

**UNIVERSIDADE ESTADUAL VALE DO ACARAÚ
PROGRAMA DE MESTRADO EM ZOOTECNIA**

**ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PROLIFICIDADE E
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO, EM OVINOS DA RAÇA MORADA
NOVA, UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA**

DIEGO RODRIGUES DE SOUSA

**SOBRAL – CE
NOVEMBRO – 2014**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL VALE DO ACARAÚ
PROGRAMA DE MESTRADO EM ZOOTECNIA**

**ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PROLIFICIDADE E
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO, EM OVINOS DA RAÇA MORADA
NOVA, UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA**

DIEGO RODRIGUES DE SOUSA

**SOBRAL – CE
NOVEMBRO – 2014**

DIEGO RODRIGUES DE SOUSA

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PROLIFICIDADE E
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM OVINOS DA RAÇA MORADA
NOVA, UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA

Dissertação apresentada ao Programa de
Mestrado em Zootecnia, da Universidade
Estadual Vale do Acaraú, como requisito parcial
para obtenção do Título de Mestre em Zootecnia.

Área de concentração: Produção Animal

ORIENTADOR
PROF. DR. OLIVARDO FACÓ

COORIENTADORA:
DRA. LUCIANA SHIOTSUKI BELCHIOR

SOBRAL – CE
NOVEMBRO – 2014

CIP - BRASIL. CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO

Sousa, Diego Rodrigues de
Estimativa de parâmetros genéticos para prolificidade e características de crescimento em ovinos da raça Morada Nova, utilizando inferência bayesiana / Diego Rorigues de Sousa, CE:UVA, 2014.
71p.

Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Estadual Vale do Acaraú – Centro de Ciências Agrárias e Biológicas, Sobral, 2014

Orientador: Olivardo Facó

1. amostrador de gibbs. 2. característica reprodutiva. 3. pesos corporais. 4. raça localmente adaptada. Facó, Olivardo II. Estimativa de parâmetros genéticos para prolificidade e características de crescimento em ovinos da raça morada nova utilizando inferência bayesiana.

DIEGO RODRIGUES DE SOUSA

**ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PROLIFICIDADE E
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM OVINOS DA RAÇA MORADA
NOVA, UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA**

Dissertação defendida e aprovada em: ____/____/____ pela comissão examinadora:

DR. RAIMUNDO NONATO BRAGA LÔBO
EMBRAPA CAPRINOS E OVINOS

DRA. ANA MARIA BEZERRA OLIVEIRA LÔBO
EMBRAPA CAPRINOS E OVINOS

DR. OLIVARDO FACÓ
EMBRAPA CAPRINOS E OVINOS
PRESIDENTE

SOBRAL – CE
NOVEMBRO – 2014

A **DEUS**, primeiramente, se não fosse por ele eu nada seria.
A minha **mãe Maria Lucia Rodrigues**, por todo o seu amor e esforço dedicado a
mim e nossa família.
Ao meu **pai Benedito Aguiar de Sousa**, pelo exemplo de caráter e determinação.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, por estar sempre presente em todos os momentos da minha vida.

A minha família, pelo carinho, pela paciência, pela compreensão, pelo apoio e confiança na realização desse sonho.

À Universidade Estadual Vale do Acaraú (UVA), aos docentes do Curso de Zootecnia e, em especial, ao Programa de Mestrado em Zootecnia, pela oportunidade de realização deste sonho.

À Fundação Cearense de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico (FUNCAP), pela bolsa de estudos concedida.

À Embrapa Caprinos e Ovinos, em especial ao Programa de Melhoramento de Caprinos e Ovinos de Corte (GENECOC[®]), sem o qual não seria possível esse trabalho.

Ao meu orientador, Dr. Olivardo Facó, pessoa que tenho grande admiração, pela orientação, pelo incentivo e, sobretudo, pelo exemplo de profissionalismo.

À minha orientadora de graduação, Dra. Aline Landim, pela orientação, pela amizade, pela paciência, sobretudo pela confiança e pelo apoio durante toda minha vida acadêmica. minha eterna admiração e gratidão.

À minha coorientadora, Dra. Luciana Shiotsuki Belchior, pela coorientação.

Ao Dr. Raimundo Nonato Braga Lôbo, pelos ensinamentos e conselhos de vida que foram muito importantes para mim. Receba meu reconhecimento e gratidão.

À Dra Ana Maria Lôbo, que muito me ajudou com preciosas lições, me incentivando e propiciando força em vários momentos.

Aos meus amigos da área de melhoramento genético, Tyssia Nogueira, Vilar Melo, Anderson Alves, Michelle Santos, pelo apoio, conselhos e amizade.

A todos os professores (as) que contribuíram com minha formação profissional, durante o período de graduação, os meus agradecimentos.

Aos meus amigos Rennan Peter, Natan Bezerra, Saymon Lucas, Victor Marinho, Tiel Bezerra, Jonas Aragão, Henry Rangel e Henrique Rafael, por todos os momentos de amizade, apoio, conselhos, e, principalmente, pelos momentos de descontração.

Aos companheiros de pós graduação, Jefferson Ferreira, Dalva Alana, Renato Peixoto, Carlos Mikael, Clessio Moreira, Natan Roriz, Lidia Miranda, Livian Freitas, Lochaidar Magalhães, Clebio Ferreira e Cleverton Caçula, pelo prazer da convivência e pela amizade.

Aos amigos que fiz durante a graduação, em especial André Lima e Diones Gomes.

Aos bolsistas e estagiários do GENENCOC® e do CAPRAGENE, Andreia Galvão, Lucas Breno, Adailton Costa, Joiane Porciuncula e Ciro Torres.

Aos funcionários do Departamento de Zootecnia da UVA, Joyce, Lurdinha, Dona Fátima e Felipe, pela amizade e convívio agradável.

A todos que contribuíram de forma direta e indireta para que fosse possível a execução deste trabalho.

MUITO OBRIGADO!

“Para se ter sucesso, é necessário amar de verdade o que se faz. Caso contrario, levando em conta apenas o lado racional, você simplesmente desiste. É o que acontece com a maioria das pessoas”

(Steve Jobs)

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	11
LISTA DE FIGURAS	12
RESUMO GERAL	13
GENERAL ABSTRACT.....	14
CAPÍTULO I - REFERENCIAL TEÓRICO	17
1. Raça Morada Nova.....	18
2. Prolificidade	19
3. Características de crescimento	21
4. Análise de características categóricas	24
5. Inferência Bayesiana	25
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	31
CAPÍTULO II - ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PROLIFICIDADE E CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA.....	45
RESUMO	46
GENERAL ABSTRACT.....	47
INTRODUÇÃO.....	48
MATERIAL E MÉTODOS.....	50
RESULTADOS E DISCUSSÃO	54
CONCLUSÃO.....	63
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	64
CONSIDERAÇÕES FINAIS	71

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

Tabela 1.	Herdabilidade da característica prolificidade em ovinos.....	21
Tabela 2.	Parâmetros genéticos para características de crescimentos em ovinos....	23

CAPÍTULO II

Tabela 1.	Definição do tamanho das cadeias, número total de amostras, descarte amostral (<i>burn-in</i>) e intervalo amostral (<i>thin</i>) para características Prolificidade (PROL), Peso ao Nascer (PN), Peso ao Desmame ajustado para 112 dias de idade (P112) e Ganho de Peso Médio Diário do Nascimento ao Desmame (GPD) após teste de convergência pelo critério Raftery e Lewis.....	54
Tabela 2.	Número de observações, média e desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valor mínimo e valor máximo para características prolificidade (PROL), peso ao nascimento (PN), peso ao desmame ajustado para 112 dias de idade (P112), ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (GPD).....	56
Tabela 3.	Estimativas de parâmetros genéticos para as características prolificidade (PROL), peso ao nascer (PN), efeito materno para peso ao nascer (PNm), peso ajustado aos 112 dias de idade (P112), efeito materno para peso ajustado aos 112 dias de idade (P112m), ganho de peso do nascimento ao desmame (GPD) e efeito materno para ganho de peso do nascimento ao desmame (GPDm) em ovinos da raça Morada Nova, obtidas em análises unicaracterística utilizando abordagem bayesiana.....	57

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO II

- Figura 1. Trajetória das cadeias das estimativas de parâmetros genéticos em análises unicaracterística para prolificidade (PROL), peso ao nascer (PN), efeito materno para peso ao nascer (PNm), peso ajustado aos 112 dias de idade (P112), efeito materno para peso ajustado aos 112 dias de idade (P112m), ganho de peso do nascimento ao desmame (GPD) e efeito materno para ganho de peso do nascimento ao desmame (GPDm) em ovinos da raça Morada Nova utilizando abordagem bayesiana..... 58
- Figura 2. Histogramas das estimativas de densidades posteriores dos parâmetros genéticos em análises unicaracterística para prolificidade (PROL), peso ao nascer (PN), efeito materno para peso ao nascer (PNm), peso ajustado aos 112 dias de idade (P112), efeito materno para peso ajustado aos 112 dias de idade (P112m), ganho de peso do nascimento ao desmame (GPD) e efeito materno para ganho de peso do nascimento ao desmame (GPDm) em ovinos da raça Morada Nova utilizando abordagem bayesiana..... 59

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PROLIFICIDADE E CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA

RESUMO GERAL

O objetivo deste estudo foi caracterizar os parâmetros genéticos populacionais para as características peso ao nascer (PN), peso ao desmame ajustado para 112 dias de idade (P112), ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (GPD) e prolificidade (PROL) de ovinos da raça Morada Nova. Foram utilizados 2.666 registros de prolificidade, 3.057 de PN, 1.386 de P112 e 1.386 de GPD de animais nascidos entre 2006 e 2014 provenientes de onze rebanhos dos municípios de Morada Nova, Limoeiro do Norte, e Sobral, do Ceará, assistidos pelo Núcleo de Melhoramento Genético Participativo na raça Morada Nova. Para estimação dos componentes de (co) variância foram realizadas análises unicaracterísticas empregando-se um modelo animal linear para PN, P112 e GPD e limiar para PROL, por meio de inferência bayesiana. Distribuições não-informativas (*flat*) foram utilizadas para todos os componentes de (co)variância. As estimativas de herdabilidade direta estimadas para PROL, PN, P112 e GPD foram $0,10 \pm 0,06$, $0,43 \pm 0,10$, $0,14 \pm 0,08$ e $0,13 \pm 0,07$, respectivamente. Para o efeito materno, as estimativas de herdabilidade foram $0,18 \pm 0,05$, $0,12 \pm 0,05$ e $0,10 \pm 0,04$ para PN, P112 e GPD, respectivamente. A estimativa de correlação genética entre o efeito direto e materno para PN foi de -0,89. As estimativas de herdabilidade indicam que é possível obter pequeno ganho genético utilizando como critério de seleção a prolificidade, o peso ao desmame e o ganho de peso do nascimento ao desmame. Para peso ao nascer, apesar da alta estimativa de herdabilidade, a existência de correlação genética negativa entre os efeitos direto e materno requer a realização de mais estudos sobre alternativas de utilização desta característica como critério de seleção.

Palavras-chave: amostrador de gibbs, característica reprodutiva, pesos corporais, raças localmente adaptadas

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR LITTER SIZE AND GROWTH TRAITS OF MORADA NOVA SHEEP BREED USING BAYESIAN INFERENCE

GENERAL ABSTRACT

The aim of this study was to characterize population genetic parameters for the traits birth weight (PN), weaning weight adjusted to 112 days of age (P112), average daily weight gain from birth to weaning (GPD) and litter size (PROL) of Morada Nova sheep breed. Were used 2,666 records of litter size, 3,057 of PN, 1,386 P112 and 1,386 of GPD, from animals born between 2004 and 2014, from eleven flocks, from Morada Nova, Limoeiro do Norte, Jaguaratama and Sobral municipalities, in the state of Ceará-Brazil, supported by Participatory Nucleus for Breeding of Morada Nova Sheep Breed were used. For estimation of the components of (co)variance, univariate analyzes were performed, using a linear animal model for PN, P112 and GPD, and a threshold model for PROL by Bayesian inference. The non-informative distributions (*flat*) were used for all components of (co)variance. Direct heritability estimates obtained for PROL, PN, P112, and GPD were 0.10 ± 0.06 , 0.43 ± 0.10 , 0.14 ± 0.08 and 0.13 ± 0.07 , respectively. For maternal effects, the heritability estimates were 0.18 ± 0.05 , 0.12 ± 0.05 and 0.10 ± 0.04 for PN, P112 and GPD, respectively. The estimate of genetic correlation between direct and maternal effects for PN was -0.89. Heritability estimates indicate that it is possible to obtain small genetic gain using litter size, weaning weight, weight gain from birth to weaning as selection criteria. For birth weight, despite the high heritability the existence of negative genetic correlation between direct and maternal effects requires further research on alternatives to use this trait as a selection criteria.

Key words: gibbs sampler, reproductive trait, body weights, locally adapted breeds

CONSIDERAÇÕES GERAIS

Em todo o mundo vem sendo observada a perda de variabilidade genética nas espécies animais de interesse pecuário. No caso da espécie ovina, a Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO) já registrou quase duas centenas de raças extintas e outra centena de raças que estão sob ameaça de extinção.

Vários são os fatores que têm levado à extinção de raças. Dentre estes podem ser citados: a redução de áreas disponíveis para a pecuária, o crescimento da população humana e a maior demanda por alimentos, com conseqüente necessidade de intensificação dos sistemas de produção. Somado a isso, o processo de globalização tem tornado mais fácil à importação de reprodutores, matrizes, sêmen e embriões de raças exóticas. Na busca por aumentos de produtividade, os produtores têm buscado a utilização de animais das poucas raças que já passaram por processos de seleção e melhoramento genético, num processo global de substituição das raças localmente adaptadas por raças especializadas. Esse processo tem levado à extinção de várias raças.

Preocupados com a tendência de extinção de mais raças localmente adaptadas, especialistas têm recomendado diversas estratégias de ação com foco na conservação pelo uso. Entre estas estratégias está a estruturação de esquemas de seleção na forma de núcleos de melhoramento genético participativo.

