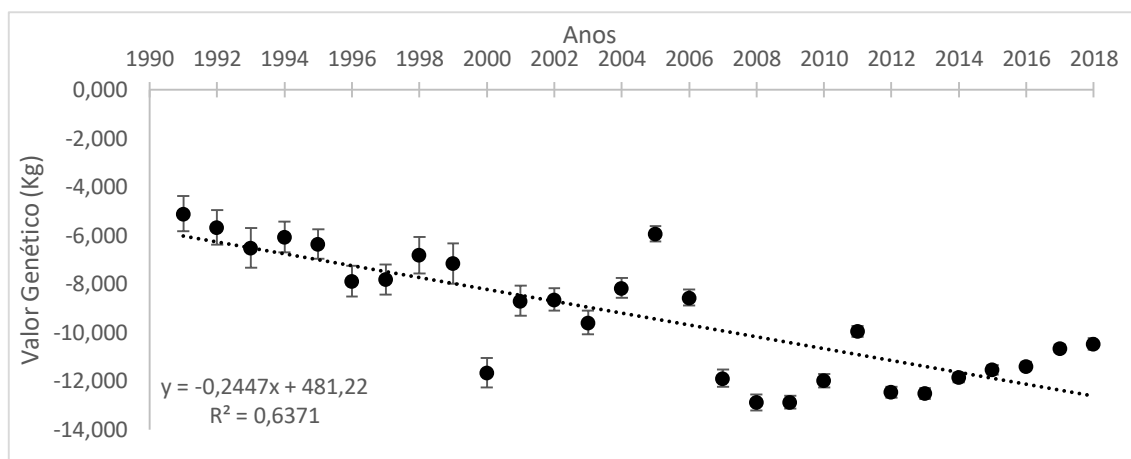


Figura 3 - Tendência genética para peso ao desmame.

5 – DISCUSSÃO

A estimativa de h^2 para IPP (0,14) foi de baixa magnitude e está de acordo com os valores reportados na literatura em bovinos de corte. Em trabalhos com outras raças zebuínas foram estimadas herdabilidades para IPP entre 0,08 e 0,25 (BRITO *et al.*, 2020; LÁZARO *et al.*, 2018; OLIVEIRA, *et al.*, 2017a; COSTA *et al.*, 2020). Esse valor indica que grande parte da variação fenotípica da IPP é atribuída à fatores ambientais. Assim sendo, para ter uma boa eficiência reprodutiva é preciso fornecer a fêmea condições ambientais favoráveis para que ela se desenvolva adequadamente e tenha oportunidade de emprenhar precocemente. Devido à grande importância da característica IPP na pecuária de corte, é imprescindível buscar animais mais precoces, e, apesar da baixa herdabilidade encontrada, há possibilidade de se obter ganhos genéticos para IPP em fêmeas da raça Sindi, a longo prazo.

A estimativa de h^2 para PE365 (0,52) foi de alta magnitude e dentro do intervalo referenciado na literatura. Para PE365, em trabalhos com outras raças zebuínas, foram estimadas herdabilidades entre 0,29 e 0,53 (MOTA *et al.*, 2019; OLIVEIRA, *et al.*, 2017a; SOARES *et al.*, 2018; COSTA *et al.*, 2020). A h^2 obtida indica que a grande parte da expressão genética do perímetro escrotal obtida é de origem genética, assim, espera-se ganhos genéticos consideráveis pela seleção de PE nos 365 dias de idade. A importância do PE365 está relacionada também a correlação genética favorável com outras características, produtivas e reprodutivas.

A estimativa de herdabilidade para P210 (0,23) é considerada de média magnitude, conforme normalmente reportado na literatura. Em trabalhos com outras raças zebuínas foram estimadas herdabilidades entre 0,19 e 0,28 para P210 (KAMPRASERT,

DUIJVESTIJN e WERF, 2019; OLIVEIRA, *et al.*, 2017a; OLIVEIRA, *et al.*, 2017b). É uma característica importante para o melhoramento genético por também ser correlacionada com outras medidas de desempenho ponderal em diferentes idades do animal.

