UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
CENTRO DE CIÊNCIAS RURAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

André Padilha Bravo

MODELOS DE AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA RESISTÊNCIA AO CARRAPATO EM UMA POPULAÇÃO MULTIRRACIAL ANGUS-NELORE

Santa Maria, RS
2019

André Padilha Bravo

MODELOS DE AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA RESISTÊNCIA AO CARRAPATO EM UMA POPULAÇÃO MULTIRRACIAL ANGUS-NELORE

Dissertação apresentada ao Curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do título de **Mestre em Zootecnia**

Orientador: Prof(a) Dr(a) Fernanda Cristina Breda

Santa Maria, RS
2019

Bravo, André
Modelos de Avaliação Genética para Resistência ao Carrapato em uma População Multirracial Angus-Nelore / André Bravo.- 2019.
48 p.; 30 cm

Orientadora: Fernanda Breda
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa Maria, Centro de Ciências Rurais, Programa de Pós Graduação em Zootecnia, RS, 2019

1. Melhoramento Animal 2. Bovinocultura de Corte 3. Resistência ao Carrapato 4. Modelos de Avaliação Genética I. Breda, Fernanda II. Título.

Sistema de geração automática de ficha catalográfica da UFSM. Dados fornecidos pelo autor(a). Sob supervisão da Direção da Divisão de Processos Técnicos da Biblioteca Central. Bibliotecária responsável Paula Schoenfeldt Patta CRB 10/1728.

André Padilha Bravo

MODELOS DE AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA RESISTÊNCIA AO CARRAPATO EM UMA POPULAÇÃO MULTIRRACIAL ANGUS-NELORE

Dissertação apresentada ao Curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de concentração em Produção Animal, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do título de **Mestre em Zootecnia**

Aprovado em 26 de fevereiro de 2019

_____

Fernanda Cristina Breda, Dr(a). (UFSM)
(Presidente/Orientador)

_____

Paulo Roberto Nogara Rorato, Dr. (UFSM)

_____

Alan Miranda Prestes, Dr. (UNOESC)

DEDICATÓRIA

“Dedico este trabalho ao meu avô, Nilo Martinez Padilha (*in memorian*), com todo o meu amor e gratidão eterna; escrevendo esta simples dedicatória, paro a pensar e refletir, pela primeira vez, nesta minha grande perda devido as circustâncias; dedico este humilde, mas esforçado trabalho a primeira pessoa que me viu quando nasci, a quem me ensinou os principais valores que uma pessoa deve aprender. Esta dedicatória é para meu maior exemplo de ser humano, a quem foi minha mãe, meu pai, meu irmão, meu melhor amigo e a quem tenho o maior respeito. Minha gratidão por ter aproveitado os incontáveis momentos vividos, por ter me incentivado a iniciar e principalmente a não ter me deixado desistir, presente ou não fisicamente”.

AGRADECIMENTOS

Aos professores Fernanda Cristina Breda, Paulo Roberto Nogara Rorato e Alan Miranda Preste um agradecimento especial, não só por estes dois anos e sim pelos últimos seis anos, os quais, me ensinaram praticamente tudo que sei em Melhoramento Animal. Por estarem ao meu lado desde o primeiro dia, nos momentos bons e ruins, ajudando, ensinando, sendo orientadores, amigos e meus exemplos;

A minha mãe, que me inspira e incentiva para seguir estudando e evoluindo sempre em busca dos meus objetivos;

A minha avó Neddy Enriqueta Correa Padilha, pelo carinho e por momentos de aprendizados diários que possuem valor imensurável para evoluir como pessoa;

Aos meus primos e "Dindos" Denise Correa Padilha e Eduardo Flores da Cunha por estarem sempre torcendo e me apoiando;

A minha namorada Gianna Valiente Ojeda, por ser minha companheira e estar ao meu lado dando força e família torcendo e me incentivando;

Ao Maurício Morgado de Oliveira pelas ajudas na edição do banco de dados e pelos ensinamentos teóricos e práticos. Também, a equipe do Laboratório de Melhoramento Animal – LMA, estudantes de graduação e pós-graduação que foram fundamentais na realização deste trabalho;

Aos grandes amigos, Nilton Rodrigues, pelo convívio diário neste período; Márcio Dias, Lucas Cremonese e Bruno Diniz pelos momentos bons que compartilhamos e pela força nos momentos de dificuldade;

E a todos aqueles que de alguma forma fizeram parte da realização deste trabalho.

Com carinho, MIL GRACIAS!

Hay hombres que de su cencia
Tienen la cabeza llena;
Hay sabios de todas menas,
Mas digo, sin ser muy ducho:
Es mejor que aprender mucho
El aprender cosas buenas.

No aprovechan los trabajos
Si no han de enseñarnos nada;
El hombre, de una mirada,
Todo ha de verlo al momento:
El primer conocimiento
Es conocer cuándo enfada

(José Hernández)

RESUMO

MODELOS DE AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA RESISTÊNCIA AO CARRAPATO DE UMA POPULAÇÃO MULTIRRACIAL NELORE ANGUS

AUTOR: André Padilha Bravo
ORIENTADORA: Fernanda Cristina Breda

O combate ao carrapato, manejo sanitário inadequado e preços altos dos acaricidas são um dos principais problemas enfrentados na pecuária de corte brasileira. A baixa perspectiva de novos produtos, eficientes e baratos, para combater este ectoparasita, tem estimulado a realização de pesquisas que visem identificar acuradamente e selecionar animais geneticamente resistentes. O propósito neste trabalho identificar o modelo animal que melhor descreve a variação genética e residual para a característica contagem de carrapatos ao sobreano, para avaliações genéticas mais acuradas. O banco de dados utilizado foi composto por 6.951 animais, filhos de 383 touros e 6.199 vacas de uma população multirracial Angus-Nelore criados em fazendas no Brasil. A base de dados foi cedida pelas empresas Gensys Consultores Associados S/C Ltda e Natura Genética Sul Americana. Os valores genéticos foram calculados a partir da metodologia de inferência Bayesiana e os modelos testados foram: Modelo Animal Tradicional, Modelo Animal Multirracial sem e com segregação, cada um com dois modelos de variância residual (homocedástica ou heterocedástica). Os critérios de escolha foram o Número de Parâmetros, a Informação de Deviance e a Ordenada Preditiva, os quais apontaram os Modelos Animal Tradicional e Multirracial com Segregação, ambos com variância residual Gaussiana heterocedástica, como aqueles, que apresentaram menor número de parâmetros e melhor distribuição das variâncias genéticas aditivas e não aditivas e, portanto, proporcionaram o melhor ajuste. Os valores médios dos efeitos genéticos fixos foram positivos e similares, ou seja, animais com maior proporção da raça Angus, sofreram maior infestação de carrapatos, sugerindo que a raça Nelore possui um importante papel para resistência ao carrapato. Verificou-se que a variância genética estimada pelo modelo Modelo Animal Gaussiano heterocedástico para a raça Nelore foi 4,54 vezes maior do que a estimada para a raça Angus. As estimativas de herdabilidade nos diferentes grupos genéticos variaram de 0,12 a 0,15 e 0,01 a 0,35 no Modelo Animal Tradicional e no Multirracial Gaussiano heterocedástico respectivamente. A correlação de ordenamento de Spearman entre os valores genéticos preditos considerando todos os reprodutores da população em estudo, foi de 0,94. Contudo, ao considerar os touros TOP 10%, 20% e 30% melhores, as diferenças com relação ao ordenamento foram mais evidentes (0,28 a 0,67). O modelo Animal Multirracial com Segregação com variâncias residuais heterogêneas é o mais apropriado na avaliação genética da característica Contagem de Carrapatos de animais produtos do cruzamento Angus-Nelore.

Palavras-chave: Bovinos de corte. Heterocedasticidade. Modelo Multirracial

ABSTRACT

GENETIC EVALUATION MODELS FOR TICK RESISTANCE OF A MULTIBREEAD POPULATION ANGUS-NELLORE

AUTHOR: André Padilha Bravo
ADVISOR: Fernanda Cristina Breda

Tick combat, inadequate sanitary management and high prices for acaricides are one of the main problems faced in Brazilian cattle system. The low perspective of new products to combat this ectoparasite, more efficient and inexpensive to be launched in the market has stimulated the accomplishment of researches with the objective to identify accurately and to select genetically resistant animals. The purpose of this work was to evaluate ome animal model that best describes the genetic and residual variation for the characteristic counting of ticks at post weaning, in order to produce more accurate genetic predictions. The database used consisted of 6,951 animals, sired by 383 bulls and 6,199 cows from a multiracial Angus-Nelore population raised on farms in Brazil. The database was provided by Gensys Consultores Associados S / C Ltda and Natura Genetica Sul Americana. Genetic values were calculated from the Bayesian inference methodology and the models tested were: Traditional Animal Model, Multibreed Animal Model with and without segregation, both with two models of residual variance (homocedastic or heterocedastic). The criteria of choice were the Number of Parameters, the Deviance Information and the Predictive Order, which pointed to the Traditional and Multibreed Animal Models with Segregation, both with residual heteroscedastic Gaussian variance, such as those that presented lower number of parameters and better distribution of the additive and non-additive genetic variances and, therefore, provided the best fit. The mean values of the fixed genetic effects were positive and similar, that is, animals with a higher proportion of the Angus breed, suffered a greater infestation of ticks, suggesting that the Nellore breed has an important role for resistance to ticks. It was verified that the genetic variance estimated by the heterocedastic Gaussian Animal Model for the Nellore breed was 4.54 times higher than that estimated for the Angus breed. Estimates of heritability in the different genetic groups ranged from 0.12 to 0.15 and 0.01 to 0.35 in the Traditional Animal Model and in the Heterocedastic Gaussian Multiracial Model, respectively. The Spearman ranking correlation among predicted genetic values considering all sires in the population was 0.94. However, when considering only the better bulls, TOP 10%, 20% and 30%, differences in relation to the ranking were more evident (0.28 to 0.67). The Multiracial Animal Model with Segregation with heterogeneous residual variances is most appropriate to be used in the genetic evaluation of the characteristic tick count of animal products of the Angus-Nellore cross.

Keywords: Beef Cattle. Heteroscedastic. Multiple-Breed Model.