Um núcleo de melhoramento participativo foi criado no Brasil para a conservação e melhoramento da raça Morada Nova. Esta raça é a única, dentre as raças ovinas locais, que apresenta risco de extinção. Todavia, as estratégias de seleção a serem utilizadas são determinadas com base no conhecimento dos parâmetros genéticos e fenotípicos para as características de maior importância econômica para o objetivo de seleção. As características de maior importância para o sistema de produção de ovinos da raça Morada Nova, que é caracterizado pelo uso de pastagem nativa em regiões semiárida, são prolificidade e características de desempenho (peso ao nascer, peso ao desmame, ganho de peso diário do nascimento ao desmame).

Portanto, é necessário caracterizar os parâmetros dessas características para a raça. No entanto, a característica prolificidade deve ser avaliada por metodologia que considere a sua natureza categórica.

Baseado nisso propõe-se neste trabalho estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos para caracterizar a raça Morada Nova e gerar conhecimento para as decisões de seleção para a raça. Com essa finalidade, apresentamos este trabalho em dois

capítulos. O primeiro capítulo refere-se a revisão de literatura sobre estimativas de parâmetros genéticos populacionais para a característica prolificidade e para características de crescimento: peso ao nascer, peso ao desmame e ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame e inferência bayesiana na obtenção de estimativas de parâmetros genéticos populacionais. O segundo capítulo apresenta as estimativas dos parâmetros genéticos populacionais para as características avaliadas utilizando a inferência bayesiana.

CAPÍTULO I
REFERENCIAL TEÓRICO

1. Raça Morada Nova

A raça Morada Nova é um dos principais genótipos de ovinos, localmente adaptados às condições semiáridas do Nordeste brasileiro, explorada para produção de carne e pele (FERNANDES et al., 2001; MALHADO et al., 2009; SOUZA et al., 2011). Quanto à sua origem, existem controvérsias. De acordo Domingues (1954), a Morada Nova seria oriunda da raça portuguesa Bordaleira. Já Figueiredo (1980) acreditava que a raça teria contribuição tanto da raça Bordaleira como de raças africanas. Paiva et al. (2005) estudaram os haplótipos de DNA mitocondrial de algumas raças localmente adaptadas, entre elas a Morada Nova e a classificaram como sendo de origem europeia. No entanto, em um segundo trabalho, Paiva et al. (2006) verificaram a predominância de um alelo nas raças localmente adaptadas estudadas que era pouco frequente em raças europeias o que contradizia seu primeiro estudo. Assim, a verdadeira origem da raça permanece incerta.

Atualmente, a Associação Brasileira de Criadores de Ovinos reconhece duas variedades de ovinos da raça Morada Nova: a vermelha, variando de intensidade escura a clara, e a branca. A variedade vermelha corresponde a maior parte do efetivo da raça. Os machos pesam, na idade adulta, entre 40 a 60 kg e as fêmeas 30 a 50 kg de peso vivo (ARCO, 2014). Este pequeno porte pode ser uma vantagem adaptativa da raça, principalmente para os sistemas extensivos em que é criada (FACÓ et al., 2008).

Dentre as características relevantes da raça, sua adaptação às condições climáticas de criação foi relatada por Morais (2010) que avaliou 27 rebanhos de ovinos Morada Nova de cinco estados Nordestinos e verificou que mesmo quando os animais eram expostos a condições ambientais severas, como elevados níveis de radiação, os mecanismos adaptativos permitiram a homeostase, indicados pelo perfil bioquímico e hematológico dentro da normalidade. Além disso, a raça apresenta outras características que a diferencia das demais raças localmente adaptadas do Nordeste brasileiro, tais como: boa fertilidade e maior prolificidade (SELAIVE-VILLARROEL e FERNANDES, 2000 QUESADA et al., 2002). Entretanto, limitações como sua baixa velocidade de crescimento, carcaça com pobre conformação e, principalmente, a maior valorização dada pelos criadores a animais de maior porte, tem levado a uma diminuição progressiva no número de criadores da raça (FACÓ et al., 2008).

Segundo Shiotsuki e Facó (2012) a redução no número de criadores foi uma preocupação repassada pelos criadores aos técnicos do Projeto Aprisco. Esses por sua

vez apresentaram esta preocupação aos técnicos do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos – GENECOC[®]. A partir disso, ações conjuntas dos criadores e do GENECOC foram em prol da criação de um núcleo de melhoramento genético d raça. Com a criação do núcleo propõe-se uma abordagem participativa, no qual a organização é totalmente descentralizada e o trabalho é realizado por grupos de produtores. No melhoramento participativo há uma efetiva interação entre criadores e técnicos, os quais adaptam as abordagens tradicionais de melhoramento à realidade dos pequenos rebanhos característicos do Nordeste brasileiro.

Hoje o núcleo de conservação e melhoramento da raça Morada Nova é conduzido por técnicos da Embrapa e os criadores que representam a Associação Brasileiro de Ovinos da Raça Morada Nova (ABMOVA) com apoio de diversas instituições e universidades.

Na abordagem participativa os objetivos de seleção são definidos por todos os participantes levando-se em conta as percepções dos criadores, do sistema de produção e do ambiente em que ele está inserido. No núcleo do melhoramento participativo da raça Morada Nova os objetivos são aumentar a velocidade de crescimento, a sobrevivência das crias e a precocidade de acabamento, as características de fertilidade, prolificidade, adaptação ao semiárido, baixo tamanho adulto, habilidade materna e preservação padrão racial (SHIOTSUKI e FACÓ, 2012).

2. Prolificidade

Entende-se Entende-se por prolificidade o número de crias nascidas por parto (CEYHAN et al., 2009; MOHAMMADI et al., 2012 e BOUJENANE et al., 2013). Em pequenos ruminantes a prolificidade é controlada pela taxa de ovulação (número de oócitos maduros liberados durante um ciclo estral) sendo determinada pela troca de sinais do sistema endócrino entre a hipófise e o ovário e regulada através de mediadores hormonais (BARTLEWSKI et al., 1999, MCNATTY et al., 2005 e POLLEY et al., 2009).

Berhan e Van Arendonk (2006), Rashidi et al. (2011) e Mohammadi et al. (2012) observaram que à medida que a fêmea torna-se anatômica e fisiologicamente madura, aumenta-se a sua chance de ter partos múltiplos. Lassoued et al. (2004), Robinson et al. (2006), Vinõles et al. (2009) e King et al. (2010) observaram que a suplementação alimentar próxima a períodos de acasalamento aumentava a taxa de ovulação em raças

ovinas. Ou seja, fêmeas com melhores condições corporais têm maiores chances de produzir maior quantidade de crias em uma única gestação.

Entretanto, os fatores ambientais não são os únicos responsáveis por influenciar a prolificidade. Em ovinos, há indicação que existe grande variação genética na taxa de ovulação entre e dentro de raça (DAVIS, 2005). Em alguns casos, esta variação é controlada geneticamente pela ação de genes de efeito maior (*major genes*). Três genes de efeito maior na prolificidade têm sido relatados em ovinos: o receptor de proteína morfogenética óssea 1B (BMPR 1B), também conhecido como gene fecundidade Booroola (*FecB*); o fator de diferenciação de crescimento 9 (GDF-9), também conhecido como *FecG*; e, a proteína morfogenética do osso 15 (BMP15 ou GDF9b), também conhecida como *FecX*. Todos esses genes pertencem à superfamília de fator de crescimento transformante- β (*TGF- β* ; FABRE et al., 2006).

A característica prolificidade apresenta considerável grau de variação genética e a herdabilidade dessa característica (Tabela 1) demonstra que ela pode ser aumentada por seleção genética (Scaramuzzi e Radford, 1983).

Estimativas de parâmetros genéticos para prolificidade em diferentes raças de ovinos tem sido publicadas por diversos autores (Tabela 1). Apesar de em algumas raças a características ser influenciada por genes de efeito maior, ela geralmente apresenta herdabilidade magnitude baixa (0,01 a 0,11), o que limita a resposta à seleção.

Tabela 1. Herdabilidade da característica prolificidade em ovinos

Raça	Herdabilidade	Referência
Targhee	0,11	Rao e Notter (2000)
Suffolk	0,09	Rao e Notter (2000)
Polypay	0,09	Rao e Notter (2000)
Rambouillet	0,09 \pm 0,01	Hanford et al (2005)
Polypay	0,11 \pm 0,02	Hanford et al. (2006)
Shropshire	0,06 \pm 0,01	Maxa et al. (2007)
Texel	0,06 \pm 0,01	Maxa et al. (2007)
Suffolk	0,04 \pm 0,01	Maxa et al. (2007)
Oxford	0,06 \pm 0,01	Maxa et al. (2007)
Lori-Bakhtiari	0,10 \pm 0,02	Vatankhah et al. (2008)
Sakiz	0,03	Ceyhan et al. (2009)

Kermani	0,01±0,01	Mokhtari et al.(2010)
Moghani	0,11±0,03	Rashidi et al. (2011)
Makooei	0,11±0,01	Mohammadi et al. (2012)
D'man	0,09±0,04	Boujenane et al. (2013)
Dorper	0,07±0,02	Zishiri et al. (2013)

Apesar da importância econômica da característica prolificidade para o aumento da produtividade na ovinocultura, em termos de uma maior produção de cordeiros por matriz (KUMAR et al., 2008), Gootwine et al. (2008) ressaltaram que ela não é o único fator importante dentro do sistema de produção. Maior prolificidade apresenta-se vantajosa apenas em condições de alimentação e manejo adequado. Em condições extensivas de criação, há evidências que o maior número de crias não está necessariamente relacionado à maior produtividade ou maiores benefícios econômicos (BUXADERA et al., 2004).

3. Características de crescimento

Dada a importância das características de crescimento, os pesos corporais em diferentes idades têm sido utilizados como critério de seleção em programas de melhoramento genético em todo o mundo (OZCAN et al., 2005). Na avaliação destas características, principalmente na fase inicial da vida dos indivíduos é importante considerar os efeitos diretos e maternos (JAFAROGHLI et al., 2010; MANDAL et al., 2012).

O peso ao nascer é uma das primeiras características expressas na vida de um animal. A expressão da característica é influenciada por diversos fatores tais como: ano de nascimento, tipo de parto, sexo e idade da ovelha (BEHZADI et al., 2007; RASHIDI et al., 2008; JAFAROGHLI et al., 2010; CHNITER et al., 2011; ABBASI et al., 2012; BOHLOULI et al., 2013). O peso ao nascer também está relacionado à capacidade de sobrevivências das crias (SAWALHA et al., 2007; MAXA et al., 2009; BINABAJ et al., 2013). De acordo com Mexia et al. (2006), o baixo peso ao nascer impacta diretamente sobre a renda do produtor, um vez que, a taxa de sobrevivência é umas das características de maior impacto na lucratividade em animais de corte (CONINGTON et al., 2004

Em fases de idade mais avançada, a influência dos fatores de ambiente materno tendem a diminuir, aumentando a importância do efeito genético do próprio animal (MANDAL et al., 2006; ABBASI et al., 2012). Porém, até o desmame e em idade próximas do desmame, as características de desenvolvimento ponderal são também influenciadas pelos efeitos genéticos maternos (RASHIDI et al., 2008; MOKHTARI et al., 2008; KUSHWAHA et al., 2009; JAFAROGHLI et al., 2010; MOHAMMADI et al., 2010; ESKANDARINASAB et al., 2010). Desta forma, características como peso ao desmame e ganho de peso do nascimento ao desmame são muito úteis para avaliar tanto o potencial genético de crescimento do próprio animal quanto o potencial genético de sua mãe em prover um adequado ambiente materno. Animais que exibem elevado ganho de peso do nascimento ao desmame apresentam menor ciclo produtivo. Isto representa uma vantagem para o produtor, pois aumenta a eficiência, e consequentemente, o lucro (MANDAL et al., 2012).

As estimativas de herdabilidade para características de crescimento na literatura apresentam grande variação (Tabela 2). Na maioria das raças ovinas, as características de crescimento possuem herdabilidade de magnitude moderada. Isto indica que têm variabilidade genética suficiente para obter progresso genético através da seleção direta. Por outro lado, as correlações genéticas entre os efeitos diretos e maternos são para estas características na sua maioria, negativos. Assim, a melhoria de um componente estaria associada com a redução do outro, o que torna o progresso genético geral da característica lento.

Tabela 2. Parâmetros genéticos para características de crescimentos em ovinos

Raça	Característica	h_d^2	h_m^2	r_{am}	Autor
Zandi	Peso ao nascer	0,15	0,13	-	Mohammadi et al. (2011)
	Peso ao desmame	0,15	0,15	-	
	Ganho de peso diário	0,14	0,14	-	
Sabi	Peso ao nascer	0,25	0,12	-	Matika et al. (2003)
	Peso ao desmame	0,13	0,06	-	
	Ganho de peso diário	0,17	0,04	-	
Dorper	Peso ao nascer	0,11	0,10	-0,35	Neser et al. (2001)
	Peso ao desmame	0,20	0,10	-0,58	
Moghani	Peso ao nascer	0,07	0,18	-	Jafaroghli et al.

	Peso ao desmame	0,09	0,06	-	(2010)
	Ganho de peso diario	0,08	-	-	
Sanjabi	Peso ao nascer	0,09	0,14	-	Mohammadi et al. (2010)
	Peso ao desmame	0,15	0,24	-	
	Ganho de peso diario	0,14	0,23	-	
Horro	Peso ao nascer	0,20	0,10	-0,53	Abegaz et al. (2005)
	Peso ao desmame	0,16	0,15	-0,47	
	Ganho de peso diario	0,15	0,20	-0,45	
Kermani	Peso ao nascer	0,04	0,24	-	Rashidi et al. (2008)
	Peso ao desmame	0,27	-	-	
	Ganho de peso diario	0,15	-	-	
Arabi	Peso ao nascer	0,10	-	-	Roshanfekar et al. (2011)
	Peso ao desmame	0,10	-	-	
	Ganho de peso diario	0,10	-	-	
Malpura	Peso ao nascer	0,21	-	-	Prakash et al. (2012)
	Peso ao desmame	0,24	-	-	
	Ganho de peso diario	0,23	-	-	
Santa Inês	Peso ao nascer	0,15	0,16	-	Sousa et al. (2006)
	Peso ao desmame	0,11	0,11	-	
Somalis Brasileira	Peso ao nascer	0,15	0,15	-	Magalhães et al. (2013)
	Peso ao desmame	0,12	0,22	-	
	Ganho de peso diario	0,07	0,19	-	
Morada Nova	Peso ao nascer	0,06	-	-	Fernandes (1992)
	Peso ao desmame	0,08	-	-	
Morada Nova	Peso ao nascer	0,15	-	-	Quesada et al. (2002)
	Peso ao desmame	0,07	-	-	
Morada Nova	Peso ao nascer	0,19	0,19	0,49	Shiotsuki et al. (2014)
	Peso ao desmame	0,14	0,09	0,69	
	Ganho de peso diario	0,11	0,05	0,74	

herdabilidade direta (h_d^2), herdabilidade materna (h_m^2), correlação entre efeito direto e materno (r_{am}).