A h^2 materna de 0,05, para P210, é inferior às normalmente encontradas para raças zebuínas 0,09 a 0,22 (RÍOS-UTRERA *et al.*, 2013; OLIVEIRA, *et al.*, 2017a; MARTÍNEZ *et al.*, 2016; PELICIONI *et al.*, 2002).

A correlação genética negativa entre IPP e PE365 (-0,41) demonstra a relação inversa e favorável na resposta à seleção. O valor encontrado leva a interpretação de que a seleção de touros com maior PE365 terá como resposta correlacionada a redução na idade ao primeiro parto das filhas, o que é interessante para os propósitos de seleção que almejam precocidade. Em trabalhos com outras raças bovinas foram estimadas correlações de -0,16 a -0,47 (GRUPIONI *et al.*, 2015; MARY *et al.*, 2000; OLIVEIRA, *et al.*, 2017a; COSTA *et al.*, 2020) entre IPP e PE365.

A correlação genética negativa de alta magnitude entre IPP e P210 pode ser interpretada como fêmeas com maior peso ao desmame teriam maior possibilidade de emprenhar em uma idade mais jovem, uma vez que o maior peso permitiria um melhor desenvolvimento fisiológico e melhores condições de manter a gestação. Da mesma forma, selecionar para a precocidade de IPP também resultaria em ganhos genéticos para ganho de peso. Em trabalhos com outras raças zebuínas foram estimadas correlações genéticas entre IPP e P210 variando de -0,16 a -0,58 (GUIDOLIN, 2013; LAUREANO *et al.*, 2011; MARY *et al.*, 2000).

A correlação genética positiva entre PE365 e P210 indica que o peso ao desmame e o perímetro escrotal estão diretamente correlacionados, como é referenciado na literatura, em que há uma correlação positiva entre perímetro escrotal e as diferentes idades de crescimento. Sendo assim, selecionar para perímetro escrotal é favorável também para ganho de peso ao desmame e, com base na literatura, também está correlacionado ao peso em outras idades (OLIVEIRA, *et al.*, 2017a). Em trabalhos com outras raças zebuínas foram estimadas correlações genéticas entre PE365 e P210 variando de 0,24 a 0,50 (GUIDOLIN, 2013; LAUREANO *et al.*, 2011).

Ao se avaliar as Figuras 1 2 e 3, correspondentes a tendência genética para IPP, PE365 e P210, verifica-se que houve progresso genético e eficiência da seleção para IPP, na qual a média anual dos rebanhos avaliados tem valor genético negativo, reduzindo a IPP ao longo dos anos (-2,97 dias por ano), o que é satisfatório visto que os animais estão

se tornando mais precoces, ano a ano. Não foram observados progressos genéticos para as características P210 e PE365 (-0,24 kg e -0,33 cm, respectivamente), indicando que, em média, a seleção não tem sido efetiva.

A seleção direta pode ser mais eficiente para PE365, já a resposta correlacionada pode proporcionar melhores resultados para IPP e P210. O intervalo das estimativas, HPD, permite inferir maior eficiência de seleção na resposta correlacionada para IPP, a partir da seleção em PE365 ou P210, e P210 a partir da seleção em PE365. A possível melhor eficiência pode ser explicada pela maior herdabilidade de PE365, pela correlação existente entre as características e maior intensidade de seleção para P210 e PE365. As herdabilidades e correlações estimadas, atreladas a variabilidade genética aditiva encontrada para as três características no rebanho Sindi pode proporcionar bons ganhos genéticos com a implementação de um programa de melhoramento genético adequado.

Devido as condições ambientais as quais os animais são submetidos, a avaliação genética é uma ferramenta de extrema importância, pois, caso contrário, seriam privilegiados os animais que tivessem melhores condições de criação e não, de fato, melhores valores genéticos. Além disso, é importante estudar a correlação entre P210 e peso adulto, PE365 e peso adulto, para compreender se a seleção afetaria o peso adulto, uma vez que a rusticidade dos animais Sindi pode estar relacionada também ao porte, estando relacionada a menor exigência de manutenção; sendo assim, modificar o peso à idade adulta poderia impactar na viabilidade dos animais em ambientes com menor disponibilidade de recursos e condições climáticas mais desafiadoras, além da possibilidade de impactar no custo de manutenção das matrizes no rebanho.