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

A	Efeito Aditivo “fixo”da raça Angus
AAI	Efeito epistático aditivo x aditivo Nelore - Angus
BoLA	Bovine Lymphocite Antigen
CPO	Ordenada Preditiva
D	Efeito de Dominância Nelore - Angus
DIC	Informação de Deviance
G	Gaussiano
GG	Grupos Genéticos
HE	Heterocedástico
HO	Homocedástico
IC	Idade da Contagem
MA	Modelo Animal Tradicional
MAMSS	Modelo Animal Multirracial Sem Segregação
MAMCS	Modelo Animal Multirracial Com Segregação
MHC	Complexo de Histocompatibilidade
Np	Número de parâmetros
RC	Região de Credibilidade (95%)
T	t de Student
TCC	Tick Count

LISTA DE APÊNDICES

APÊNDICE A - Cartão de parâmetros para o modelo animal tradicional com distribuição residual Gaussiana heteroscedástica para o programa INTERGEN 1.2 45
APÊNDICE B - Cartão de parâmetros para o modelo animal multirracial com segregação com distribuição residual Gaussiana heteroscedástica para o programa INTERGEN 1.2 47

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

Tabela 1 - Média da *deviance*, penalização por número de parâmetros (pD), critério de informação da *deviance* (DIC = *deviance* + pD) e *deviance* ordenada preditiva condicional (CPODEV) para os modelos animal tradicional (MA), multirracial sem segregação (MAMSS), com segregação (MAMCS) com erros Gausianos Homocedásticos (GHO) e Heterocedásticos (GHE) 35
Tabela 2 – Médias e desvios –padrão *a posteriori* dos efeitos genéticos fixos para contagem de carrapato 37
Tabela 3 – Variâncias estimadas pelo modelo animal tradicional (MA_GHE) e multirracial com segregação (MAMCS_GHE), ambos com erros heterocedásticos, para a resistência ao carrapato em uma população multirracial Angus-Nelore 39

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1

Figura 1 - Distribuição a posteriori da herdabilidade para Contagem de Carrapatos de acordo com os grupos genéticos (GG) e modelos utilizados para uma população multirracial Nelore (N) e Angus (A). 36
Figura 2 – Valores genéticos preditos para Modelo animal tradicional (MA_GHE) e multirracial com segregação (MAMCS_GHE), ambos com erros heterocedásticos, para a resistência ao carrapato em uma população multirracial Angus-Nelore 38

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO **11**
2 OBJETIVO **12**
2.1 OBJETIVOS ESPECÍFICOS 12
3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA **13**
3.1 MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINOS DE CORTE 13
3.2 RESISTÊNCIA AO CARRAPATO 14
3.3 MODELO ANIMAL MULTIRRACIAL 15
4 ARTIGO **18**
Avaliação genética para resistência ao carrapato em uma população multirracial Angus-Nelore 18
Introdução **20**
Material e Métodos **22**
Resultados e Discussão **26**
Conclusões **29**
Agradecimentos **30**
Referências **30**
5 CONCLUSÕES **40**
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS **41**

1 INTRODUÇÃO

A produção de carne bovina no Brasil através de populações multirraciais cresce a cada ano pelas vantagens que a heterose e a complementariedade entre raças nos cruzamentos fornecem, permitindo uma posição de destaque no cenário mundial, possuindo o maior rebanho comercial e estar em segundo lugar no ranking dos maiores produtores de carne, perdendo apenas para os Estados Unidos (USDA, 2018).

Segundo Lopes et al. (2008) a utilização das raças europeias britânicas em cruzamentos é feita no intuito de aumentar a qualidade da carne dos produtos, além de aumentar a precocidade tanto de crescimento/acabamento quanto de reprodução. Portanto, essas características quando somadas as vantagens das raças zebuínas de maior resistência a parasitas e tolerância ao calor nas regiões dos trópicos permite ao produtor animais que aliam uma carcaça superior somada a bons desempenhos reprodutivos.

Um país de proporções continentais como o Brasil, situado entre as latitudes 5ºN e 33ºS que apresenta grande diversidade de clima e, por conseguinte, de vegetação, além de inúmeros sistemas de criação e grande número de raças de bovinos de corte de diferentes tipos biológicos (LOPES et al., 2010). Neste contexto, programas de melhoramento genético que trabalhem com animais de compostos genéticos são de extrema importância, pois levam em consideração os desempenhos em diferentes localidades.

A análise genética de uma população multirracial requer a inclusão de efeitos genético aditivo de raça, heterozigose (CARDOSO et al., 2008; WILLIAMS et al., 2010), perda epistática (DIAS et al., 2011) e complementariedade entre diferentes raças (CARVALHEIRO et al., 2006; CARDOSO et al., 2008). No entanto, a utilização de todos estes efeitos pode acarretar problemas, tais como modelos muito complexos, demanda computacional elevada, dificuldade de convergência ou, até mesmo, estimativas com baixa acurácia. A fim de contornar estes problemas, os efeitos genéticos não aditivos são geralmente incluídos, no modelo tradicional, como covariável (DIAS et al., 2011). Este método diminui certos problemas na análise, em primeiro momento, mas não é a forma mais acurada de avaliação para uma população de animais oriundos de cruzamento (CARVALHEIRO et al., 2006).

A disponibilidade de grandes bases de dados em associações de diferentes raças e cruzamentos de bovinos, bem como a demanda crescente dos produtores por avaliações genéticas de raças puras e produto de cruzamento têm renovado o interesse na implementação de procedimentos de avaliação genética multirracial (ELZO & BORJAS, 2004). Atualmente,

as metodologias para as avaliações genéticas de populações multirraciais não levam em consideração a composição racial.

Os procedimentos de avaliação genética multirracial produzem predições genéticas aditivas mais acuradas, quando comparados com o modelo animal tradicional, o que permite a comparação direta de animais de diferente composição racial e viabilizam o melhoramento genético aditivo e não-aditivo em populações multirraciais. No entanto, esses procedimentos são computacionalmente mais complexos, requerem maior número de parâmetros a serem estimados, além de apresentar problemas quanto à multicolinearidade (PRESTES, 2017).

Devido ao aumento de animais mestiços nos programas de melhoramento genético, diversos estudos foram realizados no Brasil, tanto para raças puras quanto produtos de cruzamentos (CARDOSO et al., 2005; CORRÊA et al., 2009; OLIVEIRA et al., 2010) evidenciando uma adequação dos modelos de avaliação genética mais comumente utilizados para que estes sejam melhorados no futuro, portanto o objetivo deste trabalho foi avaliar modelos para avaliação genética para a identificação do potencial genético dos animais de uma população multirracial Angus e Nelore.

2 OBJETIVO

Analisar diferentes modelos de avaliação genética para a característica de resistência ao carrapato ao sobreano de uma população multirracial Angus e Nelore criados em fazendas no Brasil.

2.1 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Comparar três modelos de avaliação genética para a característica contagem de carrapatos ao sobreano: Animal Tradicional (MA), Animal Multirracial Sem (MAMSS) e Com Segregação (MAMCS).

Avaliar a melhor estrutura de variância residual utilizando um esquema fatorial de dois modelos de variância residual (homocedastica (HO) ou heterocedastica (HE)) baseado em dois pressupostos distributivos (Gaussiano (G) e t de Student (T)) e a variabilidade genética existente entre as raças Angus e Nelore.

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINOS DE CORTE

A pecuária de corte é um dos carros chefes do Produto Interno Bruto brasileiro e mesmo assim sabe-se que os índices produtivos estão muito aquém da potencialidade que esta atividade pode proporcionar. O melhoramento genético é uma ferramenta essencial para que se otimize os sistemas de produção, deste modo surge a necessidade de utilizá-la para se obter o máximo de incremento produtivo (LEÃO et al. 2013).

O sucesso do melhoramento genético animal depende da adoção de adequados métodos de seleção, os quais necessitam de precisão na estimativa dos valores genéticos dos animais candidatos à seleção (RESENDE & PEREZ 1999). O objetivo do melhoramento é modificar o mérito genético dos animais das gerações futuras de modo que estes produzam mais eficientemente, quando comparados à geração presente, levando-se em conta as circunstâncias naturais, sociais e de mercado futuro (GROEN et al., 1997).

O conhecimento do sistema de produção e de suas características de importância econômica são essenciais para a correta elaboração de um programa de melhoramento genético visando à maximização do lucro da atividade (VERCESI FILHO et al. 2007). Para poder trabalhar corretamente com melhoramento genético deve-se primeiramente planejar os objetivos de seleção.

Segundo Cardoso (2004), a definição do objetivo de seleção constitui um passo fundamental no desenvolvimento de um programa de melhoramento genético, uma vez que ele descreve a expectativa do que deve ser melhorado. Portanto, as propriedades que construírem um objetivo de seleção devem relacionar as características de grande importância econômica para que em médio ou longo prazo tenham aumento de produtividade satisfatórios.

De acordo com Effa (2011), dados mal coletados a campo e repassados aos programas de melhoramento, erros de digitação, entre outros, comprometem as avaliações e são os maiores problemas nas avaliações genéticas. No entanto, fatores relacionados à falta de registro do desempenho, rebanho reduzido, ineficiência nos serviços de inseminação artificial e falta de objetivos claramente definidos de reprodução têm sido os principais problemas.

Junto a seleção, outra ferramenta que pode ser utilizada em conjunto visando obtenção de melhoramento genético animal é o cruzamento que vem crescendo cada vez mais principalmente quando deseja-se realizar este processo com uma raça europeia (*bos taurus*) e outra zebuína (*bos indicus*). A superioridade dos animais cruzados em relação à média da contribuição paternal de raças puras (heterose) decorre da heterozigose e da possibilidade de complementariedade entre as raças (ROSO & FRIES, 2000). Essa estratégia pode ser empregada como forma de implementação de esquemas sintéticos de cruzamentos visando à exploração da heterose e da complementaridade (CARTWRIGHT, 1971) ou como passo inicial para a formação de populações sintéticas (GREGORY et al., 1994).

Os rebanhos no geral possuem uma estrutura distribuídas em três partes: Rebanho núcleo, onde é feita a seleção das raças puras. Rebanho multiplicador, onde os animais selecionados anteriormente são utilizados para cruzamentos e/ou posteriores processos de seleção. Por fim, existem os rebanhos comerciais, onde os cruzamentos são mais utilizados e os animais também são selecionados principalmente para a padronização racial dentro das fazendas.