4. Análise de características categóricas

Várias características de importância econômica na produção animal, como a prolificidade, não apresentam distribuição contínua. Desta forma, a identificação do método de estimação e do modelo estatístico mais adequado, e que melhor represente o comportamento biológico da característica em estudo, são cruciais para obtenção de estimativas precisas dos componentes de (co) variâncias (FARIA et al., 2007).

A análise de dados genéticos descontínuos vem sendo realizada de duas formas distintas. A primeira forma ignora a natureza discreta dos dados categóricos e a análise procede como se os dados apresentassem caráter contínuo. A outra forma de análise envolve o conceito de limiar (FALCONER, 1989), que assume uma distribuição normal, não observável, subjacente à variável discreta mensurada. A conexão da variável discreta e a escala contínua subjacente é gerada por um conjunto de limiares fixos.

Métodos estatísticos de estrutura clássica muitas vezes não conseguem incorporar toda informação disponível do animal, nem dar soluções aos problemas complexos no contexto da produção animal (MONTALVÁN, 2013), podendo gerar conclusões equivocadas sobre as estimativas dos parâmetros genéticos. Assim, o Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP), conforme salientado por Thompson (1979), Gianola (1980), Gianola, (1982) e Hoeschele (1988), não seria apropriado para as variáveis categóricas, pois eles violariam várias pressuposições existentes nas metodologias de modelos mistos. Alguns dos problemas são descritos pelos autores:

- a) as variâncias das características categóricas são heterogêneas;
- b) as soluções do BLUP não consideram a restrição de que a soma das probabilidades de resposta tem que ser igual a um entre todas as categorias de resposta;
- c) a variância genética aditiva na escala observada depende da incidência da característica na população dada;
- d) quando a esperança condicional das predições dos dados é não linear, as propriedades de classificação do melhor preditor linear não parecem ser otimizados.

Diante disso, surgiu à necessidade de métodos específicos para análises de dados categóricos que permitissem estimar acuradamente seus componentes de (co)variância.

Desta forma, Gianola e Foulley (1982) introduziram os métodos bayesianos no melhoramento animal, no contexto de característica de limiar.

5. Inferência Bayesiana

Os métodos bayesianos foram baseados no Teorema de Bayes, desenvolvido pelo padre Thomas Bayes (1763) que visa descrever a incerteza sobre o verdadeiro valor de alguns parâmetros, utilizando a probabilidade como uma medida de incerteza (BROEMELING, 1985 e GELMAN et al., 2003). O teorema de Bayes é uma forma matemática de resumir toda a informação disponível sobre um determinado evento, com a finalidade de realizar a melhor decisão possível. A incerteza acerca dos parâmetros θ é expressa através de uma função densidade de probabilidade para estes parâmetros, dadas às observações, $p(\theta|y)$.

Pela definição de probabilidade condicional:

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

Em que:

$p(\theta|y)$ é a distribuição posterior dos parâmetros, dadas as observações;

$p(\theta, y)$ é a distribuição conjunta dos parâmetros e as observações;

$p(y)$ é a distribuição marginal das observações.

De acordo com a teoria das probabilidades, sabe-se que:

$$p(\theta, y) = p(y|\theta)p(\theta)$$

Em que:

$p(y|\theta)$ é a distribuição das observações, dados os parâmetros (verossimilhança);

$p(\theta)$ é a distribuição a priori dos parâmetros.

Pelo *teorema de Bayes* (1763):

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

Dessa forma, a densidade posterior dos parâmetros $p(\theta|y)$ pode ser calculada através da verossimilhança $p(y|\theta)$, a distribuição a priori dos parâmetros $p(\theta)$ e a distribuição marginal das observações $p(y)$. Como a distribuição marginal das observações é constante (não depende dos parâmetros θ), a densidade a posteriori pode ser dada por:

$$p(\theta|y) \propto p(y|\theta)p(\theta)$$

\propto representa proporcionalidade, e esta última expressão pode ser interpretada como distribuição a *posteriori* \propto *função de verossimilhança x distribuição a priori* (BOX e TIAO, 1992).

Distribuição a priori

A informação a priori, dada pela densidade de probabilidade $P(\theta)$, expressa o conhecimento do pesquisador sobre os parâmetros a serem estimados. Esse conhecimento prévio pode ser obtido através de análises anteriores, experiência do pesquisador na área em questão ou publicações sobre o assunto que se deseja tratar. Quando, em um determinado estudo, o pesquisador tem pouca ou nenhuma informação para incorporar à priori, considera-se um priori *não-informativa*, deixando que as observações mostrem todas as informações sobre θ . Há casos em que a informação a priori dada é informativa, ou seja, existe algum conhecimento prévio sobre o parâmetro desconhecido.

Função de Verossimilhança

As observações y_1, \dots, y_n , representadas por uma amostra aleatória de uma população com densidade f , são utilizados na análise bayesiana através de uma função de verossimilhança $L(\theta|y_1, \dots, y_n)$, que é a densidade conjunta destas observações. Através da função de verossimilhança, as observações podem modificar o conhecimento que se tem a priori sobre θ . Dessa forma, esta função pode ser considerada como a

representação da informação de θ obtida dos dados. Esta função pode ser vista como a representação do que os dados têm a contar a respeito do parâmetro θ .

Distribuição *a posteriori*

A distribuição *a posteriori* incorpora, por meio do Teorema de Bayes, toda a informação disponível sobre o parâmetro, isto é, a informação inicial (distribuição *a priori*) mais a informação da experiência ou amostra (função de verossimilhança; PAULINO et al., 2003). Toda a inferência com respeito ao parâmetro é feita através da distribuição *a posteriori* destes. A partir de tal distribuição, estima-se os parâmetros através de valores observados da distribuição *a posteriori* tais como média, mediana e moda, além da incerteza com respeito ao parâmetro, sendo esta descrita através de intervalos de credibilidade (OLIVEIRA, 2012).

Método de simulação de Monte Carlo via cadeias de Markov

Por muito tempo as técnicas bayesianas foram abandonadas, porque requeriam complicadas resoluções de múltiplas integrais, muitas vezes com uso de métodos numéricos (CANTET et al., 1992). Todavia, a inferência exata somente seria possível se estas integrais pudessem ser calculadas analiticamente por meio de métodos não iterativos, o que é impraticável. Como alternativa, métodos iterativos, dentre as quais se destaca a técnica de Monte Carlo, baseada em cadeias de Markov (MCMC – Markov Chain Monte Carlo), permitiram a solução dos problemas decorrentes da impossibilidade de resolução dessas integrais (BLASCO, 2001; EHLERS, 2007).

A técnica de MCMC teve sua origem em 1953, com o trabalho de Metropolis et al. (1953). Esta técnica foi desenvolvida mais tarde por Hastings (1970), Geman e Geman (1984) e Gelfand e Smith (1990), consistindo de um método de simulação estocástica para obtenção aproximada da solução das integrais (SORENSEN, 1996). Este processo ocorre de forma iterativa, ou seja, repetidamente são estimados valores para o parâmetro e são obtidas amostras aleatórias dos mesmos, que tendem a se aproximar da distribuição estacionária: a própria distribuição de probabilidade *a posteriori* (GIANOLA e SORENSEN, 2002). Na cadeia de Markov, a probabilidade de estar em um certo estado em um tempo futuro é independente do passado, mas pode

dependem do estado atual do sistema, ou seja, os valores gerados no processo apresentam uma dependência (GAMERMAN e LOPES, 2006).

Amostrador de Gibbs

O método MCMC por ser um processo não analítico necessita de algoritmos iterativos especializados, dentro os quais o Amostrador de Gibbs, que vem sendo bastante utilizado para viabilização da inferência bayesiana no melhoramento genético. O amostrador de Gibbs é, essencialmente, um esquema iterativo de amostragem de uma cadeia de Markov, cujo núcleo de transição é formado pelas distribuições condicionais completas. É uma técnica para gerar variáveis aleatórias de uma distribuição marginal quando se conhece a sua densidade (GAMERMAN e LOPES, 2006). Nesse tipo de abordagem, não há distinção entre as estimativas de efeitos fixos, predição de efeitos aleatórios ou estimativas de componentes de variância, pois todo e qualquer parâmetro do modelo é tratado como uma variável aleatória e possuidores de distribuições a priori, que refletem o estágio de conhecimento acumulado sobre tais parâmetros (GIANOLA e FERNANDO, 1986).

É uma técnica relativamente simples de ser realizar. Porém a utilização do amostrador de gibbs exige que as distribuições condicionais a posteriori dos parâmetros tenham formas conhecidas, dada pela função de máxima verossimilhança e as densidades a priori dos parâmetros. A convergência é atingida à medida que o número t de interações aumenta, aproximando da distribuição de equilíbrio (VAN TASSELL e VAN VLECK, 1995), ou seja, da densidade marginal desejada para cada parâmetro.

Van Tassell e Van Vleck (1995) resumiram as seguintes vantagens do uso do método da Amostragem de Gibbs, em relação aos métodos usuais que empregam teoria BLUP:

- a) não requer soluções para as equações de modelo misto;
- b) permite a análise de conjunto de dados maior do que quando se usa REML com técnicas de matrizes esparsas;
- c) propicia estimativas diretas e acuradas dos componentes de (co)variância, valores genéticos e intervalos de credibilidade para essas estimativas;

Implementação da Amostragem de Gibbs

Mesmo sendo uma técnica relativamente fácil de realizar e representando uma ótima ferramenta para resolução de muitos problemas práticos na análise Bayesiana, a amostragem de Gibbs demanda alguns cuidados, em questões relacionadas à distribuição inicial, ao período de descarte (*burn-in*) e ao intervalo amostral (*thin*) (MAGNABOSCO, 1997).

Uma crítica comum da abordagem bayesiana é que a escolha da distribuição a priori é bastante pessoal. Em alguns casos, a distribuição a posteriori é muito sensível à escolha da distribuição a priori (BARBOSA, 2007). Outros cuidados necessários ao trabalhar com a abordagem bayesiana estão relacionados ao período de descarte (*burn – in*) e o intervalo amostral (*thin*).

O período de descarte é o número de ciclos que devem ser descartados antes que as amostras produzidas pela amostragem de Gibbs possam ser consideradas na inferência. Este período de descarte tem por objetivo fazer com que o amostrador se distancie da *priori* e atinja uma distribuição estacionária do parâmetro (VAN TASSELL e VAN VLECK, 1995), sendo comum descartar de 10% a 50% do total das primeiras iterações.

O intervalo amostral é uma alternativa para minimizar a dependência existente entre as observações sucessivas da cadeia. Para se obter uma amostra independente, as observações devem ser espaçadas por um determinado número de iterações (RESENDE, 2000). Ou seja, deve-se considerar saltos (*thin*) de tamanho k , usando, para compor a amostra, os valores a cada k iterações. Neste processo, o intervalo de retirada das amostras deve ser suficiente para que as amostras utilizadas não sejam correlacionadas (FARIA et al., 2007), sendo comum o intervalo de retirada de 10% do total das amostras.

Análise de convergência

Na inferência bayesiana não existe diagnóstico de convergência, entretanto, alguns métodos são utilizados como forma de identificar a existência ou não de convergência. Estes métodos fornecem uma ideia de que a cadeia pode não ter convergência, porém não fornecem a certeza de convergência (EVERLING, 2012). Os métodos utilizados para monitorar a convergência das cadeias são classificados como

informais e formais. Como método de monitoração informal, tem-se o método proposto por Gelfand e Smith (1990), baseado na visualização gráfica da cadeia gerada. Como métodos de monitoração formal, têm-se, dentre os mais utilizados, aqueles propostos por Gelman e Rubin (1992), Geweke (1992), Heidelberger e Welch (1983) e Raftery e Lewis (1992). Uma avaliação detalhada dos critérios de convergência para o método de Monte Carlo via Cadeias de Markov pode ser encontrado em Nogueira et al. (2004).

Erro de Monte Carlo

O cálculo do erro de Monte Carlo permite verificar a acurácia das estimativas médias das distribuições *a posteriori* (SORENSEN et al., 1994). De acordo com Van Tassel e Vleck (1996), o erro de Monte Carlo trata-se de uma estatística associada ao erro de estimação de determinado parâmetro e é estimado através do cálculo da variância das amostras retiradas para cada componente de (co) variância e dividindo-se essa variância pelo número de amostras. Assim, a raiz quadrada desse valor é uma aproximação de desvio-padrão do erro associado ao tamanho da cadeia de Gibbs (CAMPOS, 2013). O erro de Monte Carlo é considerado pequeno quando seu valor, somado à estimativa média da distribuição posterior dos coeficientes de herdabilidade, não altera o valor dessa estimativa, de modo que seja considerada até a segunda casa decimal da herdabilidade (FARIA et al., 2008).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABBASI, M.A.; ABDOLLAHI-ARPAHAHI, R.; MAGHSOUDI, A.; et al. Evaluation of models for estimation of genetic parameters and maternal effects for early growth traits of Iranian Baluchi sheep. **Small Ruminant Research**, v.104, p.62–69, 2012.
- ABDOLLAHY, H.; HASANI, S.; ZEREHDARAN, S.; et al. Determination of economic values for some important traits in Moghani sheep. **Small Ruminant Research**, v.105, p.161–169, 2012.
- ABEGAZ, S.; VAN WYK, J.B.; OLIVIER, J.J. Model comparisons and genetic and environmental parameter estimates of growth and the Kleiber ratio in Horro sheep. **South African Journal of Animal Science**, v.5, p.30–40, 2005.
- ARCO, **Assistência aos Rebanhos Criadores de Caprinos e Ovinos: Associação Brasileira de Criadores de Ovinos**. Disponível em: <http://www.arcoovinos.com.br/sitenew/racas_links/morada_nova.htm> Acesso em: Fev. 11, 2014.
- BARBOSA, L. **Avaliação genética de suínos utilizando abordagens frequentistas e bayesianas**. 2007. 83f. Tese. (Doutorado em Ciências) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- BARTLEWSKI, P. M.; BEARD, A. P.; COOK, S. J.; et al. Ovarian antral follicular dynamics and their relationships with endocrine variables throughout the oestrous cycle in breeds of sheep differing in prolificacy. **Journal of Reproduction and Fertility**, v.115, p.111–124, 1999.
- BEHZADI, B.M.R.; SHAHROUDI, F.E.; VAN VLECK, L.D. Estimates of genetic parameters for growth traits in Kermani sheep. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.124, p.296–301, 2007.