6 – CONCLUSÃO

As herdabilidades e correlações estimadas podem ser utilizadas no melhoramento genético de importantes características produtivas e reprodutiva (IPP, PE365 e P210), levando a ganhos genéticos favoráveis, maior viabilidade e valorização na utilização da raça Sindi no Brasil.

7 – REFERÊNCIAS

- ABCSINDI. *Book do Sindi*. Disponível em: <[http://www.sindi.org.br/raca.php?id=17&pagina=Book do Sindi](http://www.sindi.org.br/raca.php?id=17&pagina=Book%20do%20Sindi)>. Acesso em: 12 jul. 2019.
- ABCSINDI. *Cronologia*. Disponível em: <<http://www.sindi.org.br/raca.php?id=15&pagina=Cronologia>>. Acesso em: 12 jul. 2019.
- ABCSINDI. *História (Raça Sindi)*. Disponível em: <<http://www.sindi.org.br/raca.php?id=14&pagina=História>>. Acesso em: 8 jul. 2019.
- ABCZ. *Dados não divulgados*. . [S.l: s.n.], 2019.
- ABIEC. *Perfil da pecuária no Brasil. BeefREPORT*. [S.l: s.n.], 2019. Disponível em: <<http://www.abiec.com.br/controle/uploads/arquivos/sumario2019portugues.pdf>>.
- AFZAL, M.; NAQVI, A. N. Differences in growth of Sindhi and crosses of Sindhi with Jersey, Brown Swiss, Holstein-Friesian and Guernsey cattle. v. 9, n. 1, 2004.
- BIF. *Uniform guidelines for beef improvement programs*. . [S.l: s.n.], 2010. Disponível em: <<http://beefimprovement.org/content/uploads/2015/08/REVISED-MasterEd-BIF-GuidelinesFinal-08-2015.pdf>>.
- BLASCO, A. *Bayesian Data Analysis for Animal Scientists*. [S.l.]: Springer, 2017. v. 53.
- BOLIGON, A. A. *et al.* Study of relations among age at first calving, average weight gains and weights from weaning to maturity in Nelore cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 39, n. 4, p. 746–751, 2010.
- BORMANN, J. M.; WILSON, D. E. Calving day and age at first calving in Angus heifers. n. May, p. 1947–1956, 2010.
- BRITO, L. C. *et al.* Genetic parameters for milk , growth , and reproductive traits in Guzará cattle under tropical conditions. *Tropical Animal Health and Production*, 2020.
- BUZANSKAS, M. E. *et al.* Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. *Theriogenology*, v. 92, p. 204–209, 2017. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.theriogenology.2016.09.057>>.
- CANDA, R. A. *SELEÇÃO PARA CARACTERÍSTICAS DE LEITE E CORTE EM ANIMAIS DA RAÇA GUZERÁ NOS REBANHOS DE DUPLO PROPÓSITO*. 2014. Universidade Federal de Viçosa, 2014. Disponível em: <[https://www.locus.ufv.br/bitstream/handle/123456789/4797/texto completo.pdf?sequence=1&isAllowed=y](https://www.locus.ufv.br/bitstream/handle/123456789/4797/texto_completo.pdf?sequence=1&isAllowed=y)>.
- CORTÉS-LACRUZ, X. *et al.* The milk yield of dams and its relation to direct and maternal genetic components of weaning weight in beef cattle. *Livestock Science*, v. 202, n. December 2016, p. 143–149, 2017. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.livsci.2017.05.025>>.
- COSTA, E. V. *MODELOS BAYESIANOS MULTICARACTERÍSTICOS PARA DADOS CENSURADOS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM BOVINOS NELORE*. 2017. Universidade Federal de Viçosa, 2017.
- COSTA, E. V. *et al.* Estimated genetic associations among reproductive traits in Nelore

cattle using Bayesian analysis. *Animal Reproduction Science*, v. 214, n. January, p. 106305, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2020.106305>>.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. *Introduction to Quantitative Genetic-DS Falconer.pdf*. FOURTH ed. [S.l.: s.n.], 1996.