3.2 RESISTÊNCIA AO CARRAPATO

Ao comparar os mais comuns parasitas bovinos, o *Boophilus microplus* é o que causa maiores prejuízos econômicos na pecuária brasileira tendo como consequência diminuição da taxa de prenhes, perda de peso, redução da produção de leite e morte. Segundo Fraga (2003), a avaliação da resistência dos bovinos ao carrapato baseia-se na contagem de carrapatos fêmeas, infestados naturalmente, de tamanho entre 4,0 e 8,0 mm de comprimento denominadas teleóginas, em apenas um dos lados do corpo do animal, método preconizado por Villares (1941) e, posteriormente, modificado por e Wharton & Utech (1970) e Wilkinson (1995).

De acordo com AYRES (2012) uma opção aos tratamentos químicos é a utilização de animais resistentes ao carrapato, tendo em vista que a utilização indiscriminada de produtos químicos acarreta maior resistência destes parasitas, resíduos dos antibióticos na carne e no leite quando não é cumprido o prazo de carência e maiores custos ao produtor.

A contagem de carrapatos é uma característica que não é obrigatória ser informada aos programas de melhoramento genético no Brasil, devido a isto, são poucos os programas que fazem esta avaliação e estes possuem, todavia, uma pequena amostragem e dificulta as pesquisas. Além disso, se trata de uma característica que não possui distribuição normal, sendo necessária uma transformação na edição dos dados para realizar a avaliação genética.

Estimativas de herdabilidade para resistência ao carrapato encontradas na literatura variam de baixas a médias. Em um estudo com a raça Belmont Red na Austrália Burrow (2001) encontrou uma estimativa de herdabilidade de 0,42. Valores similares foram encontrados por Cardoso et al. (1999), 0,46 e 0,38 em rebanhos de gado de corte. Por outro lado, Fraga (2003) avaliando a raça Caracu, obteve herdabilidade de 0,22 relatando que a característica apresenta variação genética aditiva. Esses resultados monstram que a seleção eficiente para a característica de resistência ao carrapato, promove progresso genético.

Valores baixos de herdabilidade foram encontrados por Veríssimo e al. (1997) os quais variaram de 0,089 a 0,091 em um rebanho leiteiro de animais mestiços. Resultados semelhantes foram encontrados por Ayres (2012) com diferentes modelos: 0,08, 0,10 e 0,14 para modelo Linear, Logarítmico e Poisson, respectivamente.

Além de fatores genéticos, existem fatores ambientais que podem influenciar no número de parasitas infestantes no hospedeiro, principalmente, pelo fato de que parte do ciclo de vida dos mesmos tem sua ocorrência no meio ambiente (FRAGA, 2003). Dentre eles, podem ser citados a estação do ano, o sexo e a idade do animal (ANDRADE et al., 1998; CARDOSO, 2000). De acordo com Penna (1989), a acurácia da avaliação da resistência ao carrapato pode ser reduzida pela ocorrência dos efeitos de ambiente, sendo um dos principais motivos, a enorme diversidade de localidades no Brasil, pois se trata de um país continental e o desempenho dos indivíduos divergem.

3.3 MODELO ANIMAL MULTIRRACIAL

As avaliações genéticas podem ser classificadas de duas formas dependendo da população que se irá considerar: unirracial e multirracial (ELZO, 2007). Prestes (2017) relatou que estas metodologias são utilizadas em avaliação genética independentemente da composição genética das populações em estudo. Os procedimentos intra-raciais ignoram os efeitos genéticos não-aditivos entre raças e assumem que os parâmetros genéticos são os mesmos em todos os grupos raciais. Em outras palavras, ao realizar um procedimento intra-racial com um rebanho de várias raças e/ou composições genéticas, as características apresentam as mesmas variâncias e covariâncias em todos os grupos genéticos. Já os procedimentos de avaliação genética multirracial incluem ambos os aspectos, sendo, por isto, preferíveis para avaliar geneticamente populações constituídas por animais de raças puras e cruzamento. Diversos estudos realizados de populações cruzadas comprovaram a vantagem de utilizar modelos multirraciais nas

avaliações genéticas, os quais forneceriam melhores estimativas dos valores genéticos dos animais.

Elzo (2007) relatou que provavelmente a maioria das populações multirraciais bovinas eram avaliados com modelos unirraciais nos Estados Unidos até a década de 1990, porém em 1996, a Universidade de Cornell, que avalia o rebanho Simental, Simbrah e Simental Canadense começou a utilizar um modelo multirracial que incluiu efeitos genéticos não aditivos fixos (heterose) além de efeitos genéticos aditivos (KLEI, 1996).

Um modelo multirracial inclui efeitos ambientais fixos (grupos de contemporâneos multirraciais, idade da mãe e as interações), efeitos genéticos multirraciais aditivos e não aditivos de grupo, efeitos de animais multirraciais aditivos e não aditivos aleatórios e efeitos multirraciais residuais. Todos os efeitos genéticos aditivos, genéticos não aditivos e ambientais em modelos multirraciais levam em consideração a heterogeneidade ou não das variâncias e covariâncias que potencialmente existem em animais de diferentes composições raciais (ELZO, 2007). O efeito da heterogeneidade das variâncias é importante para a seleção de vacas, touros jovens e de novilhas, porque estes animais têm registros dentro de um único rebanho ou ambiente e assim sua avaliação pode ser afetada por diferenças nas variâncias ambientais (WINKELMAN & SCHAEFFER, 1998).

Segundo Prestes (2017), modelos multirraciais apresentaram melhor ajuste na avaliação genética da característica ganho médio diário da desmama ao sobreano de uma população produto do cruzamento entre as raças Angus e Nelore. Em uma população semelhante avaliada por Oliveira (2010) observou-se alterações na classificação de ordem dos animais candidatos à seleção entre o Modelo Animal, tradicionalmente usado nas avaliações genéticas, e os Modelos Animais Multirraciais sendo que este último apresentou melhor ajuste aos dados de ganho pós-desmama. Este resultado indica que esses modelos multirraciais, devido à decomposição da variância genética aditiva nos seus componentes raciais, permitem a predição de valores genéticos mais acurados e podem melhorar o progresso genético das populações formadas a partir do cruzamento entre duas ou mais raças. Cardoso & Tempelman (2004) compararam o modelo animal e o modelo animal multirracial com segregação e obtiveram resultados similares, a favor do modelo animal multirracial em estudo com uma população Nelore-Hereford.

Nos trabalhos que comparam modelos unirracial com multirraciais, é comum observar que é levado em consideração três modelos: O modelo animal tradicional, o qual considera que a variância genética de uma raça é igual da outra e a variância de segregação é igual a 0; Modelo animal multirracial sem segregação que considera que as variâncias genéticas das raças em

estudo são diferentes, porém a variância de segregação é igual a 0; Modelo animal multirracial com segregação, que considera também que as variâncias genéticas das raças não são iguais e que a variância de segregação é diferente de zero.

4 ARTIGO

Variação genética e residual para contagem ao carrapato em uma população multirracial Angus-Nelore [1]

André Padilha Bravo[(1)], Alan Miranda Prestes[(2)], Mauricio Morgado Oliveira[(1)], Vanerlei Rozo[(3)], Fernanda Cristina Breda[(1)] e Paulo Roberto Nogara Rorato[(1)]

[(1)] Universidade Federal de Santa Maria, Centro de Ciências Rurais, Departamento de Zootecnia, Avenida Roraima, nº 1000, CEP 97105-900 Santa Maria, RS, Brazil. E-mail: andrepadilhazootecnia@gmail.com, oliveira.mauricio.morgado@gmail.com, fernandabreda@gmail.com, prrorato@gmail.com [(2)] Universidade do Oeste de Santa Catarina E-mail: alanprestes_sm@hotmail.com [(3)] Gensys Gensys Consultores Associados S/C Ltda E-mail:

Resumo – O objetivo neste trabalho foi identificar o modelo animal que melhor descreve a variação genética e residual para a característica contagem de carrapatos ao sobreano, em uma população multirracial Angus-Nelore constituída por 6.951 animais, filhos de 383 touros e 6.199 vacas. Os valores genéticos foram preditos a partir da metodologia de inferência Bayesiana utilizando os seguintes modelos: Animal Tradicional, Animal Multirracial sem e com segregação, considerando as variâncias residuais homo ou heterocedástica. Os critérios de escolha foram o Número de Parâmetros, a Informação de Deviance e a Ordenada Preditiva, os quais apontaram os Modelos Animal Tradicional e o Multirracial com Segregação, ambos com variância residual Gaussiana heterocedástica, como os de melhor ajuste. Os valores médios dos efeitos genéticos fixos foram positivos e similares nos dois modelos, sugerindo que os animais

[1]Artigo formatado nas normas da revista Pesquisa Agropecuária Brasileira, disponível em: http://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/about/submissions#authorGuidelines

com maior proporção da raça Angus sofreram maior infestação e atribuindo-se, portanto, a raça Nelore importante papel na resistência ao carrapato. Verificou-se que a variância genética estimada pelo Modelo Animal Gaussiano heterocedástico para a raça Nelore foi 4,54 vezes maior do que a estimada para a raça Angus. As estimativas de herdabilidade nos diferentes grupos genéticos variaram de 0,12 a 0,15 e de 0,01 a 0,35, respectivamente, no Modelo Animal Tradicional e no Multirracial Gaussiano heterocedástico. A correlação de ordenamento de Spearman entre os valores genéticos preditos considerando todos os reprodutores da população, foi 0,94. Contudo, ao considerar os melhores touros, TOP 10%, 20% e 30%, as diferenças com relação ao ordenamento foram mais evidentes (0,28 a 0,67). O modelo Animal Multirracial com Segregação com variâncias residuais heterogêneas foi o mais apropriado para avaliação genética da característica Contagem de Carrapatos de animais produtos do cruzamento Angus-Nelore.

Termos para indexação: Correlação de Spearman. Heterocedasticidade. Modelo animal multirracial.