- BERHAN, A.; VAN ARENDONK, J. Reproductive performance and mortality rate in Menz and Horro sheep following controlled breeding in Ethiopia. **Small Ruminant Research**, v.63, p.297–303, 2006.
- BINABAJ, F.B.; TAHMOORESPUR, M.; ASLAMINEJAD, A.A. et al. The investigation of non-genetic factors affecting survival of Karakul lambs from birth to one year of age using linear and nonlinear models. **Small Ruminant Research**, v.113, p.34–39, 2013.
- BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v.79, p. 2023–2046, 2001.
- BOHLOULI, M.; MOHAMMADI, H.; ALIJANI, S. Genetic evaluation and genetic trend of growth traits of Zandisheep in semi-arid Iran using random regression models. **Small Ruminant Research**, v.114. p.195– 201, 2013.
- BOUJENANE, I.; CHIKHI, A.; SYLLA, M.; et al. Estimation of genetic parameters and genetic gains for reproductive traits and body weight of D'man ewes. **Small Ruminant Research**, v.113, p.40–46, 2013.
- BOX, G.E.P.; TIAO, G.C. **Bayesian Inference in Statistical Analysis**. [s.n.]. New York: JohnWiley-Interscience, 1992. 588p.
- BROEMELING, L.D. **Bayesian Analysis of Linear Models**. [s.n.]. New York: Marcel Dekker, 1985, 451p.
- BUXADERA, A. M.; ALEXANDRE, G.; MANDONNET, N. Discussion on the importance, definition and genetic components of the number of animals born in the litter with particular emphasis on small ruminants in tropical conditions. **Small Ruminant Research**, v.54, p.1–11, 2004.
- BYRNE, T.J.; AMER, P.R.; FENNESSY.; et al. Breeding objectives for sheep in Ireland: A bio-economic approach. **Livestock Science**, v.132, p.135–144, 2010.

- CAMPOS, B.M. **Análise genética e comparação de modelos por inferência bayesiana e frequentista em características de crescimento de bovinos da raça tabapuã do estado da Bahia**. 2013. 84f. Dissertação. (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga.
- CANTET, R.J.C.; FERNANDO, R.L.; GIANOLA, D. Bayesian inference about dispersion parameters of univariate mixed models with maternal effects: theoretical considerations. **Genetics Selection Evolution**, v.24, p.107–135, 1992.
- CEYHAN, A.; SEZENLER, T.; ERDOĞAN, I. The estimation of variance components for prolificacy and growth traits of Sakız sheep. **Livestock Science**, v.122, p.68–72, 2009.
- CHNITER, M.; HAMMADI, M.; KHORCHANI, T.; et al. Phenotypic and seasonal factors influence birth weight, growth rate and lamb mortality in D'man sheep maintained under intensive management in Tunisian oases. **Small Ruminant Research**, v.99, p.166–170, 2011.
- CONINGTON, J.; BISHOP, S. C.; WATERHOUSE, A.; et al. A bioeconomic approach to derive economic values for pasture-based sheep genetic improvement programs. **Journal of Animal Science**, v.82, p. 1290–1304, 2004.
- DAVIS, G.H. Major genes affecting ovulation rate in sheep. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.11–23, 2005. *Genetics Selection Evolution*
- DOMINGUES, O. **Sobre a origem do carneiro deslanado no Nordeste**. Fortaleza: Seção de Fomento Agrícola do Ceará, 1954. 28 p. (Seção de Fomento Agrícola no Ceará. Publicação, 3).
- EHLERS, R.S. **Introdução à inferência bayesiana** (Apostila). 5.ed. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 2007. 80 p.
- ESKANDARINASAB, M.; GHAFOURI-KESBI, F.; ABBASI M.A. Different models for evaluation of growth traits and Kleiber ratio in na experimental flock of Iranian

- fat-tailed Afshari sheep. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.127, p.26–33, 2010.
- EVERLING, D.M. **Escores visuais e associação com características de crescimento em bovinos da raça Angus**. 2012. 77f. Tese. (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria.
- FABRE, S.; PIERRE, A.; MULSANT, P.; et al. Regulation of ovulation rate in mammals: contribution of sheep genetic models. **Reproductive Biology and Endocrinology**, v.4, p.4–20, 2006.
- FACÓ, O.; PAIVA, S. R.; ALVES, L. R. N.; et al. **Raça Morada Nova: Origem, Características e Perspectivas**. Sobral: Embrapa Caprinos e Ovinos, 2008. 43p. Documentos, 75.
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3.ed. New York: Longman Scientific and Technical, 1989. 438 p.
- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; REYES, A.; et al. Inferência bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: Revisão Bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, v.8, p.75–86, 2007.
- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; et al. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.835–841, 2008.
- FERNANDES, A. A. O. **Genetic and phenotypic parameter estimates for growth, survival and reproductive traits in Morada Nova hair sheep**. 1992. 183 f. Thesis (Degree of Doctor of Philosophy) - Oklahoma State University, Oklahoma.
- FERNANDES, A.A.O.; BUCHANAN, D.; SELAIVE-VILLARROEL, A.B. Avaliação dos Fatores Ambientais no Desenvolvimento Corporal de Cordeiros Deslanados da Raça Morada Nova. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1460–1465, 2001.

- FIGUEIREDO, E. A. P. de. Morada Nova of Brazil. In: MASON, I. **Prolific tropical sheep**. Rome: FAO, 1980. p.53-58. (FAO Animal Production and Health Paper, 17).
- GAMERMAN, D.; LOPES. H.F. **Markov Chain Monte Carlo - Stochastic Simulation for Bayesian Inference**. 2.ed. New York: Chapman & Hall/CRC, 2006. 344p.
- GELFAND, A.E.; SMITH, A.F.M. Sampling-Based Approaches to Calculating Marginal Densities. **Journal of the American Statistical Association**, v.85, p.398–409, 1990.
- GELMAN, A.; RUBIN, D.B. Inference from Iterative Simulation Using Multiple Sequences. **Statistical Science**, v.7, p.457–472, 1992.
- GELMAN, A.; CARLIN, J. B.; STERN, H. S.; et al. **Bayesian Data Analysis**, 3.ed. New York: Chapman & Hall/CRC, 2003. 666p.
- GEMAN, S.; GEMAN, D. Stochastic relaxation, Gibbs distributions, and the bayesian restoration of images. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, v.6, p.721–741, 1984.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. **Bayesian Statistics**, v.4, p.1–31, 1992
- GIANOLA, D. A method of sire evaluation for dichotomies. **Journal of Animal Science**, v.51, p. 1265–1271, 1980.
- GIANOLA, D. Theory and analysis of threshold characters. **Journal of Animal Science**, v.54, p. 1079–1096, 1982.
- GIANOLA E FOULLEY. Non-linear prediction of latent genetic liability with binary expression: an empirical Bayes approach. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 2.,1982, Madrid.

- Proceedings...** Madrid: Genetics Applied To Livestock Production, 1982. p.293–303.
- GIANOLA, D., FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v.63, p.217–244, 1986.
- GOOTWINE, E.; REICHER, S.; ROZOV, A. Prolificacy and lamb survival at birth in Awassi and Assaf sheep carrying the *FecB* (Booroola) mutation. **Animal Reproduction Science**, v.108, p.402–411, 2008.
- HAGHDOOST, A.; SHADPARVAR, A.A.; NASIRI, M.T.B.; et al. Estimates of economic values for traits of Arabic sheep in village system. **Small Ruminant Research**, v.80, p.91–94, 2008.
- HANFORD, K.J.; VAN VLECK, L.D.; SNOWDERC, G.D. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Rambouillet sheep. **Small Ruminant Research**, v.57, p.175–186, 2005.
- HANFORD, K.J.; VAN VLECK, L.D.; SNOWDERC, G.D. Estimates of genetic parameters and genetic trend for reproduction, weight, and wool characteristics of Polypay sheep. **Livestock Science**, v.102, p.72–82, 2006.
- HASTINGS, W. K. Monte Carlo Sampling Methods Using Markov Chains and Their Applications. **Biometrika**, v.57, p.97–109, 1970.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P.D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, 1109–1144, 1983.
- HOESCHELE, I. Comparison of “Maximum A-Posteriori Estimation” and “Quasi Best Linear Unbiased Prediction” with threshold characters. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.105, p.337–361, 1988.

- JAFAROGHLI, M.; RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; et al. (Co)Variance components and genetic parameter estimates for growth traits in Moghani sheep. **Small Ruminant Research**, v.91, p.170–177, 2010.
- KING, B.J.; ROBERTSON, S.M.; WILKINS, J.F.; et al. Short-term grazing of lucerne and chicory increases ovulation rate in synchronised Merino ewes. **Animal Reproduction Science**, v.121, p.242–248, 2010.
- KOSGEY, I.S.; ROWLANDS, G.J.; VAN ARENDONK, J.A.M.; et al. Small ruminant production in smallholder and pastoral/extensive farming systems in Kenya. **Small Ruminant Research**, v.77, p.11–24, 2008.
- KUMAR, S.; MISHRA, A.K.; KOLTE, A.P.; et al. Effects of the Booroola (*FecB*) genotypes on growth performance, ewe's productivity efficiency and litter size in Garole×Malpura sheep. **Animal Reproduction Science**, v.105 p.319–331, 2008.
- KUSHWAHA, B.P.; MANDAL A.; ARORA A.L.; et al. Direct and maternal (co)variance components and heritability estimates for body weights in Chokla sheep. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.126, p.278–287, 2009.
- LASSOUED, N.; REKIK, M.; MAHOUACHI, M.; The effect of nutrition prior to and during mating on ovulation rate, reproductive wastage, and lambing rate in three sheep breeds. **Small Ruminant Research**, v.52, p.117–125, 2004.
- LÔBO, R.N.B.; PEREIRA, I.D.C.; FACÓ, O.; et al. Economic values for production traits of Morada Nova meat sheep in a pasture based production system in semi-arid Brazil. **Small Ruminant Research**, v.96, p.93–100, 2011.
- MAGALHÃES, A.F.B.; LOBO, R.N.B.; FACÓ, O. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em ovinos da raça Somalis Brasileira. **Ciência Rural**, v.43, p.884–889, 2013.
- MAGNABOSCO, C. D U. **Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento de animais da raça Nelore usando os métodos de máxima**

- verossimilhança restrita e amostragem Gibbs**. 1997. 89f. Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 1997.
- MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; AFFONSO, P.R.A.M.; et al. Growth curves in Dorper sheep crossed with the local Brazilian breeds, Morada Nova, Rabo Largo, Largo, and Santa Inês. **Small Ruminant Research**, v.84, p.16–21, 2009.
- MANDAL, A.; NESER, F.W.C.; ROUT, P.K.; et al. Estimation of direct and maternal (co)variance components for pre-weaning growth traits in Muzaffarnagari sheep. **Livestock Science**, v.99, p.79–89, 2006.
- MANDAL, A.; DASS, G.; ROUT, P.K.; et al. Model comparisons for estimation of genetic parameters of pre-weaning daily weight gains in Muzaffarnagari sheep. **Small Ruminant Research**, v.106, p.118–124, 2012.
- MATIKA, O.; VAN WYK, J.B.; ERASMUS, G.J.; et al. Genetic parameter estimates in Sabi sheep. **Livestock Production Science**, v.79, p.17–28, 2003.
- MAXA, J.; NORBERG, E.; BERG, P. et al. Genetic parameters for growth traits and litter size in Danish Texel, Shropshire, Oxford Down and Suffolk. **Small Ruminant Research**, v.68, p.312–317, 2007.
- MAXA, J.; SHARIFI, A. R.; PEDERSEN, J.; et al. Genetic parameters and factors influencing survival to twenty-four hours after birth in Danish meat sheep breeds. **Journal of Animal Science**, v.87, p.1888–1895, 2009.
- MCNATTY, K.P.; SMITH, P.; MOOREA, L.G. et al. Oocyte-expressed genes affecting ovulation rate. **Molecular and Cellular Endocrinology**, v.234, p.57–66, 2005.
- METROPOLIS, N.; ROSENBLUTH, A.W.; ROSENBLUTH, M.N. et al. Equation of State Calculations by Fast Computing Machines. **Journal of Chemical Physics**, v.21, p. 1087–1092, 1953.

- MEXIA, A.A.; MACEDO, F.A.F.; MACEDO, R.M.G.; et al. Desempenho e características das fibras musculares esqueléticas de cordeiros nascidos de ovelhas que receberam suplementação alimentar em diferentes períodos da gestação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.1780–1787, 2006.
- MOHAMMADI, Y.; RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; et al. Quantitative genetic analysis of growth traits and Kleiber ratios in Sanjabi sheep. **Small Ruminant Research**, v.93, p.88–93, 2010.
- MOHAMMADI, K.; RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; et al. The estimation of (co)variance components for growth traits and Kleiber ratios in Zandi sheep. **Small Ruminant Research**, v.99, p.116–121, 2011.
- MOHAMMADI, H.; SHAHRBABA, M.M.; SHAHRBABA, H.M. Genetic analysis of ewe productivity traits in Makoei sheep. **Small Ruminant Research**, v.107, p.105–110, 2012.
- MOKHTARI, M.S.; RASHIDI, A.; MOHAMMADI, Y. Estimation of genetic parameters for post-weaning traits of Kermani sheep. **Small Ruminant Research**, v.80, p.22–27, 2008.
- MOKHTARI, M.S.; RASHIDI, A.; ESMAILIZADEH, A.K. Estimates of phenotypic and genetic parameters for reproductive traits in Kermani sheep. **Small Ruminant Research**, v.88, p.27–31, 2010.
- MONTALVÁN, Z.C.R. **Estimativas de parâmetros genéticos de características reprodutivas de ovinos Santa Inês utilizando Inferência Bayesiana**. 2013. 39f. Dissertação. (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão.
- MORAIS, J.H.G. **Caracterização de atributos adaptativos de ovinos da raça Morada Nova**. 2011. 93f. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) – Universidade Federal Rural do Semiárido, Mossoró.