FARIA, F. J. C. *et al.* Parâmetros Populacionais do Rebanho Sindi Registrado no Brasil Population Parameters of the Registered Red Sindi in Brazil. v. 30, p. 1989–1994, 2001. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/rbz/v30n6s0/7409.pdf>>.

FERRAZ FILHO, P. B. *et al.* Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. *Archives of Veterinary Science*, v. 7, p. 65–69, 2002.

GEWEKE, J. Evaluating the Accuracy of Sampling-Based Approaches to the Calculation of Posterior Moments. *Research Department Staff Report*, 1991.

GRESSLER, S. L. *et al.* Estudo das Associações Genéticas entre Perímetro Escrotal e Características Genetic Association among Scrotal Circumference and Female Reproductive Traits in Nellore. v. 29, n. 2, p. 427–437, 2000.

GRESSLER, S. L.; GRESSLER, M. G. M.; BERGMANN, J. A. G. Fatores ambientes e estimativas de parâmetros genéticos do perímetro escrotal na raça Nelore. v. 66, p. 986–994, 2014.

GRUPIONI, N. V. *et al.* Parâmetros genéticos e tendências genéticas para características reprodutivas e de crescimento testicular em bovinos guzerá. *Revista Caatinga*, v. 28, n. 2, p. 152–160, 2015.

GUIDOLIN, D. G. F. *Estrutura populacional e parâmetros genéticos de uma população de bovinos Guzerá*. 2013. 2013.

INRAE. *A long experience in genetic evaluation*. Disponível em: <https://www6.jouy.inrae.fr/gabi_eng/Our-Research/Research-axes/Genetic-evaluations#:~:text=The objective of a genetic,progeny for a particular trait.>. Acesso em: 21 jun. 2020.

JOSHI, N. R.; PHILLIPS, R. W. *Zebu Cattle of India and Pakistan*. . [S.l.: s.n.], 1953.

KAMPRASERT, N.; DUIJVESTIJN, N.; WERF, J. H. J. VAN DER. Estimation of genetic parameters for BW and body measurements in Brahman cattle. *Animal*, p. 1–7, 2019.

KENNEDY, B. W. Variance component estimation and prediction of breeding values. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, v. XXIII, n. 4, p. 565–578, 1981.

KOCH, R. M. THE ROLE OF MATERNAL EFFECTS IN ANIMAL BREEDING: VI. MATERNAL EFFECTS IN BEEF CATTLE. *Journal of Animal Science*, v. 35, n. 6, p. 1316–1323, 1972.

LAUREANO, M. M. M. *et al.* Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 63, n. 1, p. 143–152, 2011.

LÁZARO, S. F. *et al.* Censored Bayesian models for genetic evaluation of age at first calving in Brazilian Brahman cattle. *Livestock Science*, v. 221, n. November, p. 177–180, 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.11.014>>.