Genetic evaluation for tick resistance of a multibreead population Angus-Nellore

Abstract - The objective of this work was to identify the animal model that best describes the genetic and residual variation for the characteristic counting of ticks at yearling, in a multibree Angus-Nelore population constituted by 6,951 animals, sired by 383 bulls and 6,199 cows. Genetic values were predicted by the Bayesian inference methodology. The models tested were: Traditional Animal, Multiracial Animal with and without segregation and considering residual homocedastic or heterocedastic variances. The criteria of choice were the Number of Parameters, the Deviance Information and the Predictive Order, which pointed to the Traditional Animal Model and the Multibreed Segregation Models, both with residual

heteroscedastic Gaussian variance indicating the best fit. The mean values of the fixed genetic effects were positive and similar, in both models, suggesting that the animals with higher proportion of the Angus breed suffered greater infestation and the Nelore breed was thus attributed an important role in the resistance to ticks. It was verified that the genetic variance estimated by the heterocedastic Gaussian Animal Model for the Nelore breed was 4.54 times higher than that estimated for the Angus breed. Estimates of heritability in the different genetic groups ranged from 0.12 to 0.15 and from 0.01 to 0.35, respectively, in the Traditional Animal Model and in the heterocedastic Gaussian Multibreed Model. The correlation of Spearman order among the predicted genetic values considering all the sire stock was 0.94. However, when considering the best bulls, TOP 10%, 20% and 30%, differences in relation to the ranking were more evident (0.28 to 0.67). The Multiracial Animal Model with Segregation with heterogeneous residual variances was the most appropriate for genetic evaluation of the characteristic tick count of animal products of the Angus-Nelore crossing.

Index terms: Heterocedasticity of variances. Multiracial animal model. Spearman correlation.

Introdução

O *Rhipicephalus* (*Boophilus) microplus* é um ectoparasita que ataca os bovinos prejudicando expressivamente a performance animal causando estresse, interfere no ganho de peso, favorece a ocorrência de miíases, deprecia a qualidade do couro, e possui um papel importante na transmissão de protozoários causadores de doenças como a anaplasmose e babesiose, comumente chamadas de Tristeza Parasitária Bovina.

Os prejuízos econômicos causados pelo carrapato bovino na pecuária brasileira, de acordo com estudo realizado por Grisi (2014), são da ordem de 968 milhões de dólares. Adicionalmente, o mercado consumidor exige garantias de que a carne bovina esteja livre de resíduos químicos, os quais promovem impactos negativos no meio ambiente, na saúde e bem-

estar humano (MOTA, 2016). O uso de substâncias acaricidas para o combate a infestação de carrapatos é o manejo mais comum adotado nas propriedades; todavia, dificilmente este é feito de forma estratégica e com acompanhamento técnico, tendo como consequência o uso incorreto que possibilita o aumento da resistência do parasita às moléculas presentes no mercado; Além disto o destino incorreto dos frascos; e resíduos dos antibióticos nos produtos cárneos são problemas.

Uma alternativa ao uso de produtos químicos é a produção de animais geneticamente mais resistentes a infestação de carrapatos, minimizando os prejuízos e, consequentemente, aumentando a produtividade do sistema. Estudos anteriores estimaram valores de herdabilidade entre 0,15 a 0,44 (Prayaga et al., 2009; Budeli et al., 2009; Mota et al., 2016) demonstrando um potencial de progresso genético para esta característica tanto em animais puros ou cruzados. No entanto, para que a seleção de animais mais resistentes seja eficiente, é necessária a realização de avaliação genética acurada, uma vez que a seleção equivocada dos animais pode promover prejuízos a curto e a longo prazo.

Stear e Wakelin (1998), em pesquisas relacionadas a genética molecular, relataram a relevância do MHC (Complexo Principal de Histocompatibilidade), que na espécie bovina é denomidada de BoLA (*Bovine Lymphocite Antigen*) é um mecanismo essencial para as respostas imunes e susceptibilidade de doenças. Entretanto no Brasil, de acordo com OLIVEIRA et al (2013), poucas informações estão disponíveis sobre frequência alélica do loco BoLA-DRB3.2 e seus polimorfismos associados às características de adaptabilidade, resistência e produção, o que de certa forma prejudica a seleção.

O cruzamento entre raças europeias e zebuínas vem crescendo no decorrer dos últimos anos para conciliar as características de resistência e adaptabilidade das raças zebuínas com as produtivas e de qualidade das raças europeias. Avaliação genética de populações cruzadas, na maioria das vezes, são realizadas sem considerar os efeitos do cruzamento e suas interações

gênicas. Para a avaliação acurada de reprodutores mestiços, há a necessidade de adequar os modelos normalmente utilizados na avaliação genética de raças puras, uma vez que, além do mérito genético aditivo, também o não aditivo, tanto dentro quanto entre raças, contribui para o mérito genético total de um animal (MILLER 2010). Em um estudo de uma população multirracial, Cardoso & Tempelman (2004) propuseram um modelo animal multirracial que inclui efeitos genéticos "fixos" aditivos e não aditivos com desvios individuais aleatórios, baseados em Lo et al. (1993), como uma alternativa satisfatória e parcimoniosa para a avaliação genética de populações compostas.

Além disso, Mota et al (2016) relataram que a maioria das metodologias de avaliação genética atuais, assumem variâncias residuais homogêneas entre os ambientes, embora evidências de heteroscedasticidade residual tenham sido relatadas, sendo definidas como heterogeneidade de variâncias residuais entre grupos de contemporâneos para as características de produção de leite (Torres et al., 2000) e ganho pós-desmame (Carvalheiro et al., 2002); (Cardoso et al., 2012).

O objetivo foi identificar o modelo animal que melhor descreve a estrutura de variação genética e residual e avaliar a variabilidade genética existente para a característica contagem de carrapatos ao sobreano em uma população multirracial Angus-Nelore criados em fazendas no Brasil.

Material e Métodos

A base de dados utilizada foi disponibilizada pelas empresas Gensys Consultores Associados S/C Ltda e Natura Genética Sul Americana. Neste estudo foram utilizados os registros de contagem de carrapatos com idade média de 554 dias no período de 2002 a 2016, provenientes de 6.951 animais com diferentes composições das raças Angus-Nelore, filhos de 383 touros e de 6.199 vacas, criados em 31 fazendas em diferentes estados do Brasil. A

consistência das informações contidas no banco de dados foi obtida através do Software *R*® *Core Team*.

A contagem de carrapatos foi realizada de acordo com a metodologia descrita por Wharton e Utech (1970), sendo esta transformada (TCC) para normalização, como segue: TCC = log10 (CC + 1.001). Na editoração dos dados foram formados Grupos de Contemporâneos (GC) por animais nascidos no mesmo ano e estação, pertencentes ao mesmo sexo, grupo de manejo alimentar e criados na mesma fazenda, sendo cada grupo formado por no mínimo quatro animais. Posteriormente, foi testada a conectabilidade entre os grupos de contemporâneos baseado no número total de laços genéticos, através do programa AMC (ROSO & SCHENKEL, 2006), ressalta-se que touros com menos de quatro filhos foram eliminados. Também foram excluídos animais com três desvios-padrão acima ou abaixo da média de contagem de carrapatos dentro de GC.

O modelo animal multirracial utilizado neste estudo foi baseado no modelo hierárquico bayesiano proposto por Cardoso & Tempelman (2004), que pressupõem variâncias genéticas específicas para cada raça e variância genética devida à segregação entre raças, que corresponde à variância adicional observada na geração F_2 em relação a F_1 (LO et al., 1993), como segue:

$$Y_{ijk} = \mu + gc_i + \beta_{IC}(IC_j) + \beta_{IC2}(IC_j^2) + \beta_A(f_k) + \beta_{AD}(\delta_k) + \beta_{AAI}(2[1 - f_k]f_k) + u_k + e_{ijk}$$

em que, Y_{ijk} é o registro de TCC no i-*ésimo* animal do i-*ésimo* GC; μ é a constante; *gci* é o efeito do *i-ésimo* GC (i = 1,2, ..., 255), com $gci \sim N(0, \sigma_{gc}^2)$ para todo $i\beta's$ são os coeficientes de regressão associados com idade da contagem (IC) em dias (365 ≤ IC ≤ 729), efeito aditivo "fixo" da raça Angus *(A)*, efeito de dominância Nelore-Angus *(D)* e efeito epistático aditivo x aditivo Nelore-Angus (*AAI*). O coeficiente f_k representa à proporção esperada de genes da raça Angus no animal k e δ_k é o coeficiente de heterozigosidade ($\delta_k = f_{k_A^P} f_{k_N^A} + f_{k_N^P} f_{k_A^M}$), obtida através da geração paterna (P) e materna (M) por meio da probabilidade que um dos alelos foi derivado da raça Nelore (f_{k_N}) e o outro foi derivado da raça Angus (f_{k_A}) para um lócus

aleatoriamente escolhido de um indivíduo *k*. Além disso, $2[1 - f_k]f_k$ é o coeficiente epistático aditivo x aditivo para o animal *k* baseado na definição de perdas por recombinação de Kinghorn (1993). Por fim u_k é o efeito genético aditivo do animal *k*, assumindo que $u = \{u_k\}\{u_k\}_{k=1}^{13.533} \sim N(0, G)$, em que G é a matriz de (co)variância genética multirracial que é uma função das variâncias genéticas específicas por raça, para Angus $\sigma^2_{g(1)}$ e Nelore $\sigma^2_{g(2)}$, a variância de segregação entre as duas raças $\sigma^2_{s(12)}$ e o parentesco aditivo entre os animais. Por fim, e_{ijk} é o erro residual com distribuição normal homocedástica ($e_{ijk} \sim N(0, \sigma^2_e)$), para todas as combinações *i*, *j* e *k*.

Três modelos foram testados: 1) Modelo Animal Tradicional (MA) - considerando as variâncias genéticas homogêneas entre raças ($\sigma^2_{g(1)} = \sigma^2_{g(2)}$) e a variância de segregação foi igual a zero ($\sigma^2_{s(12)}$=0), em que avaliou-se a população como raça pura; 2) Modelo Animal Multirracial Sem Segregação (MAMSS) - considerando as diferenças das variâncias genéticas entre as raças ($\sigma^2_{g(1)} \neq \sigma^2_{g(2)}$), com variância de segregação igual a zero ($\sigma^2_{s(12)}$ = 0); 3) Modelo Animal Multirracial Com Segregação (MAMCS): considerando que as variâncias genéticas entre raças são diferentes ($\sigma^2_{g(1)} \neq \sigma^2_{g(2)}$) e que existe segregação entre as mesmas ($\sigma^2_{s(12)} \neq 0$).