- NESER, F.W.C.; ERASMUS, G.J.; VAN WYK, J.B. Genetic parameter estimates for pre-weaning weight traits in Dorper sheep. **Small Ruminant Research**, v.40, p.197–202, 2001.
- NOGUEIRA, D.A.; SAFADI, T.; FERREIRA, D.F. Avaliação de critérios de convergência para o método de Monte Carlo via Cadeias de Markov. **Revista Brasileira de Estatística**, v.65, p.59–88, 2004.
- NOWAK, R.; POINDRON, P. From birth to colostrum: early steps leading to lamb survival. **Reproduction Nutrition Development**, v.46, p.431–446, 2006.
- OLIVEIRA, T.A. **Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento, reprodução e categóricas em população de bovinos de corte compostos (Bos taurus x Bos indicus) sob abordagem bayesiana e modelos lineares generalizados mistos**. 2012. 152f. Tese. (Doutorado em Ciências) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- OZCAN, M.; EKIZ, B.; YILMAZ, A.; et al. Genetic parameter estimates for lamb growth traits and greasy fleece weight at first shearing in Turkish Merino sheep. **Small Ruminant Research**, v.56, p.215–222, 2005.
- PAIVA, S. R.; SILVÉRIO, V. C.; PAIVA, D. A. F.; et al. Origin of the main locally adapted sheep breeds of Brazil: a RFLP-PCR molecular analysis. **Archivos de Zootecnia**, v.54, p.395–399, 2005.
- PAIVA, S. R.; DIAS, C.; FARIA, D. A.; et al. Y-chromosome variability of in brazilian sheep breeds. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte: Instituto Prociência, 2006. CD-ROM.
- PAULINO, C.D.; TURKMAN, M.A.; MURTEIRA, B. **Estatística Bayesiana**. [s.n]. Lisboa: Fundação Calouste Gulbenkian, 2003. 446p

- POLLEY, S.; D. SACHINANDAN.; BATABYAL, S.; et al. Polymorphism of fecundity genes (BMPR1B, BMP15 and GDF9) in the Indian prolific Black Bengal goat. **Small Ruminant Research**, v.85, p.122–129, 2009.
- PRAKASH, V.; PRINCE, L.L.L.; GOWANE, G.R.; et al. The estimation of (co)variance components and genetic parameters for growth traits and Kleiber ratios in Malpura sheep of India. **Small Ruminant Research**,v.108 p.54–58, 2012.
- QUESADA, M.; MCMANUS, C.; COUTO, F.A.A. Efeitos Genéticos e Fenotípicos sobre Características de Produção e Reprodução de Ovinos Deslanados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, p.342–349, 2002.
- RAFTERY. A.E.; LEWIS, S. How Many Iterations in the Gibbs Sampler? **Bayesian Statistics**, v.4, p.763–74, 1992.
- RAO, S.; NOTTER, D. R.; Genetic analysis of litter size in Targhee, Suffolk, and Polypay sheep. **Journal of animal science**, v.78, p.2113–2120, 2000.
- RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; JAHANSHAHI, A. S.; et al. Genetic parameter estimates of pre-weaning growth traits in Kermani sheep. **Small Ruminant Research**, v.74, p.165–171, 2008.
- RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; ESMAILIZADEH, A.K.; et al. Genetic analysis of ewe productivity traits in Moghani sheep. **Small Ruminant Research**, v.96, p.11–15, 2011.
- RESENDE, M.D.V. **Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 68p. Documentos, 46
- ROBINSON, J.J.; ASHWORTH, C.J.; ROOKE, J.A.; et al. Nutrition and fertility in ruminant livestock. **Animal Feed Science and Technology**,v.126, p.259–276, 2006.

- ROCHE, A.; RIPOLL, G.; JOYA, M.; et al. Effects of the FecX^R allele of BMP15 gene on the birth weight, growth rate and carcass quality of Rasa Aragonesa light lambs. **Small Ruminant Research**, v.108, p.45–53, 2012.
- ROSHANFEKR, H.; MAMOUEI, M.; MOHAMMADI, K.; et al. Estimation of genetic and environmental parameters affected pre-weaning traits of arabi lambs. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v.10, p.1239–1243, 2011.
- SAFARI, E.; FOGARTY, N.M.; GILMOUR, A.R. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. **Livestock Production Science**, v.92, p.271–289, 2005.
- SAWALHA, R. M.; CONINGTON, J.; BROTHERSTONE, S.; et al. Analyses of lamb survival of Scottish Blackface sheep. **Journal Animal**, v.1, p. 151–157, 2007.
- SELAIVE-VILLARROEL, A.B.; FERNANDES, A.A.O. Desempenho reprodutivo de ovelhas deslanadas Morada Nova no Estado do Ceará. **Revista Científica de Produção Animal** v.2, p. 65–70, 2000.
- SHIOTSUKI, L.; FACÓ, O. **I Sumário de Avaliação Genética do Núcleo de Melhoramento Genético Participativo de Ovinos da Raça Morada Nova**. 1.ed. Sobral: Embrapa, 2012. 84p.
- SHIOTSUKI, L.; OLIVEIRA, D.P.; LÔBO, R.N.B.; et al. Genetic parameters for growth and reproductive traits of locally adapted Morada Nova sheep kept by smallholder in semi-arid Brazil. **Small Ruminant Research**, v.120, p.204–208, 2014.
- SORENSEN, D.A.; WANG, C.S.; JENSEN, J. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, v.26, p.333–360, 1994.
- SORENSEN, D.A. **Gibbs sampling in quantitative genetics**. Danish Institute of Animal, Department of Breeding and Genetics, 1996. (Internal Reports, 82)

- GIANOLA, D.; SORENSEN, D.A. **Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics**. [s.n.]. New York: Springer. 2002. 758p.
- SOUSA, J.E.R.; OLIVEIRA, S.M.P.; LIMA, F.A.M.; et al. Efeitos genéticos e de ambiente para características de crescimento em ovinos Santa Inês no Estado do Ceará. **Revista Ciência Agronômica**, v.37, p.364–368, 2006.
- SOUZA, L.A.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; et al. Curvas de crescimento em ovinos da raça morada nova criados no estado da Bahia. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.1700–1705, 2011.
- THOMPSON, R. Sire Evaluation. **Biometrics**,v.35, p.339–353, 1979.
- VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. **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, 1995. 85p.
- VAN TASSEL, C. P.; VAN VLECK. Multiple-Trait Gibbs Sampler for Animal Models: Flexible Programs for Bayesian and Likelihood-Based (co)variance Component Inference. **Journal Animal Science**, v.74, p.2586–2597, 1996.
- VAN TASSEL, C. P.; VAN VLECK, L. D.; GREGORY, K. E. Bayesian Analysis of Twinning and Ovulation Rates Using a Multiple-Trait Threshold Model and Gibbs Sampling. **Journal Animal Science**, v.76, p.2048–2061, 1998.
- VATANKHAH, M.; TALEBI, M.A.; EDRISS, M.A. Estimation of genetic parameters for reproductive traits in Lori-Bakhtiari sheep. **Small Ruminant Research**,v.74, p.216–220, 2008.
- VINÓLES, C.; MEIKLE, A.; MARTINA, G.B. Short-term nutritional treatments grazing legumes or feeding concentrates increase prolificacy in Corriedale ewes. **Animal Reproduction Science**, v.113, p.82–92, 2009.

WOLFOVA, M.; WOLF, J.; PRIBYL, J.; et al. Breeding objectives for beef cattle used in different productionsystems: 1. Model development. **Livestock Production Science**, v.95, p.201–215, 2005.

ZISHIRI, O.T.; CLOETE, S.W.P.; OLIVIER; J.J. et al. Genetic parameters for growth, reproduction and fitness traits in the South African Dorper sheep breed. **Small Ruminant Research**, v.12, p.39– 48, 2013.

CAPÍTULO II

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PROLIFICIDADE E CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA

RESUMO

O objetivo deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos populacionais para as características peso ao nascer (PN), peso ao desmame ajustado para os 112 dias de idade (P112), ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (GPD) e prolificidade (PROL) utilizando inferência bayesiana, para gerar subsídios ao delineamento de estratégias de conservação e melhoramento do Núcleo de Melhoramento Genético Participativo de Ovinos da raça Morada Nova. Para o estudo foram utilizados 2.666 registros de prolificidade, 3.057 de PN, 1.386 de P112 e 1.386 de GPD de animais nascidos entre 2006 e 2014 provenientes de onze rebanhos de ovinos da raça Morada Nova, criados nos municípios de Morada Nova, Limoeiro do Norte, e Sobral, do Ceará. Para estimação dos componentes de (co) variância foram realizadas análises unicaracterísticas empregando-se um modelo animal linear para PN, P112 e GPD e limiar para PROL. A estimação dos componentes de variância e da predição dos valores genéticos dos animais foi realizada por inferência bayesiana. As distribuições não-informativa (*flat*) foram utilizadas para todos os componentes de (co)variância. As estimativas de herdabilidade direta estimadas para PROL, PN, P112 e GPD foram $0,10 \pm 0,06$; $0,43 \pm 0,10$; $0,14 \pm 0,08$ e $0,13 \pm 0,07$, respectivamente. Para o efeito materno, as estimativas de herdabilidade foram $0,18 \pm 0,05$; $0,12 \pm 0,05$ e $0,10 \pm 0,04$ para PN, P112 e GPD, respectivamente. A estimativa de correlação genética entre o efeito direto e materno para PN foi de -0,89. As estimativas de herdabilidade indicam que é possível obter pequeno ganho genético utilizando como critério de seleção a prolificidade, o peso ao desmame, o ganho de peso do nascimento ao desmame. Para peso ao nascer, apesar da alta estimada de herdabilidade, a existência de correlação genética negativa entre os efeitos direto e materno requer a realização de mais estudos sobre alternativas de utilização desta característica como critério de seleção.

Palavras-chave: amostrador de gibbs, característica reprodutiva, pesos corporais, raças localmente adaptadas

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR LITTER SIZE AND TRAITS OF GROWTH IN SHEEP BREED MORADA NOVA USING BAYESIAN INFERENCE

GENERAL ABSTRACT

The aim of this study was to estimate population genetic parameters for the traits birth weight (PN), weaning weight adjusted to 112 days of age (P112), average daily weight gain from birth to weaning (GPD) and litter size (PROL) using bayesian inference, to support the desing of the strategies for conservation and breeding in Nucleus Breeding Sheep Participatory Morada Nova. For the study were used 2,666 records of prolificacy, 3,057 of PN, 1,386 P112 and 1,386 of GPD, from animals born between 2004 and 2014, from eleven sheep flocks of Morada Nova breed, raised in Morada Nova, Limoeiro do Norte, Jaguaratama and Sobral municipalities, in the state of Ceará-Brazil. For estimation of the components of (co)variance, univariate and bivariate analyzes were performed, using a linear animal model for PN, P112 and GPD, and a threshold model for PROL. The estimation of variance components and prediction of breeding values were performed by Bayesian inference. The genetic correlations between traits were obtained by calculating the Pearson correlation coefficient between predicted breeding values for each of the traits. The non-informative distributions (*flat*) were used for all components of (co)variance. Direct heritability estimates obtained for PROL, PN, P112, and GPD were 0.10 ± 0.06 , 0.43 ± 0.10 , 0.14 ± 0.08 and 0.13 ± 0.07 , respectively. For maternal effects, the heritability estimates were 0.18 ± 0.05 , 0.12 ± 0.05 and 0.10 ± 0.04 for PN, P112 and GPD, respectively. The estimate of genetic correlation between direct and maternal effects for PN was -0.89. Heritability estimates indicate that it is possible to obtain small genetic gain using as selection criteria litter size, weaning weight, weight gain from birth to weaning. For birth weight, despite the high estimated heritability for the existence of negative genetic correlation between direct and maternal effects requires further research on alternatives to use this trait as a selection criterion.

Key words: gibbs sampler, reproductive trait, body weights, locally adapted breeds

INTRODUÇÃO

Em 2007 a FAO apresentou um plano de estratégias globais para combater a erosão da diversidade genética e para uso sustentável dos recursos genéticos locais (FAO, 2007). No documento da FAO reconheceu-se que a manutenção da diversidade dos recursos genéticos locais são essenciais para os criadores enfrentarem os desafios atuais e futuros decorrentes de mudanças no ambiente, incluindo alterações climáticas, para aumentar a resistência a doenças e parasitas e responder às mudanças na demanda dos consumidores por produtos de origem animal. No Brasil é reconhecido três raças ovinas como recursos genéticos localmente adaptadas: Somalis Brasileira, Santa Inês e Morada Nova.

A raça Morada Nova, assim como as raças localmente adaptadas dos trópicos evoluíram para adapta-se as condições duras de ambiente e aos sistemas de criação tradicionais. Portanto, nessas raças, características de adaptação e sobrevivência ao ambiente hostil são mais marcantes do que características de produção. Por isso, frequentemente as raças localmente adaptadas são substituídas por outras raças ou cruzadas com raças exóticas e isso tem gerado grande perda da diversidade genética existente dos recursos genéticos locais. Para reduzir a perda do recurso genético da Morada Nova, a Embrapa Caprinos e Ovinos e criadores da raça criaram um núcleo de melhoramento genético participativo com visão de seleção dentro de raça para aumentar as características de desempenho e velocidade em ganho de peso e a prolificidade que é umas das características mais marcantes da raça.

As características de crescimento e a prolificidade foram identificadas por Lôbo et al. (2011) como aquelas de maior valor econômico para a raça no sistema de produção extensivo em região semiárida. Segundo esses autores, as características reprodutivas são as que oferecem maior lucro para o sistema de manejo avaliado por eles. Kosgey (2004) também identificou que a prolificidade é uma característica considerada importante para caprinos e ovinos localmente adaptados. No entanto, para o melhoramento genético dessas características é necessário conhecer os seus parâmetros genéticos. Além disso, devido a natureza da característica prolificidade é imprescindível que seus parâmetros sejam estimados por meio de metodologias estatísticas adequadas para que as mesmas sejam acuradas. Assim, modelos de limiar são recomendados para características categóricas pela capacidade deles detectarem a variabilidade genética de tais características melhor que aquelas lineares (LUO et al., 2001). Baseado nessas

premissas propõe-se aqui caracterizar os parâmetros genéticos das características peso ao nascer, peso ao desmame ajustado para 112 dias de idade, ganho de peso do nascimento ao desmame e prolificidade da raça Morada Nova. Esses parâmetros são importantes para direcionar as estratégias de conservação e uso desse importante recurso genético local.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo foram coletados no período de 2006 a 2014, provenientes de 11 rebanhos de ovinos da raça Morada Nova, localizados nos seguintes municípios do estado do Ceará: Morada Nova, Limoeiro do Norte, Jaguaratama e Sobral. Estes rebanhos participam do Núcleo de Melhoramento Genético Participativo de Ovinos da Raça Morada Nova e são assistidos pelo Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte (GENECOC[®]; LÔBO et al. 2010).