- LOPES, P. S. *et al.* *TEORIA DO MELHORAMENTO ANIMAL*. Belo Horizonte: EPMVZ-Editora, 2005.
- MARTÍNEZ, R. A. *et al.* Direct and maternal genetic effects on growth, reproduction, and ultrasound traits in zebu brahman cattle in Colombia. *Journal of Animal Science*, v. 94, n. 7, p. 2761–2769, 2016.
- MARY, A. *et al.* Herdabilidades e Correlações Genéticas para Peso e Perímetro Escrotal de Machos e Características Reprodutivas e de Crescimento de Fêmeas , na Raça Canchim. v. 29, n. 6, p. 2223–2230, 2000.
- MISZTAL, I. *et al.* *Manual for BLUPF90 family programs*. . [S.l.]: University of Georgia. , 2018
- MOTA, L. F. M. *et al.* Genetic evaluation for scrotal circumference in Guzerat cattle through different models. *Livestock Science*, v. 222, n. February, p. 1–6, 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.02.004>>.
- OECD-FAO. *Chapter 6 . Meat*. . [S.l: s.n.], 2018. Disponível em: <http://www.fao.org/docrep/i9166e/i9166e_Chapter6_Meat.pdf>.
- OLIVEIRA, H. R. *et al.* Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction , growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. *Animal Production Science*, 2017.
- OLIVEIRA, M. R. *et al.* Weight evaluation of Tabapuã cattle raised in northeastern Brazil using random-regression models. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec*, v. 69, p. 457–464, 2017.
- PEEL, M. C.; FINLAYSON, B. L.; MCMAHON, T. A. Updated world map of the Köppen-Geiger climate classificatio. *Hydrology and Earth System Sciences*, v. 11, p. 1633–1644, 2007. Disponível em: <www.hydrol-earth-syst-sci.net/11/1633/2007/>.
- PELICIONI, L. C. *et al.* Estimates of Genetic Parameters for Body Weights of Guzerat Cattle. p. 14884, 2002.
- PEÑA, C. D. O.; QUEIROZ, S. A. DE; FRIES, L. A. Estimation of Correction Factors of Scrotal Circumference for Age and Body Weight in Young Nellore Breed Bulls. *Revista brasileira de zootecnia*, v. 29, n. 6, p. 1667–1675, 2000.
- PONZONI, R. W. Which trait for genetic improvement of beef cattle reproduction : calving rate or calving day? *The Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 109, p. 119–128, 1992. Disponível em: <<https://scihub.tw/https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1439-0388.1992.tb00386.x>>.
- QUIRINO, C. R.; BERGMANN, J. A. G. HERITABILITY OF SCROTAL CIRCUMFERENCE ADJUSTED AND UNADJUSTED FOR BODY WEIGHT IN NELLORE BULLS, USING UNIVARIATE AND BIVARIATE ANIMAL MODELS. *Theriogenology*, n. 98, 1998.
- R CORE TEAM. *R: A language and environment for statistical computing*. . Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>. , 2018
- RAHWAY, N. J. *Cattle Breeds of the World*. n. MSO-AGVET (Merck & Co., Inc.), 1985.
- RATHORE, A. *Differences in growth of Sindhi and crosses of Sindhi with Jersey , Brown*

Swiss , *Holstein-Friesian and Guernsey cattle*. 1949. Iowa State University Capstones, 1949.

RÍOS-UTRERA, A. *et al.* Direct and maternal genetic effects for growth traits in indubrazil cattle. *Revista Científica de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad del Zulia*, v. 23, n. 5, p. 440–447, 2013.

SANTIAGO, A. A. *A epopeia do Zebu*. [S.l.]: Associação Brasileira dos Criadores de Sindi, 2009. Disponível em: <https://issuu.com/abcsindioficial/docs/a_epopeia_do_zebu__2>.

SAS/STAT. SAS®. Cary, NC: SAS Institute Inc. , 2020

SCHMIDT, P. I. *et al.* Genetic analysis of age at first calving, accumulated productivity, stayability and mature weight of Nellore females. *Theriogenology*, 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2017.11.035>>.

SILVA, A. M. *et al.* Heritabilities and Genetic Correlations for Male Body Weight and Scrotal Circumference and Female Reproductive and Growth Traits, in Canchim Cattle. *Rev. bras. zootec.*, v. 29, n. 6, p. 2223–2230, 2000.

SILVA, D. A. *et al.* Contemporary groups in the genetic evaluation of Nellore cattle using Bayesian inference. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 52, n. 8, p. 643–651, 2017.

SOARES, A. C. C. *et al.* Multiple-trait genomewide mapping and gene network analysis for scrotal circumference growth curves in Brahman cattle. n. May, p. 3331–3345, 2018.

SORENSEN, D.; GIANOLA, D. *Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics*. [S.l: s.n.], 2002.

TIWARI, R. *et al.* Seasonal variations in the quality and freezability of Red Sindhi bull semen. *Indian Journal of Animal Sciences*, v. 82, n. November, p. 1344–1346, 2012.

WRIGHT, S. Systems of Mating. IV. the Effects of Selection. *Genetics*, v. 6, n. 2, p. 162–192, 1921. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17245961>><<http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=PMC1200504>>.