Posteriormente, testaram-se quatro especificações diferentes da distribuição dos resíduos em um arranjo fatorial 2x2. No primeiro fator definiu-se a natureza da variância homocedástica (HO) e heterocedástica (HE) e no segundo fator, a distribuição marginal dos resíduos, Gaussiano (G) e *t* de Student (T), de acordo com Cardoso et al. (2005), tem-se:

1) THE = erros t de Student heterocedásticos, em que: $\sigma^2_{e_{ik}} = \sigma^2_e \tau_{GC_i} (\gamma_A)^{f_k} (\gamma_D)^{\delta_k} w_k^{-1}$ é a variância residual específica para o registro do animal k, determinada por uma função multiplicativa de uma variância global (σ^2_e) e fatores escalares para GC $\left(\tau_{GC_i}\right)$, proporção da raça Angus (γ_A), heterosigozidade (γ_D), e w_k que é uma variável de ponderação para o registro do animal *k*, cuja distribuição condicional é definida como $w_k \sim Gamma\ (\frac{v_e}{2}, \frac{v_e}{2})$, para todo *k*

com $w_{k,} > 0$, onde $v > 0$ representa os graus de liberdade. A distribuição do GC sobre a variância residual (τ_{GC_i}) foi considerada uma variável aleatória com distribuição a priori $\tau_{GC_i} \sim Gamma^{-1}(\eta, \eta - 1)$ para todo k, $E(\tau_{GC_i}) = 1$ e $Var(\tau_{GC_i}) = \frac{1}{n-2}$, sendo η>1 um parâmetro de heterocedasticidade;

2) THO = erros t de Student homocedásticos, impõe-se que $\tau_{GC_i} = (\gamma_A)^{f_k} = (\gamma_D)^{\delta_k} = 1$, e, portanto, a variância residual para o registro do animal I é homocedástica, dada por $\sigma_e^2 w_I^{-1}$;

3) GHE - erros heterocedásticos com distribuição marginal dos resíduos Gaussianos. Assumiu-se $w_k = 1$ para todo *k*, como segue: $\sigma_{e_{ik}}^2 = \sigma_e^2 \tau_{GC_i} (\gamma_A)^{f_k} (\gamma_D)^{\delta_k} (1)^{-1}$;

4) GHO - erros Gaussianos homocedásticos impõe-se que $\tau_{GC_i} = (\gamma_A)^{f_k} = (\gamma_D)^{\delta_k} = 1$ e $w_k = 1$ e, portanto, $\sigma_{e_{ik}}^2 = \sigma_e^2$.

A variância genética aditiva de um grupo racial g (σ_g^2) formado por duas raças (r=1 e 2) foi obtida pela seguinte fórmula (Lo et al., 1993):

$$\sigma_g^2 = f_1^g \sigma_{g(1)}^2 + f_2^g \sigma_{g(2)}^2 + 2\,(f_1^p f_2^p + f_1^m f_2^m)\sigma_{s(12),}^2$$

em que f_r^i é a fração da raça **r** observada no grupo racial (i=g) e nos grupos paternal (i=p) e maternal (i=m). Consequentemente, a herdabilidade desse grupo é obtida por:

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2}$$

Para estimar os componentes de (co)variâncias usou-se a inferência Bayesiana baseada em métodos de Monte Carlo via Cadeia de Markov (MCMC), com 110.000 iterações, após os 10.000 ciclos iniciais, as amostras foram salvas a cada dez ciclos. O software utilizado para as análises genéticas foi o INTERGEN 1.2 (CARDOSO, 2010). A convergência da Cadeia de Markov foi verificada por meio dos critérios de Heidelberger & Welch (1983) e de Geweke (1992), por meio do pacote Bayesian Output Analysis (BOA) do programa R, versão 3.3.1 (SMITH, 2007)

Para a escolha do melhor modelo foram utilizados os critérios estatísticos de número de parâmetros, Np; informação da deviance, DIC (SPIEGELHALTER et al., 2002); e ordenada preditiva condicional, CPO (GELFAND, 1996).

Foram estimadas as correlações de Spearman baseadas nos valores genéticos para Contagem de Carrapatos pelos modelos testados, de todos os reprodutores da matriz; Posteriormente, ordenaram-se os reprodutores em TOP's 10, 20 e 30 e calculou-se separadamente.

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 foram apresentados os modelos Animal Tradicional (MA), Multirracial Sem Segregação (MAMSS) e Multirracial Com Segregação (MAMCS) com erros Gaussianos homocedásticos (GHO) e heterocedásticos (GHE), pois os modelos que utilizaram erros t de Student não convergiram. Observou-se também que os modelos que melhor se ajustaram ao conjunto de dados foram MA_GHE e MAMCS_GHE.

Entre todas as comparações (homo x heterocedásticas), os critérios estatísticos em 77,77% das comparações efetuadas apontaram os modelos com resíduos heterocedásticos mais adequados do que os homocedásticos.

Ao testar modelos multirraciais (Angus e Nelore), Oliveira et al. (2010) e Prestes (2017) para ganho pós-desmame, relataram superioridade do modelo sem segregação. Por outro lado, BIRCHMEIER et al. (2002) para o peso ao nascer, em população Angus-Hereford e outra Nelore-Hereford, observaram que 11,4 a 16% da variância aditiva total foi explicado pela variância de segregação na F2 e afirmaram que a avaliação genética usando a teoria de covariância multirracial requer a estimativa da variância de segregação.

WINKELMAN & SCHAEFFER (1988) afirmaram que o efeito da heterogeneidade das variâncias é importante para a seleção de vacas, touros jovens e de novilhas, porque estes animais têm registros dentro de um único rebanho/ambiente e assim sua avaliação pode ser

extremamente afetada por diferenças nas variâncias ambientais. Os efeitos de sexo, fazenda, idade do animal, entre outros podem ser classificados como fonte de heterocedasticidade; no caso de populações cruzadas, a composição racial e suas interações gênicas também podem ser consideradas causas de heterocedasticidade (RODRIGUEZ-ALMEIDA et al., 1995; OLIVEIRA et al., 2001; CARDOSO et al., 2005).

Os valores médios dos efeitos genéticos fixos para contagem de carrapatos foram positivos e similares entre o MA_GHE e o MAMCS_GHE (Tabela 2). Ressalta-se que o maior valor foi observado para o efeito aditivo (1,24) seguido do epistático (≅ 0,95) e o de dominância (≅ 0,11), portanto, animais com maior proporção da raça Angus tiveram maior infestação de carrapatos, o que sugere que a contribuição da raça Nelore no cruzamento tem um importante papel no que se refere a resistência a este parasita. Em outras palavras houve perda epistática, de dominância e aditiva a medida que a contribuição linear da raça Angus no cruzamento aumentou. O mesmo não foi observado em características produtivas nos resultados encontrados por Cardoso & Tempelman (2004) em população Nelore e Hereford; Bertoli et al. (2015), Oliveira et al. (2010) e Lopes et al. (2010) em populações Angus-Nelore, para características produtivas, os quais relataram perda apenas para o efeito epistático.

A variância residual obtida pelo MAMCS_GHE foi 46% menor quando comparada a obtida pelo MA_GHE (Tabela 3), o que pode ser explicado pela adequada decomposição dos componentes de variâncias do modelo MAMCS_GHE, que estimou a variância genética das raças Angus e Nelore separadamente e a variância de segregação entre raças, enquanto o MA_GHE estimou apenas uma variância genética, comum para as duas raças. Observou-se que a variância genética estimada pelo MA_GHE foi bem próxima da estimada para a raça Angus pelo MAMCS_GHE, ou seja, a não consideração dos efeitos das duas raças e da segregação promove a superestimação da variância residual obtida pelo MA_GHE.

Ainda na tabela 3 verificou-se que a variância genética estimada pelo modelo MAMCS_GHE para a raça Nelore foi 4,54 vezes maior do que a estimada para a raça Angus. Esta heterogeneidade de variância, resultou em maiores estimativas de herdabilidade para os grupos genéticos com participação da raça Nelore (Figura 1), o que pode tornar o processo de seleção de animais geneticamente superiores mais fácil e eficiente.

As herdabilidades estimadas pelo MA_GHE variaram de 0,12 (5/8AN) a 0,15 (9/16 AN); as estimadas pelo MAMCS_GHE de 0,01 (Angus) a 0,35 (5/8 AN), demonstrando que ao incluir esta característica como critério de seleção em programas de melhoramento, principalmente em populações com maior contribuição da raça Nelore, pode haver progresso genético no curto prazo.

Cardoso et al. (2006) observaram, em bovinos Braford, herdabilidades iguais a 0,34; e Biegelmeyer et al. (2012), na Austrália, onde as condições climáticas são semelhantes às do Brasil, relataram que a seleção de bovinos para resistência ao carrapato, como estratégia de controle, já é utilizada, com boa eficiência. Utech e Wharton (1982), após um período de 15 anos de seleção, em um rebanho Australian Illawara Shorton, observaram que o número de animais com fenótipos de alta resistência aumentou de 89,2% para 99%, sem reflexos negativos sobre a produção leiteira.

A correlação de ordenamento de Spearman entre os valores genéticos preditos para a característica contagem de carrapatos, obtidas pelos modelos MA_GHE e o MAMCS_GHE, considerando todos os reprodutores da população em estudo, foi de 0,94. Resultados similares foram encontrados por Prestes (2017) e Oliveira et al. (2010) em populações Angus/Nelore para a característica de ganho de peso no pós desmame.

Ao considerar os touros TOP 10%, 20% e 30% as diferenças com relação ao ordenamento foram mais evidentes, principalmente para os touros TOP 20% e 30% (Figura 2), em que as correlações de ordenamento de Spearman foram iguais 0,28 e 0,51, respectivamente.

Para os touros TOP 10% a correlação de ordenamento foi mais alta (0,67), todavia, ainda baixa frente a importância da seleção correta de animais geneticamente superiores para promoção do melhoramento genético nas futuras gerações. Adicionalmente, o ordenamento dos reprodutores em uma avaliação genética é um dos fatores que influenciam no preço de comercialização tanto do touro quanto do sêmen, ou seja, o uso de um modelo inapropriado culminará em uma avaliação genética equivocada, o que na prática resultaria em prejuízos econômicos no curto e longo prazo para o produtor.

A maior correlação de ordenamento entre os modelos observada para os touros TOP 10% pode ser atribuída a menor variabilidade genética desta população que está presente no topo da pirâmide, o chamado rebanho núcleo. Em contrapartida, valores menores entre os TOP 20 e 30% podem ser explicados pela menor pressão de seleção dos criadores sobre estes animais. Ainda na figura 2, ao comparar os modelos testados, o MA_GHE, em quase todos os reprodutores, superestimou seus valores genéticos resultando em uma maior amplitude entre os modelos, provavelmente pelo fato do MA_GHE não considerar as variâncias das raças separadamente e também a variância de segregação comprovando que ao considerar estas variâncias de forma adequada, os animais a serem selecionados não são necessariamente os mesmos. De acordo com Prestes (2017), a medida que a intensidade de seleção diminui, a variabilidade genética tende a aumentar juntamente com a classificação dos reprodutores.