Uma descrição detalhada do sistema de produção praticado nestes rebanhos foi dada por Lôbo et al. (2011). São sistemas de produção onde os animais são criados em pastagem nativa (caatinga), com diferentes graus de manipulação (sem manipulação, raleamento, rebaixamento, dentre outros), com suplementação mineral *ad libitum* e suplementação de alimentos concentrados apenas nos períodos críticos do ano.

Descrição dos dados e definição dos efeitos fixos para as características de crescimento e prolificidade.

Foi considerada uma matriz de parentesco completa, com 4.843 animais, dos quais 443 eram endogâmicos, com um coeficiente de endogamia médio de 11,9%. A endogamia média na população estudada foi calculada em 1,09%. Aproximadamente 59,9%, 81,3%, 28,0% e 11,1% dos pais, mães, avós e bisavós, respectivamente, eram conhecidos.

As características analisadas foram prolificidade (PROL), peso ao Nascer (PN), peso ao desmame ajustado para 112 dias de idade (P112) e ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (GPD). Os animais foram desmamados entre 70 e 150 dias de idade. O peso ao desmame foi ajustado para 112 dias de idade utilizando a seguinte fórmula:

$$P112 = PDi + [GPD \times (112 - ID)]$$

Em que:

P112 = peso ao desmame ajustado para 112 dias de idade;

PDi = peso da cria na data do desmame;

GPD = ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame;

ID = idade da cria no desmame.

A prolificidade foi analisada como uma característica de limiar e dividida em duas classes distintas: parto simples e parto múltiplo (duplo, triplo e quádruplo). Optou-se por realizar esse agrupamento porque o número de partos triplos e quádruplos era muito pequeno.

Para definição dos efeitos fixos a serem incluídos nos modelos, para análise das características de crescimento e prolificidade, utilizou-se o procedimento GLM do programa SAS (SAS Institute Inc., 2002). Para as características de crescimento, foram incluídos os efeitos de tipo de nascimento da cria (simples ou múltiplo), classe de idade da ovelha ao parto (seis classes), grupo de contemporâneos e a covariável peso da ovelha ao parto (efeito linear e quadrático). Para a análise da prolificidade, foram considerados os efeitos de ordem de parto e de grupo de contemporâneas.

A definição dos grupos de contemporâneos das características de crescimento foi dada por animais nascidos na mesma fazenda, ano e mês e no mesmo manejo alimentar. Para prolificidade, os grupos de contemporâneos contemplaram animais que pariram na mesma fazenda, ano e mês e que estavam no mesmo manejo alimentar.

Estimação dos parâmetros genéticos

Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados por meio de análises bayesianas unicaracterística, tendo-se considerado um modelo animal linear para características de crescimento e um modelo animal de limiar para prolificidade utilizando o software THRGIBBSF90 (MISZTAL, 2014).

O modelo geral pode ser representado em notação matricial:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e$$

Em que y é o vetor das observações, β é o vetor dos efeitos relacionados a classe de idade da ovelha ao parto, tipo de nascimento, grupo de contemporâneos e peso da ovelha ao parto, para características de crescimento, e ordem de parto e grupo de contemporâneos para a prolificidade; a é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos direto de cada animal; m é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos maternos (somente para as características

de crescimento); c é o vetor de efeitos ambiente permanente (efeito de ambiente permanente animal, para prolificidade, e efeito de ambiente permanente materno, para características de crescimento); e o vetor de efeitos aleatórios residuais; e X, Z_1, Z_2 e Z_3 são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos presente nos vetores β, α, m, c , respectivamente.

No modelo de limiar assume-se que a escala subjacente apresenta distribuição normal contínua, chamada predisposição (*liability*) e é representada como:

$$U|\theta \sim N(W\theta, I\sigma_e^2)$$

Em que U é o vetor da escala base de ordem r ; $\theta = (b, a, c)$ é o vetor dos parâmetros de locação de ordem s com b como efeitos relacionados a ordem de parto e grupo de contemporâneos, ordem s com a e c (como efeitos genético aditivo direto e ambiente permanente, respectivamente); $W =$ é a matriz de incidência conhecida de ordem r por s ; $I =$ é a matriz identidade de ordem r por r e σ_e^2 é a variância residual. Quando se considera que a variável na distribuição subjacente, a parametrização $\sigma_e^2 = 1$ é geralmente assumida para que se possa identificá-la na função de verossimilhança (GIANOLA e SORENSEN, 2002). Tal pressuposição é padrão em análises para dados categóricos em modelo de limiar.

As características categóricas são determinadas por variáveis contínuas não observáveis, em escala subjacente, sendo fixados valores iniciais de limiares, tais que:

$$t_1 < t_2 < \dots < t_{j-1}, \text{ com } t_0 = -\infty \text{ e } t_j = \infty;$$

em que j é o número de categorias. Os dados observáveis são dependentes da variável subjacente que é limitada entre dois limiares não observáveis (GIANOLA e FOULLEY, 1983). Assim, as categorias de y_i (característica definida em parto simples e parto múltiplo) para cada animal i foram definidas por U_i , na escala subjacente:

$$y_i = \begin{cases} 1 & t_0 < U_i \leq t_1 \\ 2 & t_1 < U_i \leq t_2 \end{cases} \quad i = 1, \dots, n,$$

em que, n é o número de observações para cada categoria. Após as especificações dos limiares t_0 a t_2 , é necessário que o limiar (t_1) seja ajustado a uma constante arbitrária. Neste estudo, assumiu-se $t_1 = 1$.

Para todos os componentes, foram atribuídas distribuições Wishart Invertida, que indica o grau de confiabilidade da distribuição inicial (ν). Neste estudo, esta distribuição foi *flat* para todas as variâncias iniciais, ou seja, não refletia grau de conhecimento sobre os componentes de (co) variância (ν).

Foram realizadas análises piloto com uma cadeia total de 110.000 ciclos, período de descarte (*burn-in*) de 10.000 e intervalo de salvamento (*thin*) de 1 para todas as características. O critério de Raftery & Lewis (1992) foi utilizado nas análises piloto e, por meio deste método, foram definidos o número ideal de iterações que foram computadas (total), o número de iterações iniciais que foram descartadas (*burn-in*) e a distância mínima de uma iteração à outra para se obter amostras independentes (*thin*; Tabela 2).

Tabela 2. Definição do tamanho das cadeias, número total de amostras, descarte amostral (*burn-in*) e intervalo amostral (*thin*) para características prolificidade (PROL), peso ao nascer (PN), peso ao desmame ajustado para 112 dias de idade (P112) e ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (GPD) após teste de convergência pelo critério Raftery & Lewis

Características	Tamanho das cadeias	<i>Burn-in</i>	<i>Thin</i>	Total de amostras
PN	2325853	2110	211	11013
P112	4390470	4370	230	19070
GPD	4390470	4370	230	19070
PROL	8387208	7904	76	110254

A convergência da cadeia de Gibbs para as amostras sugeridas pelo teste de Raftery & Lewis (1992) foi verificada com base no arquivo de saída (*postgibbs_samples*), gerado pelo programa POSTGIBBSF90 (MISZTAL, 2014) e testada através dos critérios de Geweke (1992) e Heidelberger & Welch (1983). Além desses critérios, a convergência da cadeia de Gibbs também foi verificada por meio de inspeção visual da distribuição dos parâmetros pelos gráficos de dispersão, conforme proposto por Gelfand e Smith (1990).

Os testes de Raftery & Lewis, Geweke e Heidelberger & Welch foram realizados utilizando o pacote “Bayesian Output Analysis Program – BOA” (SMITH, 2005), disponível para *software* R (2014). O pacote estatístico BOA também foi

utilizado para fornecer os valores do intervalo de credibilidade (IC) a 95% de confiança para os componentes de (co) variância e para o erro de Monte Carlo.

A partir dos componentes de variância presentes na saída *postgibbs_samples* do programa POSTGIBBSF90, foram calculadas as herdabilidades, como a razão entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica total. Para gerar os gráficos de traços e histograma, foram utilizados os procedimentos PROC GPLOT e PROC UNIVARIATE, respectivamente, disponíveis no *software* SAS (SAS Institute Inc., 2002).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foi calculada a média das características de crescimento e prolificidade para a população avaliada neste estudo. A média de crias por ovelha (PROL) foi $1,37 \pm 0,48$ (Tabela 2), valores semelhantes aos encontrados por Quesada et al. (2002) estimaram média de $1,37 \pm 0,01$ para a raça Morada Nova e inferiores aos encontrados por Rajab et al. (1992) e Selaive-Villaruel (2000) que obtiveram médias de $1,82 \pm 0,05$ e $1,45 \pm 0,02$, o que demonstra que a média para característica varia conforme a população estudada.

O peso ao nascer médio (PN) $2,26 \pm 0,62$ kg encontrado neste estudo (Tabela 1) mostrou-se similar aos valores encontrados em outras pesquisas para raça Morada Nova. Rajab et al. (1992), Fernandes et al. (2001) e Quesada et al. (2002), encontraram valores que variaram de 2,21 a 2,40.

Para característica peso ao desmame ajustado para 112 dias de idade (P112) o valor médio registrado foi de $12,30 \pm 3,50$ kg, esse resultado apresentou-se superior ao reportado por Fernandes et al. (2001) que encontraram valores de $10,93 \pm 0,09$ kg para mesma raça, no entanto com um número superior de observações. Valores superiores foram reportados Rajab et al. (1992) e Quesada et al. (2002) encontraram peso de desmame com valores de $15,90 \pm 0,60$ e $16,35 \pm 0,41$, porém nestes estudos a idade de desmame foi superior as 112 dias, com idade aproximada de 4 meses.

O valor médio encontrado para ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (GPD) foi $0,088 \pm 0,029$ kg/dia, na literatura são escassos os trabalhos que relatam valores de desempenho para característica GPD em ovinos Morada Nova confirmando a carência de informação, a exceção foi estudo realizado por Shiotsuki et al. (2014) que encontraram valor de ganho de peso médio diário de $0,089 \pm 0,034$.

Tabela 2. Número de observações, média e desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valor mínimo (Mín) e valor máximo (Máx) para características prolificidade (PROL), peso ao nascimento (PN), peso ao desmame ajustado para 112 dias de idade (P112), ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (GPD) de ovinos da raça Morada Nova

Características	Nº	Média \pm DP	CV	Mín.	Máx.
PROL*(crias por parto)	2666	$1,37 \pm 0,48$	35,20	1	2
PN (kg)	3057	$2,26 \pm 0,62$	27,71	0,60	5,50
P112 (kg)	1386	$12,30 \pm 3,50$	28,50	3,70	24,96
GPD (kg/dia)	1386	$0,088 \pm 0,029$	33,53	0,017	0,200

PROL = característica de limiar, os partos simples assumiu-se valor 1 e partos múltiplos assumiu-se valor 2

Chama atenção o menor número de observação para características P112 e GPD, quando comparado ao número de informações para PN (Tabela 2). Esta redução provavelmente é devida à mortalidade do período pré-desmama, mas também pode estar relacionada a questões gerenciais em alguns rebanhos que repercutem na não mensuração destas características de alguns animais durante o período de desmame.

Em relação às análises das características P112 e o GPD optou-se por zerar a covariância entre os efeitos direto e materno. Esta decisão foi tomada devido a não convergência das cadeias e aos elevados intervalos de credibilidade das estimativas de correlação genética entre os efeitos direto e materno, que incluíam o valor zero. Com estes ajustes, os tamanhos das cadeias de Gibbs utilizadas foram suficientes para convergência das análises, e isto foi comprovado pelo baixo erro de Monte Carlo de todas as estimativas de herdabilidade (Tabela 3). As distribuições também convergiram de acordo com os testes de Heidelberger & Welch e Geweke (SMITH, 2005). Os testes de Geweke ($p > 0,05$) e Heidelberger & Welch mostraram que o tamanho da cadeia, o período de descarte inicial (*burn – in*) e o intervalo amostral (*thin*) utilizados foram suficientes para a obtenção de uma cadeia estacionária.

Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos para as características prolificidade (PROL), peso ao nascer (PN), efeito materno para peso ao nascer (PNm), peso ajustado aos 112 dias de idade (P112), efeito materno para peso ajustado aos 112 dias de idade (P112m), ganho de peso do nascimento ao desmame (GPD) e efeito materno para ganho de peso do nascimento ao desmame (GPDm) em ovinos da raça Morada Nova, obtidas em análises unicaracterística, utilizando abordagem bayesiana.

Características	Média	Mediana	Moda	RC (95%)		EMC	Geweke (Valor <i>p</i>)
				LI	LS		
Herdabilidade							
PROL	0,10±0,06	0,10	0,10	0,006	0,255	0,001	0,22
PN	0,43±0,10	0,43	0,43	0,217	0,633	0,005	0,05
PNm	0,18±0,05	0,18	0,18	0,087	0,286	0,002	0,83
P112	0,14±0,08	0,14	0,14	0,023	0,334	0,002	0,96
P112m	0,12±0,05	0,10	0,10	0,028	0,236	0,001	0,51
GPD	0,13±0,07	0,12	0,12	0,021	0,327	0,002	0,92
GPDm	0,10±0,04	0,09	0,09	0,022	0,212	0,001	0,67
Correlação							
PN x PNm	-0,89±0,08	-0,91	-1,00	-0,999	-0,687	0,005	0,35

RC = região de credibilidade; LI = limite inferior; LS = limite superior; MC = erro de monte Carlo; Geweke = indicativo de não convergência ($P < 0,05$)

Além dos testes de diagnóstico de convergência, utilizou-se o monitoramento por meio de análise gráfica (Figura 1 e 2). Observou-se que as distribuições a posteriori das estimativas de herdabilidade apresentaram pouca diferença entre média, mediana e moda, portanto as distribuições posteriores dos parâmetros são aproximadamente simétricas. No presente estudo foi utilizada a média (como medida de tendência central da distribuição a posteriori dos parâmetros) para a apresentação dos resultados.