Conclusões

A utilização de um modelo inadequado na avaliação genética resulta em erros na decomposição da variância genética e ordenamento equivocado dos reprodutores, o que na prática provoca prejuízos econômicos no curto e longo prazo para o produtor sendo o modelo Animal Multirracial com Segregação com variâncias residuais heterogêneas o mais apropriado na avaliação genética da característica Contagem de Carrapatos de animais produtos do cruzamento Angus-Nelore.

Em ambientes adversos para a criação da raça Angus, o cruzamento com a raça Nelore apresenta-se como uma alternativa eficiente no que se refere a resistência ao carrapato.

Agradecimentos

Ao CNPq – Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pela concessão da bolsa de estudos.

Referências

ARNOLD, J. W.; BERTRAND, J. K.; BENYSHEK, L. L. Animal model for genetic evaluation of multibreed data. **Journal of Animal Science**, v.70, n.11, p.3322-3332, 1992.

BERTOLI, C. D. et al. Modeling breed additive and non-additive genetic effects using a Angus x Nellore crossbred population. **Livestock Science**, n.176, p.1-13, 2015. DOI: 10.1016/j.livsci.2015.03.020.

BIEGELMEYER, P.; NIZOLI, L.Q.; CARDOSO, F.F. et al. Aspectos da resistência de bovinos ao carrapato rhipicephalus (boophilus) *microplus.* **Arch. Zootec.** 61 (R): 1-11. 2012.

BIRCHMEIER, A. N.; CANTET, R. J. C.; FERNANDO, R. L. et al. Estimation of segregation variance for birth weight in beef cattle**. Livestock production science.** 76: 27-35, 2002.

BUDELI, M. A.; NEPHAWE, K. A.; NORRIS, D. et al. Genetic parameter estimates for tick resistance in Bonsmara cattle. **South Africa J. Anim. Sci.** 39: 321-329, 2009.

CARDOSO, F. F. **Aplicação da Inferência Bayesiana no Melhoramento Animal Usando o Programa Intergen: Manual da Versão 1.2**. Embrapa Pecuária Sul, 34p, 2010.

CARDOSO, F. F.; ROSA, G. J. M.; TEMPELMAN, R. J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1766-1779, 2005.

CARDOSO, F. F.; TEMPELMAN, R. J. Hierarchical Bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. **Journal of Animal Science**, v.82, n.6, p.1589-1601, 2004.

CARDOSO, F. F; TEMPELMAN, R. J. Linear reaction norm models for genetic merit prediction of Angus cattle under genotype by environment interaction. **J Anim Sci.** 90:2130–41, 2012.

CARDOSO, V.; FRIES, L.A.; ROSO, V.M. et al. Estimates of heritability for resistance toBoophilus microplus tick evaluated by analternative method in a commercial PolledHereford x Nelore population in Brazil. **WorldCongress on Genetics Applied to Livestock Production**, 8. Proceedings... Belo Horizonte, MG, 2006.

CARVALHEIRO, R.; FRIES, L. A.; SCHENKEL, F. S. et al. Efeitos da heterogeneidade de variância residual entre grupos de contemporâneos na avaliação genética de bovinos de corte. **Rev Bras Zootec**. 31:1680–8, 2002.

GARRICK, D.J.; POLLAK, E. J.; QUAAS, R. L. et al. Variance heterogeneity in direct and maternal weight traits by sex and percent purebred for Simmental-sired calves. **Journal of Animal Science**, v.67, n.10, p.2515-2528, 1989.

GELFAND, A. E. Model determination using sampling-based methods. In: W. R. Gilks, S. Richardson, et al (Ed.). **Markov Chain Monte Carlo in practice**. London: Champman & Hall, 1996. Model determination using sampling-based methods, p.145-161.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M. et al. **Bayesian statistics**. New York: Oxford University, Cap. 4, p.625-631, 1992.

GRISI, L.; LEITE, R. C.; MARTINS, J. R. C. et al. Reassessment of the potential economic impact of cattle parasites in Brazil. **Braz. J. Vet. Parasitol**., Jaboticabal, v. 23, n. 2, p. 150-156, abr.-jun. 2014.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P.D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, p.1109-1144, 1983.

LEMOS, A.M.; TEODORO, R. L.; OLIVEIRA, G. P. et al. Comparative performance of six Holstein-friesian x Guzera grades in Brazil. 3. Burdens of Boophilus microplus under field conditions. **Anim. Prod.**, v.41, n.2, p.187-191, 1985.

LO, L. L.; FERNANDO, R. L.; GROSSMAN, M. Covariance between relatives in multibreed populations: additive model. **Theoretical and Applied Genetics**, v.87, n.4, p.423-430, 1993.

LOPES, J.S. et al. Avaliação do desempenho na pós-desmama para uma população bovina multirracial Aberdeen Angus x Nelore utilizando-se diferentes modelos genéticos. **Arquivos Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.62, n.6, p.1439-1447, 2010. DOI: 10.1590/S0102-09352010000600021.

MILLER, S. Genetic improvement of beef cattle through opportunities in genomics. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.247-255, 2010.

MOTA, R. R.; TEMPELMAN, R. J.; LOPES, P.S. et al. Genotype by environment interaction for tick resistance of Hereford and Braford beef cattle using reaction norm models. **Genetic Selection Evolution**, 48:3, 2016.

OLIVEIRA, C. A. L.; MARTINS, E. N.; FREITAS, A. R. et al. Heterogeneidade de variâncias nos grupos genéticos formadores da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.4, p.1212-1219, 2001.

OLIVEIRA, F. S.; WALKER, C. C.2; JULIANO, R.S et al. Genotipagem de polimorfismos do gene BoLA DRB3.2 em raças bovinas criadas no Brasil. **9ª Jornada Científica Embrapa Gado de Corte**, 2013.

OLIVEIRA, M. M.; CARDOSO, F. F.; OSORIO, J. C. S.; Componentes de variância e parâmetros genéticos em uma população multirracial Nelore-Angus sob enfoque Bayesiano. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.11, p.2426-2433, 2010.

PRAYAGA, K. C.; CORBET, N. J.; JOHNSTON, D. J. et al. Genetics of adaptative traits in heifers and their relationship to growth, pubertal and carcass traits in two tropical beef cattle genotypes. **Anim. Prod. Sci** 45:971-983, 2009.

PRESTES, A. M. Avaliação genética de uma população multirracial Angus-Nelore. 2017. 61 f. **Tese (Doutorado em Zootecnia)** – Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria.

R CORE TEAM (2016). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL https://www.R-project.org/.

RODRIGUEZ-ALMEIDA, F. A.; VAN VLECK, L. D.; CUNDIFF, L.V. et al. Heterogeneity of variance by sire breed, sex, and dam breed in 200-day and 365- day weights of beef-cattle from a top cross experiment. **Journal of Animal Science**, v.73, n.9, p.2579-2588. 1995.

ROSO, V. M.; SCHENKEL, F. S. **AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups**. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, MG, Brasil. August 13-18, 2006. Communication n.27, 26 p.

SMITH, B.J. BOA: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistic Software**, v.21, n.2, p.37, 1997.

SPIEGELHALTER, D. J. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society Series B-Statistical Methodology**, v.64, p.583-616, 2002. DOI: 10.1111/1467-9868.00353.

STEAR, M. J.; WAKELIN, D. Genetic resistance to parasitic infection. **Rev. Sci. Tech**. Apr;17(1):143-53, 1998.

TORRES, R. A.; BERGMANN, J. A. G.; COSTA, C. N. et al. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. **Rev Bras Zootec**. 29:1050–9, 2000.

UTECH, K.B.W. AND WHARTON, R.H. Breeding for resistance to Boophilus microplus in Australian Illawara Shorthorn and Brahman x Australian Illawara Shorthorn cattle. **Aust Vet J,** 58: 41-46, 1982.

WHARTON, R. H.; UTECH, K. B. W. The relation between engorgement and dropping of Boophilus microplus (Canestrini) (Ixodidae) to the assessment of tick numbers on cattle. **Aust. J. Entomol.** 9:171–82 1970.

WINKELMAN, A.; SCHAEFFER, L. R. Effect of heterogeneity of variance on dairy sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.71, n.11, p.3033-3039, 1988.

Tabela 1 - Média da *deviance*, penalização por número de parâmetros (pD), critério de informação da *deviance* (DIC = *deviance* + pD) e *deviance* ordenada preditiva condicional (CPODEV) para os modelos animal tradicional (MA), multirracial sem segregação (MAMSS), com segregação (MAMCS) com erros Gausianos Homocedásticos (GHO) e Heterocedásticos (GHE)

Modelo	***Deviance***	**pD**	**DIC**	**CPODEV**
MA_GHO	3714,85	2033,07	5747,92	6707,74
MA_GHE	3598,75	**1980,20**	5578,95	6645,69
MAMSS_GHO	2607,87	2504,77	5112,64	6620,88
MAMSS_GHE	2851,64	2111,79	4963,43	6582,99
MAMCS_GHO	994,5	3272,15	4266,65	6542,94
MAMCS_GHE	-1305,48	3284,38	**1978,90**	**6094,28**

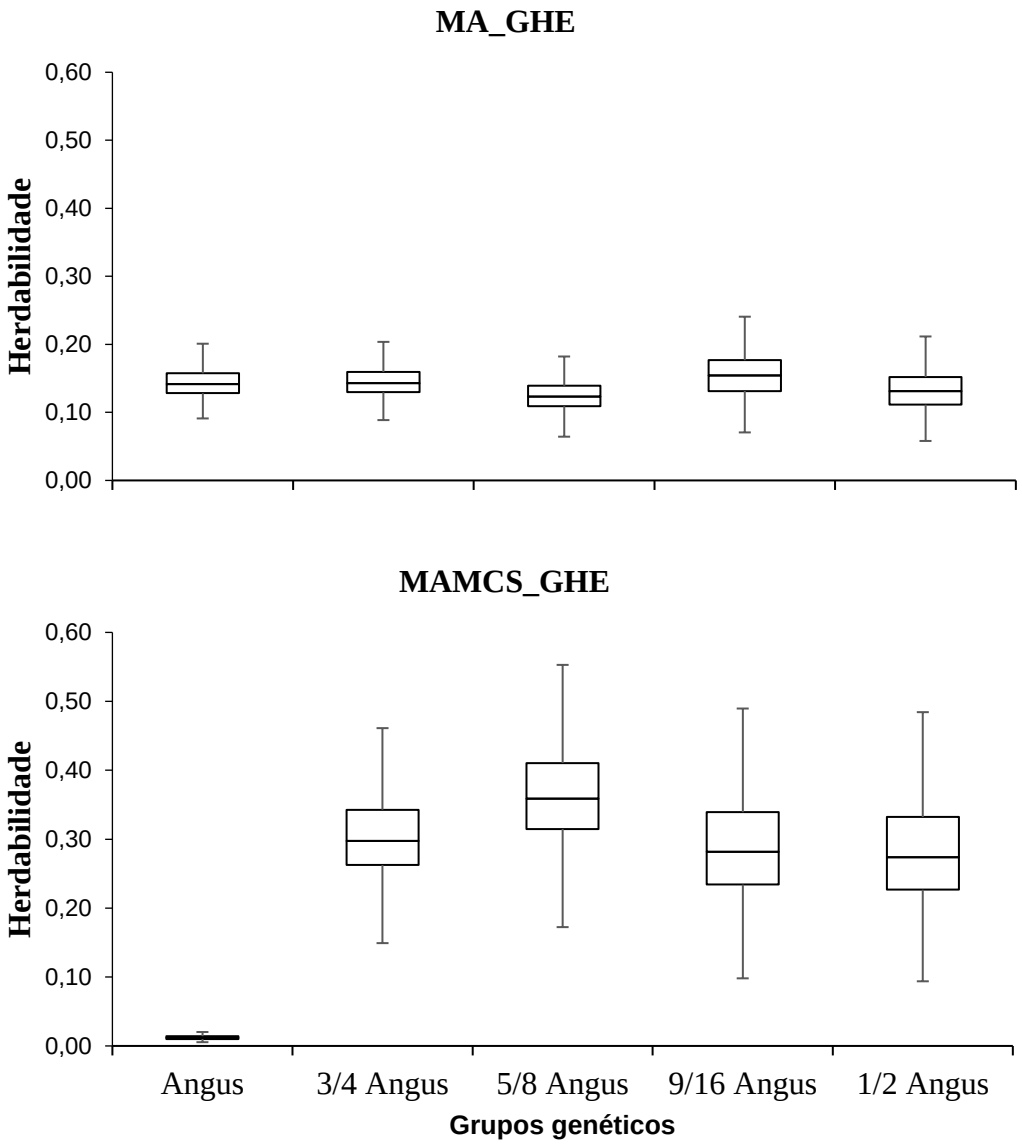

Figura 1 - Distribuição a posteriori da herdabilidade para Contagem de Carrapatos de acordo com os grupos genéticos (GG) e modelos utilizados para uma população multirracial Nelore (N) e Angus (A).

Tabela 2 – Médias e desvios –padrão *a posteriori* dos efeitos genéticos fixos para contagem de carrapato

Efeitos (Parâmetros)	**MA_GHE***	**MAMCS_GHE***
Aditivo	1,24 ± 0,29	1,24 ± 0,35
Dominância	0,11 ± 0,06	0,12 ± 0,06
Epistasia	0,95 ± 0,40	0,97 ± 0,46

*MA_GHE=modelo animal tradicional e MAMCS_GHE = modelo animal multirracial com segregação, ambos com erros Gausianos Heterocedásticos

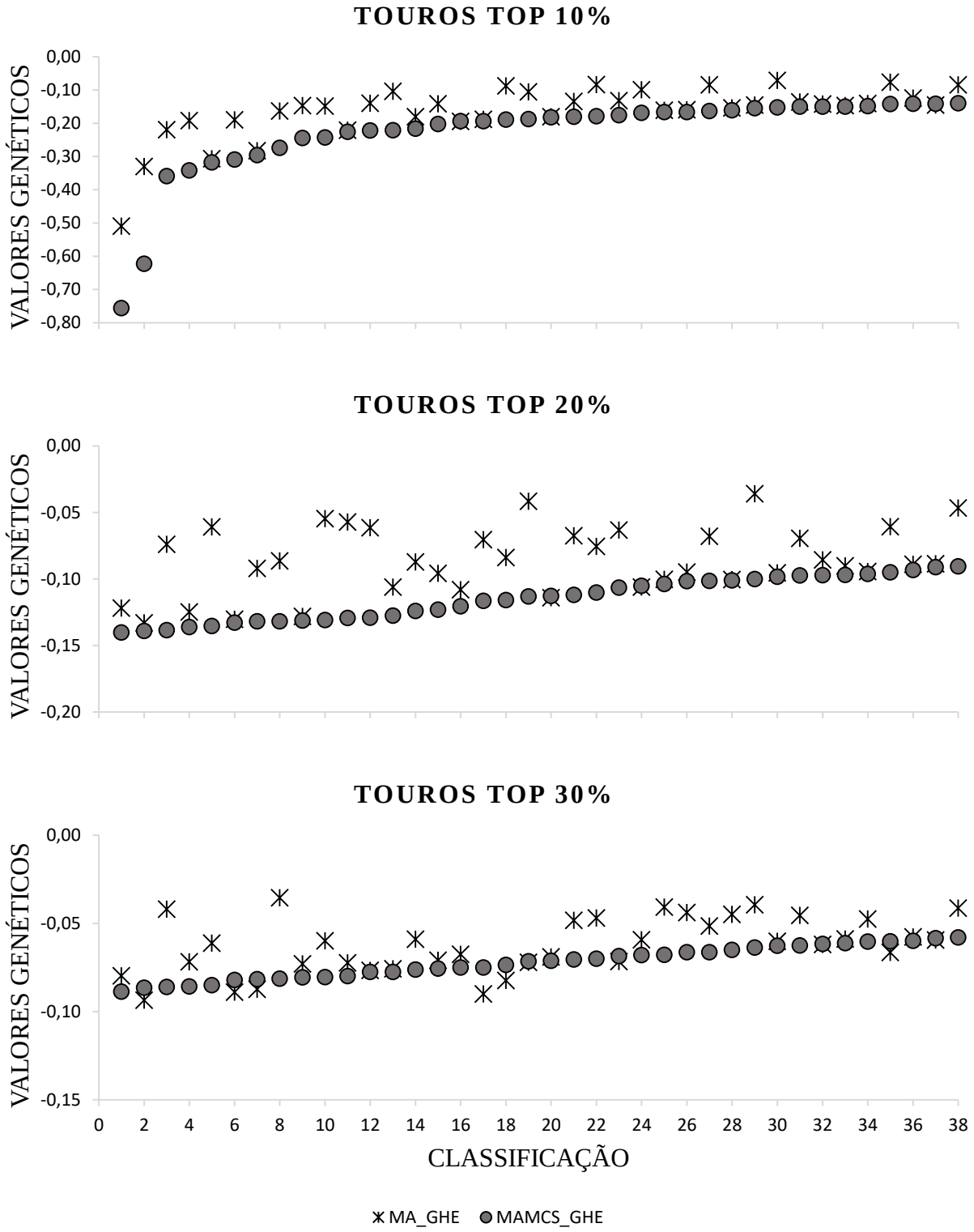

Figura 2 – Valores genéticos preditos para Modelo animal tradicional (MA_GHE) e multirracial com segregação (MAMCS_GHE), ambos com erros heterocedásticos, para a resistência ao carrapato em uma população multirracial Angus-Nelore

Tabela 3 – Variâncias estimadas pelo modelo animal tradicional (MA_GHE) e multirracial com segregação (MAMCS_GHE), ambos com erros heterocedásticos, para a resistência ao carrapato em uma população multirracial Angus-Nelore

Variâncias	Média ± DP	Moda	RC (95%)*
	Modelo: MA_GHE		
Genética	0,032 ± 0,004	0,030	0,025 - 0,040
Residual	0,344 ± 0,069	0,391	0,23 - 0,50
	Modelo: MAMCS-GHE		
Angus	0,035 ± 0,004	0,033	0,028 - 0,045
Nelore	0,159 ± 0,018	0,156	0,130 - 0,200
Segregação	0,025 ± 0,005	0,022	0,018 - 0,035
Residual	0,184 ± 0,058	0,198	0,099 - 0,330

*RC=Região de credibilidade (95%)

5 CONCLUSÕES

A heterocedasticidade encontrada neste rebanho é devido à diferença entre as variâncias das raças Angus e Nelore, sendo que a raça Nelore no cruzamento apresentou um importante papel no que se refere a resistência ao carrapato.

O ordenamento dos reprodutores tende a alterar de acordo com o modelo utilizado na avaliação permitindo valores genéticos mais apurados devido à decomposição da variância genética podendo melhorar o progresso genético das populações. O modelo Animal Multirracial com Segregação com variâncias residuais heterogêneas apresentou como o mais apropriado para a avaliação genética para Contagem de Carrapatos de animais produtos do cruzamento Angus-Nelore.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANDRADE, A.B.F.; SILVA, R.G.; COSTA, A.J. et al. Genetic and Environmental aspects of the resistance of zebu cattle to the tick Boophilus microplus. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, **Armidale**, n.27, p.339-342, 1998.

AYRES, D. R. Análise genética de resistência ao Rhipicephalus (Boophilus) microplus em bovinos cruzados Hereford x Nelore. 2012. 61 f. **Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal)** – Universidade Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho", São Paulo.

BURROW, H.M. Variances and covariances between productive and adaptive traits and temperament in a composite breed of tropical beef cattle**. Livestock Production Science**, v.70, p.213-233, 2001.

CARDOSO, V. Avaliação de diferentes métodos de determinação da resistência genética ao carrapato Boophilus microplus, em bovinos de corte. Jaboticabal: Universidade Estadual de São Paulo, 2000. 108p. **Dissertação (Mestrado em Zootecnia) -** Universidade Estadual de São Paulo, 2000.

CARDOSO, F. F.; ROSA, G. J. M.; TEMPELMAN, R. J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1766-1779, 2005.

CARDOSO, F. F.; TEMPELMAN, R. J. Hierarchical Bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. **Journal of Animal Science**, v.82, n.6, p.1589-1601, 2004. DOI: 10.2527/2004.8261589x.

CARDOSO, V.; ALBUQUERQUE, L. G.; FRIES, L. A. Estimativas de herdabilidade da resistência ao carrapato Boophilus microplus em bovinos de corte. In: Reunião da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 36, 1999, Porto Alegre, RS., **Anais SBZ**: Porto Alegre, 1999. CD ROM.