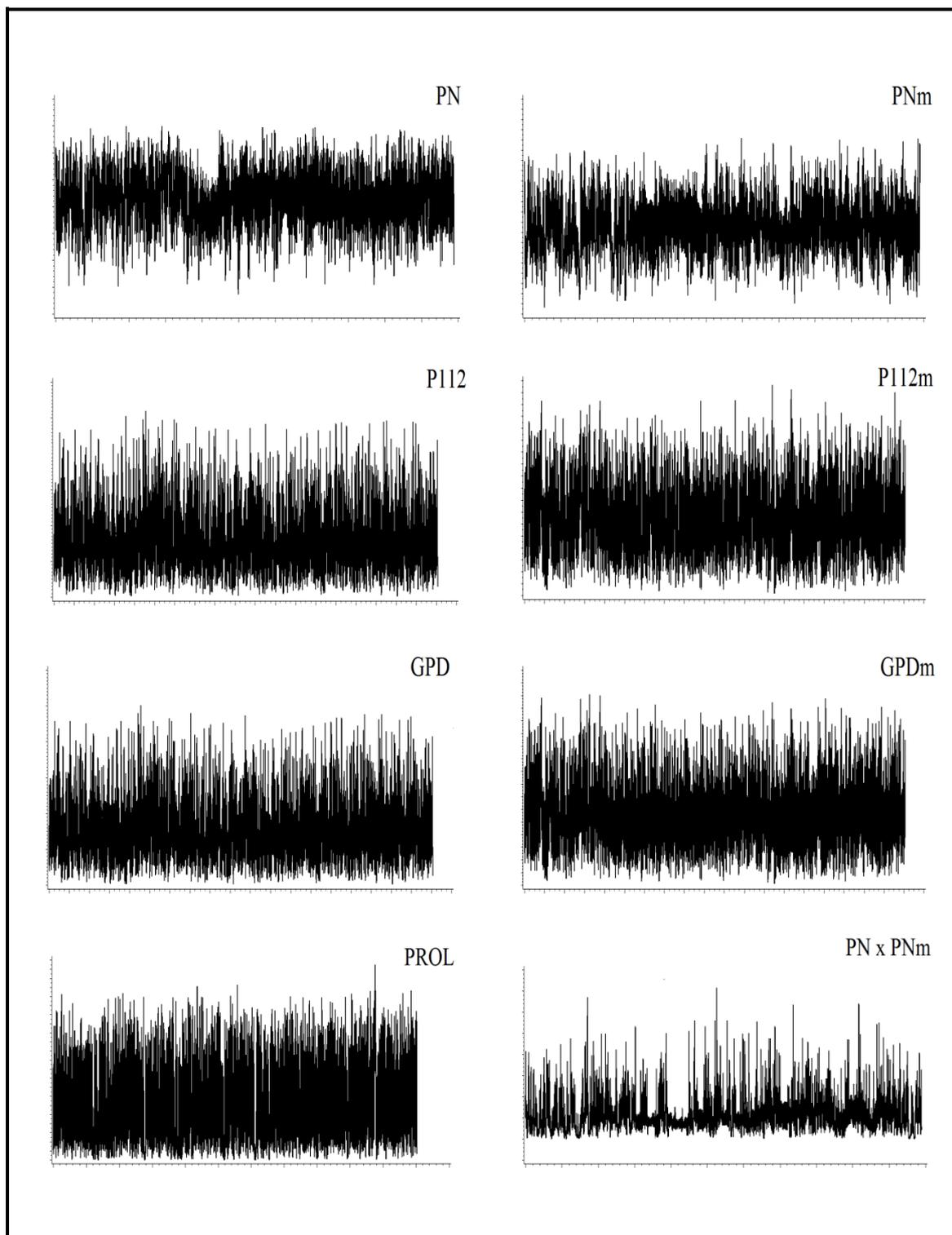


Figura 1. Trajetória das cadeias das estimativas de parâmetros genéticos em análises unicaracterística para prolificidade (PROL), peso ao nascer (PN), efeito materno para peso ao nascer (PNm), peso ajustado aos 112 dias de idade (P112), efeito materno para peso ajustado aos 112 dias de idade (P112m), ganho de peso do nascimento ao desmame (GPD) e efeito materno para ganho de peso do nascimento ao desmame (GPDm) em ovinos da raça Morada Nova, utilizando abordagem bayesiana

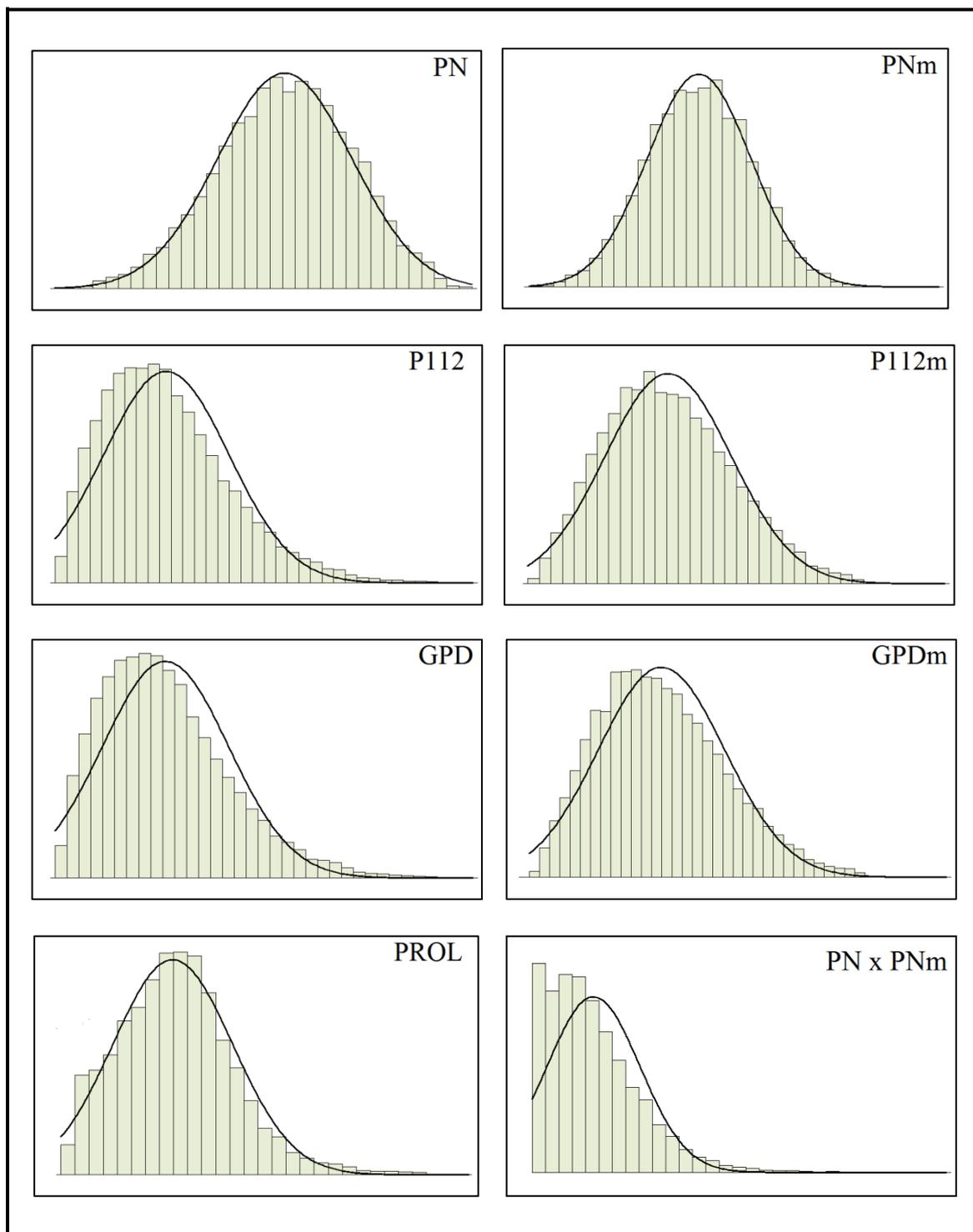


Figura 2. Histogramas das estimativas de densidades posteriores dos parâmetros genéticos em análises unicaracterística para prolificidade (PROL), peso ao nascer (PN), efeito materno para peso ao nascer (PNm), peso ajustado aos 112 dias de idade (P112), efeito materno para peso ajustado aos 112 dias de idade (P112m), ganho de peso do nascimento ao desmame (GPD) e efeito materno para ganho de peso do nascimento ao desmame (GPDm) em ovinos da raça Morada Nova, utilizando abordagem bayesiana

A herdabilidade estimada para a prolificidade foi de 0,10 (Tabela 3). Este valor de herdabilidade indica que em torno de 90% da variação observada no desempenho dos animais quanto a prolificidade foi devida a fatores ambientais, além de algum efeito genético não aditivo.

Dentre os principais fatores ambientais que influenciam na expressão da prolificidade, pode-se destacar a nutrição. Os processos fisiológicos que medeiam o efeito da nutrição sobre a prolificidade envolvem interações entre hormônios reprodutivos e metabólicos (MUÑOZ-GUTIERREZ et al., 2004; SCARAMUZZI et al., 2006). Molle et al. (1997) avaliaram a influência da suplementação alimentar sobre a prolificidade de ovelhas da raça Sarda e verificaram que o grupo de ovelhas que receberam 270g de farelo de soja 14 dias antes do período de acasalamento obtiveram prolificidade superior (1,77) ao grupo de ovelhas que não receberam suplementação neste período (1,36). Ou seja, demonstrou-se que quando as condições nutricionais são favoráveis à expressão desta característica é maximizada. O efeito positivo dieta na reprodução também foi demonstrado por outros autores (LASSOUED et al., 2004; VINÖLES et al., 2009; KING et al., 2010).

A herdabilidade da característica prolificidade na população avaliada encontra-se dentro do intervalo de 0,01 a 0,11 estimado em outras raças ovinas (HANFORD et al., 2005; MAXA et al., 2007; VATANKHAH et al. 2008; CEYHAN et al. 2009; MOKHTARI et al., 2010; RASHIDI et al., 2011; BOUJENANE et al., 2013; ZISHIRI et al., 2013). Apesar das estimativas dos diferentes trabalhos se aproximarem, deve ser levado em consideração que tais parâmetros são intrínsecos da população devido às variâncias genéticas e de meio serem específicos da população (Vischer et al., 2008).

A estimativa de herdabilidade para PROL apresentada neste trabalho e os estudos que demonstram a relação entre a nutrição e a prolificidade indicam que a melhoria das condições nutricionais dos animais seria uma boa alternativa para melhorar a expressão desta característica no curto prazo. Entretanto, processos seletivos de longo prazo devem promover um impacto positivo na produtividade, porque, dada alto valor econômico desta característica (LÔBO et al., 2011), até mesmo pequenos ganhos genéticos sobre a prolificidade podem contribuir para melhoria da eficiência econômica dos sistemas de produção.

A herdabilidade direta estimada para PN foi 0,43 (Tabela 3). Isto indica que uma parte substancial da variação observada nesta característica é determinada pela variação genética aditiva entre os indivíduos. Em outras raças de ovinos de corte, as estimativas

de herdabilidade direta para peso ao nascer variaram de 0,04 a 0,33 (ABEGAZ et al., 2005; SOUSA et al., 2006; RASHIDI et al., 2008; JAFAROGHLI et al., 2010; ROSHANFEKR et al., 2011; PRAKASH et al., 2012; MAGALHÃES et al., 2013).

O alto valor de herdabilidade para peso ao nascer nesta população pode estar relacionado ao fato da característica sofrer pouca pressão de seleção, dado que a seleção normalmente é praticada pelos criadores somente após o desmame. Por outro lado, é importante ressaltar que esta foi a característica para a qual a herdabilidade estimada apresentou o mais elevado intervalo de confiança (0,21 a 0,63). Este maior intervalo pode estar relacionado ao fato dos animais serem criados em sistema a pasto, o que dificulta a coleta da informação do peso ao nascer no momento mais próximo ao nascimento da cria.

A herdabilidade materna para o PN foi estimada em 0,18 (Tabela 3), valor inferior à estimativa de herdabilidade direta. Ainda assim, a variabilidade genética observada indica que a seleção para ovelhas com maior habilidade materna poderá promover ganhos genéticos para a característica de peso ao nascer. De acordo com Gowane et al. (2010), os efeitos maternos são importantes no nascimento, por refletir diferenças no ambiente uterino para o crescimento do feto. O intervalo de confiança para a herdabilidade materna do PN, neste estudo (0,09 a 0,29), está próximo daquelas estimativas de outras populações de ovinos, ou seja, de 0,10 a 0,24 (NESER et al., 2001; MATIKA et al., 2003; ABEGAZ et al., 2005; SOUSA et al., 2006; MOHAMMADI et al., 2010; MOHAMMADI et al., 2011; JAFAROGHLI et al., 2010; RASHIDI et al., 2008)

A seleção para o peso ao nascer ganha complexidade quando se considera a correlação genética entre os efeitos direto e materno. A estimativa de correlação genética entre os efeitos direto e materno estimada neste estudo foi $-0,89$. Portanto, a seleção para o componente direto representaria uma perda no componente materno e vice-versa. Segundo Legates (1972), se a correlação genética entre os efeitos direto e materno for negativa, o desempenho materno poderá ser reduzido, caso se pratique uma seleção contínua para o efeito direto, de tal forma que a viabilidade e o crescimento pré-desmame podem ser prejudicados.

Para Ghafouri-Kesbi & Eskandarinasab (2008), quando a correlação genética entre os efeitos genéticos direto e materno é fortemente negativa, como no presente estudo, alternativas devem ser pensadas. Uma das alternativas mencionadas por estes autores seria a seleção para o desempenho materno em uma linha e seleção para o efeito

direto em outra linha para posterior acasalamento. O ideal é a utilização de um índice de seleção que contemple os valores genéticos estimados para todas as características poderadas por seus pesos econômicos. Neste caso, é importante salientar que o peso ao nascer por si só não tem um peso econômico direto, posto que seu valor econômico é indireto e avaliado pelas características de dificuldade de parto e/ou pela sobrevivência das crias (GHAFOURI-KESBI e ESKANDARINASAB, 2008).