CARDOSO, V.; QUEIROZ, S.A.; Fries, L.A. Estimates of genotypic effects on pre and post-weaning performance in Hereford×Nelore populations. **Revista Brasileira de Zootecnia**, n. 37, p.1763–1773, 2008. DOI: 10.1590/S1516-35982008001000008.

CARTWRIGH, T. C.; Selection Criteria for Beef Cattle for the Future. **Journal of Animal Science,** volume 30, Issue 5, pg. 706-711, 1970.

CARVALHEIRO, R. et al. Genetic effects on preweaning weight gain of Nelore-Hereford calves according to different models and estimation methods. **Journal Animal Science**, n. 84, p.2925–2933, 2006. DOI: 10.2527/jas.2006-214.

CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.1468-1477, 2009.

DIAS, R.A.P., et al. Multicollinearity in genetic effects for weaning weight in a beef cattle composite population. **Livestock Science**, n.142, p.188–194, 2011. DOI: 10.1016/j.livsci.2011.07.016.

EFFA, K.; WONDATIR, Z.; DESSIE, T. et al. Genetic and environmental trends in the long-term dairy cattle genetic improvement programmes in the central tropical highlands of Ethiopia. **Journal of Cell and Animal Biology** Vol. 5(6), pp. 96-104, June 2011.

ELZO, M. A. Evaluación genética multirracial em poblaciones bovinas. **Rev. Col. Cienc. Pec.** 20:4, 2007.

ELZO, M. A.; BORJAS, A. R. Perspectivas da avaliação genética multirracial em bovinos no Brasil. **Ciência Animal Brasileira**. v. 5, n.4, p.171-185, 2004.

FILHO, V. A. E.; MADALENA, F. E.; L. G. ALBUQUERQUE. et al. Parâmetros genéticos entre características de leite, de peso e a idade ao primeiro parto em gado mestiço leiteiro (Bos taurus x Bos indicus). **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec**. vol.59 no.4 Belo Horizonte 2007.

FRAGA, A. B.; ALENCAR, M.M.; FIGUEIREDO, L.A. et al. Análise de fatores genéticos e ambientais que afetam a infestação de fêmeas bovinas da raça Caracu por carrapatos (*Boophilus microplus*), **Revista Brasileira de Zootecnia,** v.32, n.6 (Supl.1), p.1578-1586, 2003.

GREGORY, K.E., CUNDIFF, L.V., KOCH, R.M. Germplasm utilization in beef cattle. In: **World Congress On Genetics Applied to Livestock Production**, 5, 1994, Guelph. Proceedings... Guelph: University of Guelph, 1994.

GROEN, A. F.; STEINE, T.; COLLEAU, J.; PEDERSEN, J.; PRIBYL, J.; REINSCH, N. Economic values in dairy cattle breeding, with special reference to functional traits. Report of an EAAP-working group. **Livestock Production Science**, v.49, p.1-21, 1997.

LEÃO, G. F. M.; PIVATTO, D. R. D.; CARNIEL, H. et al. Melhoramento genético em zebuínos leiteiros – uma revisão. **Revista ACSA – OJS**, v. 9, n. 4, p. 09 - 14, out - dez, 2013.

LOPES, J. S.; RORATO, P. R. N.; WEBER, T. et al. Avaliação do desempenho na pós-desmama para uma população bovina multirracial Aberdeen Angus x Nelore utilizando-se diferentes modelos genéticos. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec**., v.62, n.6, p.1439-1447, 2010.

LOPES, J. S.; RORATO, P. N. R.; WEBER, T. et al. Metanálise para caracterísicas de carcaça de bovinos de diferentes grupos genéticos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.38, n.8, p.2278-2284, nov, 2008.

KLEI, L. et al. Multiple breed evaluation. In: Proceedings of Research Symposium and Annual Meeting, **Beef Improvement Federation**, Birmingham, AL, USA, pp. 106–113, 1996.

OLIVEIRA, M. M.; CARDOSO, F. F.; OSORIO, J. C. S.; Componentes de variância e parâmetros genéticos em uma população multirracial Nelore-Angus sob enfoque Bayesiano. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.11, p.2426-2433, 2010.

PENNA, V.M. *Boophilus microplus*: A resistência genética do hospedeiro como forma de controle. **Caderno Técnico Escola Veterinária UFMG**, v.4, p.65, 1989.

PRESTES, A. M. Avaliação genética de uma população multirracial Angus-Nelore. 2017. 61 f. **Tese (Doutorado em Zootecnia)** – Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria.

RESENDE, M. D. V; PEREZ, J. R. H. R. Melhoramento Animal: Predição de valores genéticos pelo modelo animal – BLUP em Bovinos de leite, Bovinos de Corte, Ovinos e Suínos. **Arch. Vet. Scienc**. p.17-29, 1999.

ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Avaliação das heteroses materna e individual sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame em bovinos Angus x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.3, p.732-737, 2000.

USDA – United States Departamento f Agriculture. **Estatística**. Disponível em 23/01/2018. Disponível em: https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/livestock_poultry.pdf

VERÍSSIMO, C. J.; SILVA, R. G.; OLIVEIRA, A. A. D. et al. Resistência e susceptibilidade de bovinos leiteiros mestiços ao carrapato boophilus microplus. **B. Indústr. Anim**., N. Idesa, v.54, n.2, p.1-10, 1997.

VILLARES, J.B. Climatologia zootécnica. III. Contribuição ao estudo da resistência e susceptibilidade genética dos bovinos ao Boophilus microplus. **Boletim Indústria Animal**, v.4, n.1, p.60-86, 1941.

WHARTON, R. H.; UTECH, K. B. W. The relation between engorgement and dropping of Boophilus microplus (Canestrini) (Ixodidae) to the assessment to tick numbers on cattle. **Journal Australian Emtomology Soc**., v.9, p.171-182, 1970.

WILKINSON, P. R. Observations on infestations of undipped cattle of bristh with the cattle tick, Boophilus microplus (CANESTRINI). **Australian Journal Research**, v.6, p.655-665, 1955.

WILLIAMS, J. L. et al. Estimation of breed and heterosis effects for growth and carcass traits in cattle using published crossbreeding studies. **Journal Animal Science**, n.88, p. 460–466, 2010. DOI: 10.2527/jas.2008-1628.

WINKELMAN, A.; SCHAEFFER, L. R. Effect of heterogeneity of variance on dairy sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.71, n.11, p.3033-3039, 1988.

APÊNDICE A - Cartão de parâmetros para o modelo animal tradicional com distribuição residual Gaussiana heteroscedástica para o programa INTERGEN 1.2

```
MCMC_CHAIN: TOTAL_CYCLES BURN_IN THINNING_INTERVAL
110000 10000 10
SEED
123
RESTART: Y/N? [CYCLE_TO_RESTART]
n
DATAFILE NAME N_RECORDS
teste.txt 6951
NUMBER_OF_TRAITS
1
NUMBER_OF_EFFECTS
8
OBSERVATION(S)
7
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT
SAVE_SAMPLES? [EFFECT NESTED]
1 13335 cross n  #efeito-animal
2    1 cov   y  #intercepto
3  255 cross n  #grupo-de-contemporaneos
4    1 cov   y  #a3
5    1 cov   y  #d34
6    1 cov   y  #aa34
8    1 cov   y  #idv
9    1 cov   y  #idv2
RANDOM_RESIDUAL: TYPE PRIOR_DEGREES_OF_BELIEF
structural 1
METROPOLIS_STEP_OF_STRUCTURAL_EFFECTS: ROUNDS_WITHIN_CYCLE
TUNING_SKIP
5 10
```

```
NUMBER_OF_STRUCTURAL_EFFECTS
2
STRUCTURAL_EFFECTS: LINE_FROM_EFFECTS_SECTION SAVE_SAMPLES?
4 y
5 y
RESIDUAL_PRIOR_(CO)VARIANCES
1.3075
RANDOM_GROUP
1
RANDOM_TYPE PRIOR_DEGREES_OF_BELIEF
add_animal 1
PEDIGREEFILE: NAME N_ANIMAL N_GENETIC_GROUPS [N_BREEDS]
pedigree_ma.txt 13335 1
(CO)VARIANCES
1.5454
```

APÊNDICE B - Cartão de parâmetros para o modelo animal multirracial com segregação com distribuição residual Gaussiana heteroscedástica para o programa INTERGEN 1.2

```
MCMC_CHAIN: TOTAL_CYCLES BURN_IN THINNING_INTERVAL
110000 10000 10
SEED
123
RESTART: Y/N? [CYCLE_TO_RESTART]
n
DATAFILE NAME N_RECORDS
teste.txt 6951
NUMBER_OF_TRAITS
1
NUMBER_OF_EFFECTS
8
OBSERVATION(S)
7
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT
SAVE_SAMPLES? [EFFECT NESTED]
1 13335 cross n  #efeito-animal
2    1 cov   y  #intercepto
3 255 cross n  #grupo-de-contemporaneos
4    1 cov   y  #a3
5    1 cov   y  #d34
6    1 cov   y  #eaa34
8    1 cov   y  #tka
9    1 cov   y  #tka2
RANDOM_RESIDUAL: TYPE PRIOR_DEGREES_OF_BELIEF
structural 1
METROPOLIS_STEP_OF_STRUCTURAL_EFFECTS: ROUNDS_WITHIN_CYCLE
TUNING_SKIP
5 10
```

```
NUMBER_OF_STRUCTURAL_EFFECTS
2
STRUCTURAL_EFFECTS: LINE_FROM_EFFECTS_SECTION SAVE_SAMPLES?
4 y
5 y
RESIDUAL_PRIOR_(CO)VARIANCES
1.3429
RANDOM_GROUP
1
RANDOM_TYPE PRIOR_DEGREES_OF_BELIEF
add_an_mb 6
PEDIGREEFILE: NAME N_ANIMAL N_GENETIC_GROUPS [N_BREEDS]
pedigree_mr.txt 13335 0 2
MULTIPLE_SIRES: MAXN_FULL [FILE: NAME DIMENSION] [ALPHA_PRIORS]
0
METROPOLIS_STEP_OF_MULTIBREED_(CO)VARIANCES:
ROUNDS_WITHIN_CYCLE TUNING_SKIP
5 10
(CO)VARIANCES
0.5622 0.1677
0.1677 0.8814
```