As herdabilidades diretas e maternas para as características P112 (0,14 e 0,12) e GPD (0,13 e 0,10) foram similares. Este resultado era esperado, uma vez que o P112 foi estimado a partir do ganho de peso diário, e segundo Duguma et al. (2002) o peso ao desmame e o ganho de peso diário do nascimento ao desmame são geneticamente a mesma característica. As herdabilidades de magnitude relativamente baixa para estas características podem estar relacionadas ao fato das mesmas sofrerem forte pressão de seleção, tanto por parte dos criadores da raça com por ação da seleção natural.

Em outras populações ovinas, as estimativas de herdabilidade direta e materna para o peso ao desmame variaram de 0,09 a 0,27 e 0,04 a 0,24, respectivamente (ABEGAZ et al., 2005; SOUSA et al., 2006; MIRAEI-ASHTIANI et al., 2007; RASHIDI et al., 2008; JAFAROGHLI et al., 2010; MOHAMMADI et al., 2011; ABBASI et al., 2012; MAGALHÃES et al., 2013). É interessante perceber que esta variação está muito próxima do intervalo de credibilidade de 95% encontrado neste estudo (Tabela 3). Algo semelhante foi observado para as características GPD e GPDm, para as quais as estimativas de herdabilidade em outras populações ovinas variaram 0,03 a 0,23 e 0,01 a 0,23, respectivamente (MATIKA et al., 2003; ABEGAZ et al., 2005; MIRAEI-ASHTIANI et al., 2007; MOHAMMADI et al., 2010; MOHAMMADI et al., 2011; ABBASI et al., 2012; MAGALHÃES et al., 2013), e próximo aos intervalos de credibilidade neste estudo (Tabela 3).

Embora a expectativa de resposta à seleção seja menor do que aquela para o peso ao nascer, a seleção para o peso ao desmame ou para o ganho em peso do nascimento ao desmame não apresenta as limitações apontadas na seleção para o peso ao nascer. Considerando, ainda, a realidade dos criadores dos animais aqui estudados que comumente praticam a venda de animais ao desmame então, a seleção para estas características podem ser recomendadas.

Apesar da baixa magnitude das herdabilidades maternas, a seleção para efeito materno deve ser recomendada por sua importância, principalmente na fase pré-desmame.

CONCLUSÃO

Na população avaliada, de ovinos da raça Morada Nova, é possível obter pequeno ganho genético utilizando como critério de seleção a prolificidade, o peso ao desmame e o ganho de peso do nascimento ao desmame. Para peso ao nascer, apesar da alta estimativa de herdabilidade, a existência de correlação genética negativa entre os efeitos direto e materno requer a realização de mais estudos sobre alternativas de utilização desta característica como critério de seleção.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABBASI, M.A.; ABDOLLAHI-ARPANAHI, R.; MAGHSOUDI, A.; et al. Evaluation of models for estimation of genetic parameters and maternal effects for early growth traits of Iranian Baluchi sheep. **Small Ruminant Research**, v.104, p.62–69, 2012.
- ABEGAZ, S.; VAN WYK, J.B.; OLIVIER, J.J. Model comparisons and genetic and environmental parameter estimates of growth and the Kleiber ratio in Horro sheep. **South African Journal of Animal Science**, v.5, p.30–40, 2005.
- BOUJENANE, I.; CHIKHI, A.; SYLLA, M.; et al. Estimation of genetic parameters and genetic gains for reproductive traits and body weight of D'man ewes. **Small Ruminant Research**, v.113, p.40–46, 2013.
- CEYHAN, A.; SEZENLER, T.; ERDOĞAN, I. The estimation of variance components for prolificacy and growth traits of Sakız sheep. **Livestock Science**, v.122, p.68–72, 2009.
- FACÓ, O.; PAIVA, S. R.; ALVES, L. R. N.; et al. **Raça Morada Nova: Origem, Características e Perspectivas**. Sobral: Embrapa Caprinos e Ovinos, 2008. 43p. Documentos, 75.
- FERNANDES, A.A.O.; BUCHANAN, D.; SELAIVE-VILLARROEL, A.B. Avaliação dos fatores ambientais no desenvolvimento corporal de cordeiros deslanados da raça Morada Nova. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1460–1465, 2001.
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Global plan of action for animal genetic resources and the interlaken declaration**, Rome, 2007, 48p.
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Status and trends of animal genetic resources**, Roma, 2009, 36p.
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Breeding strategies for sustainable management of animal genetic resources**, Rome, 2010, 164p.

- GELFAND, A.E.; SMITH, A.F.M. Sampling-Based Approaches to Calculating Marginal Densities. **Journal of the American Statistical Association**, v.85, p.398–409, 1990.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. **Bayesian Statistics**, v.4, p.1–31, 1992.
- GHAFOURI-KESBI, F.; ESKANDARINASAB, M.P. An evaluation of maternal influences on growth traits: the Zandi sheep breed of Iran as an example. **Journal of Animal and Feed Sciences**, v.17, p.519–529, 2008.
- GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L.; Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. **Genetics Selection Evolution**, v.15, p.201–224, 1983.
- GIANOLA, D.; SORENSEN, D.A. **Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics**. [s.n.]. New York: Springer. 2002. 758p.
- GOWANE, G.R.; CHOPRA, A.; PRAKASH, V.; et al. Estimates of (co)variance components and genetic parameters for body weights and first greasy fleece weight in Malpura sheep. **Livestock Science**, v.131, p.94–101, 2010.
- HANFORD, K.J.; VAN VLECK, L.D.; SNOWDERC, G.D. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Rambouillet sheep. **Small Ruminant Research**, v.57, p.175–186, 2005.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P.D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, 1109–1144, 1983.
- JAFAROGHLI, M.; RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; et al. (Co)Variance components and genetic parameter estimates for growth traits in Moghani sheep. **Small Ruminant Research**, v.91, p.170–177, 2010.

- LASSOUED, N.; REKIK, M.; MAHOUACHI, M.; et al. The effect of nutrition prior to and during mating on ovulation rate, reproductive wastage, and lambing rate in three sheep breeds. **Small Ruminant Research**, v.91, p.117–125, 2004.
- LEGATES, J.E. The role of maternal effects in animal breeding: IV. Maternal effects in laboratory species. **Journal of Animal Science**, v.35, p.1294–1302, 1972.
- LÔBO, R.N.B.; FACÓ, O.; LÔBO, A.M.B.O. Brazilian goat breeding programs. **Small Ruminant Research**, v.89, p.149–154, 2010.
- LÔBO, R.N.B.; PEREIRA, I.D.C.; FACÓ, O.; et al. Economic values for production traits of Morada Nova meat sheep in a pasture based production system in semi-arid Brazil. **Small Ruminant Research**, v.96, p.93–100, 2011.
- LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, J.C.M.; et al. Bayesian inference for categorical traits with an application to variance component estimation. **Journal of Dairy Science**, v.84, p.694–704, 2001.
- KING, B.J.; ROBERTSON, S.M.; WILKINS, J.F.; et al. Short-term grazing of lucerne and chicory increases ovulation rate in synchronised Merino ewes. **Animal Reproduction Science**, v.121, p.242–248, 2010.
- KOSGEY, I.S.; VAN ARENDONK, J.A.M.; BAKER, R.L. Economic values for traits in breeding objectives for sheep in the tropics: impact of tangible and intangible benefits. **Livestock Production Science**, v.88, p.143–160, 2004.
- MAGALHÃES, A.F.B.; LOBO, R.N.B.; FACÓ, O. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em ovinos da raça Somalis Brasileira. **Ciência Rural**, v.43, p.884–889, 2013.
- MATIKA, O.; VAN WYK, J.B.; ERASMUS, G.J.; et al. Genetic parameter estimates in Sabi sheep. **Livestock Production Science**, v.79, p.17–28, 2003.

- MAXA, J.; NORBERG, E.; BERG, P. et al. Genetic parameters for growth traits and litter size in Danish Texel, Shropshire, Oxford Down and Suffolk. **Small Ruminant Research**, v.68, p.312–317, 2007.
- MIRAEI-ASHTIANI, S.R.; SEYEDALIAN, S.A.R.; SHAHRBABAK, M.M. Variance components and heritabilities for body weight traits in Sangsari sheep, using univariate and multivariate animal models. **Small Ruminant Research**, v.73. p.109–114, 2007.
- MISZTAL, I. **BLUPF90 family of programs (THRGIBBS1F90/POSTGIBBSF90)**. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs/Windows/32bit>> Acesso em: Jul. 01, 2014.
- MOHAMMADI, Y.; RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; et al. Quantitative genetic analysis of growth traits and Kleiber ratios in Sanjabi sheep. **Small Ruminant Research**, v.93, p.88–93, 2010.
- MOHAMMADI, K.; RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; et al. The estimation of (co)variance components for growth traits and Kleiber ratios in Zandi sheep. **Small Ruminant Research**, v.99, p.116–121, 2011.
- MOKHTARI, M.S.; RASHIDI, A.; ESMAILIZADEH, A.K. Estimates of phenotypic and genetic parameters for reproductive traits in Kermani sheep. **Small Ruminant Research**, v.88, p.27–31, 2010.
- MOLLE, G.; LANDAU, S.; BRANCA, A.; et al. Flushing with soybean meal can improve reproductive performances in lactating Sarda ewes on a mature pasture. **Small Ruminant Research**, v.24, p.157–165, 1997.
- MUÑOZ-GUTIERREZ, M.; BLACHE, D.; MARTIN, G.B.; et al. Ovarian follicular expression of mRNA encoding the type I IGF receptor and IGF-binding protein-2 in sheep following five days of nutritional supplementation with glucose, glucosamine or lupins. **Society for Reproduction and Fertility**, v.128, p.747–756, 2004.

- NESER, F.W.C.; ERASMUS, G.J.; VAN WYK, J.B. Genetic parameter estimates for pre-weaning weight traits in Dorper sheep. **Small Ruminant Research**, v.40, p.197–202, 2001.
- PRAKASH, V.; PRINCE, L.L.L.; GOWANE, G.R.; et al. The estimation of (co)variance components and genetic parameters for growth traits and Kleiber ratios in Malpura sheep of India. **Small Ruminant Research**, v.108 p.54–58, 2012.
- QUESADA, M.; MCMANUS, C.; COUTO, F.A.A. Efeitos Genéticos e Fenotípicos sobre Características de Produção e Reprodução de Ovinos Deslanados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, p.342–349, 2002.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing, version 3.1.1**. Viena, R Foundation for Statistical Computing, 1470p. 2014.
- RAFTERY. A.E.; LEWIS, S. How Many Iterations in the Gibbs Sampler? **Bayesian Statistics**, v.4, p.763–74, 1992.
- RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; JAHANSHAHI, A. S.; et al. Genetic parameter estimates of pre-weaning growth traits in Kermani sheep. **Small Ruminant Research**, v.74, p.165–171, 2008.
- RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; ESMAILIZADEH, A.K.; et al. Genetic analysis of ewe productivity traits in Moghani sheep. **Small Ruminant Research**, v.96, p.11–15, 2011.
- ROSHANFEKR, H.; MAMOUEI, M.; MOHAMMADI, K.; et al. Estimation of genetic and environmental parameters affected pre-weaning traits of arabi lambs. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v.10, p.1239–1243, 2011.
- SAFARI, E.; FOGARTY, N.M.; GILMOUR, A.R. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. **Livestock Production Science**, v.92, p.271–289, 2005.

SAS. **Statistical analysis systems user's guide**: Version 9.0. Cary, NC, USA: SAS 488 Institute Inc., 2002.

SCARAMUZZI, R.J.; CAMPBELL, B.K.; DOWNING, J.A.; et al. A review of the effects of supplementary nutrition in the ewe on the concentrations of reproductive and metabolic hormones and the mechanisms that regulate folliculogenesis and ovulation rate. **Reproduction Nutrition Development**, v.46, p.339–352, 2006.

SELAIVE-VILLARROEL, A.B.; FERNANDES, A.A.O. Desempenho reprodutivo de ovelhas deslanadas Morada Nova no Estado do Ceará. **Revista Científica de Produção Animal** v.2, p. 65–70, 2000.

SMITH, B.J. **Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1 user's manual**. Iowa: University of Iowa, 2005.

SOUSA, J.E.R.; OLIVEIRA, S.M.P.; LIMA, F.A.M.; et al. Efeitos genéticos e de ambiente para características de crescimento em ovinos Santa Inês no Estado do Ceará. **Revista Ciência Agronômica**, v.37, p.364–368, 2006.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. **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, 1995. 85p.

VATANKHAH, M.; TALEBI, M.A.; EDRISS, M.A. Estimation of genetic parameters for reproductive traits in Lori-Bakhtiari sheep. **Small Ruminant Research**, v.74, p.216–220, 2008.

VINÔLES, C.; MEIKLE, A.; MARTIN, G.B. Short-term nutritional treatments grazing legumes or feeding concentrates increase prolificacy in Corriedale ewes. **Animal Reproduction Science**, v.113, p.82–92, 2009.

ZISHIRI, O.T.; CLOETE, S.W.P.; OLIVIER; J.J. et al. Genetic parameters for growth, reproduction and fitness traits in the South African Dorper sheep breed. **Small Ruminant Research**, v.12, p.39– 48, 2013.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados obtidos mostram que é possível obter ganho genético para as características avaliadas na população compreendida pelos rebanhos participantes do núcleo de melhoramento genético participativo de ovinos da raça Morada Nova, objeto deste estudo.

Por outro lado, as estimativas de herdabilidade, de magnitude baixa a moderada, estimadas para prolificidade, peso ao desmame e ganho de peso do nascimento ao desmame evidenciam que a expressão destas características é predominantemente determinada pelas variações ambientais. Desta forma, melhorar as condições de manejo nutricional, sanitário e reprodutivo pode trazer melhorias de produtividade no curto prazo.

A maior herdabilidade encontrada para o efeito genético direto sobre o peso ao nascer indica que a utilização desta característica como critério de seleção pode levar a uma rápida resposta. Por outro lado, a correlação genética negativa encontrada entre os efeitos genéticos direto e materno sobre o peso ao nascer coloca a necessidade de mais estudos para melhor compreender as relações entre estes efeitos.