

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS
ESCOLA DE VETERINÁRIA
Colegiado dos Cursos de Pós-Graduação**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA
CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA AFERIDAS POR
ULTRASSONOGRAFIA E AVALIAÇÃO VISUAL
EM BOVINOS DA RAÇA NELORE**

RAPHAEL ROCHA WENCESLAU

**BELO HORIZONTE
ESCOLA DE VETERINÁRIA – UFMG
2010**

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

RAPHAEL ROCHA WENCESLAU

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS
DE CARCAÇA AFERIDAS POR ULTRASSONOGRRAFIA E AVALIAÇÃO
VISUAL EM BOVINOS DA RAÇA NELORE**

Dissertação apresentada à Escola de Veterinária da
Universidade Federal de Minas Gerais, como
requisito parcial para obtenção do grau de Mestre
em Zootecnia.

Área de Concentração: Genética e Melhoramento
Animal

Orientador: Martinho de Almeida e Silva

Belo Horizonte
UFMG – Escola de Veterinária
2010

À minha família e aos animais.

Dedico.

AGRADEÇO...

A Deus.

À minha família, Wanda (mãe), Maurício (pai), Fernanda e Deborah (irmãs), por me apoiarem incondicionalmente, simplesmente sem pedir nada em troca,

Ao professor Martinho, meu orientador, pelos sábios ensinamentos, pelos exemplos de ética e profissionalismo,

Aos professores Robledo e José Aurélio pelas ótimas contribuições ao trabalho,

Aos Doutores, Antônio do Nascimento Rosa e Paulo Roberto Costa Nobre, pela atenção, disponibilidade, preocupação e conselhos, mesmo em meio a tanta ocupação,

À EMBRAPA-CNPGC / GENEPLUS e todas as pessoas que me ajudaram na elaboração do estudo durante a minha estadia em Campo Grande, Leonardo Nieto, Lucas (Country), Anderson, Raul e tantos outros,

Aos meus amigos de pós-graduação e “das codornas”, Vivian, Bruno, Luciana, Gal, Gerusa, André, Natascha e todas as meninas,

À Universidade Federal de Minas Gerais, à Escola de Veterinária e ao Departamento de Zootecnia pela possibilidade de acontecimento deste trabalho,

À CAPES e ao INCT/FAPEMIG pelo fundamental apoio financeiro,

À todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste sonho.

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO GERAL	12
2.	REVISÃO DE LITERATURA	13
2.1	Características de Peso.....	13
2.2	Utilização da ultrassonografia para avaliação de características de carcaça.....	13
2.3	Utilização da conformação frigorífica para avaliação de características de carcaça.....	15
2.4	Métodos para obtenção de estimativas de componentes de (co)variância.....	16
2.5	Inferência Bayesiana.....	17
2.6	Modelos de Limiar.....	18
3.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	19
	CAPÍTULO 1	
	ESTIMATIVAS DE COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA PARA CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA AVALIADAS POR ULTRASSONOGRÁFIA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE	
	RESUMO.....	24
	ABSTRACT.....	24
1.	INTRODUÇÃO.....	25
2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	25
3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	27
4.	CONCLUSÕES.....	28
5.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	29
	CAPÍTULO 2	
	ESTIMATIVAS DE COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA PARA PESO E CONFORMAÇÃO FRIGORÍFICA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE EM DIFERENTES IDADES	
	RESUMO.....	31
	ABSTRACT.....	31
1.	INTRODUÇÃO.....	32
2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	33
3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	37
4.	CONCLUSÕES.....	41
5.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	41
	CAPÍTULO 3	
	UTILIZAÇÃO DE MODELOS LINEARES E DE LIMIAR PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DA CONFORMAÇÃO FRIGORÍFICA EM BOVINOS NELORE	
	RESUMO.....	44
	ABSTRACT.....	44
1.	INTRODUÇÃO.....	45
2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	46

3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	50
4.	CONCLUSÕES.....	55
5.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	55

LISTA DE TABELAS

REVISÃO DE LITERATURA

TABELA 1 -	Estimativas de correlações genéticas de área de olho de lombo (AOL) e de espessura de gordura subcutânea (EGS) medidas diretamente na carcaça e por meio da ultrassonografia segundo alguns autores.....	14
------------	--	----

CAPÍTULO 1

TABELA 1 -	Estatística descritiva dos dados de ultrassonografia.....	26
------------	---	----

CAPÍTULO 2

TABELA 1 -	Estatística descritiva do peso e da conformação frigorífica à desmama, referente ao primeiro conjunto de dados.....	33
------------	---	----

TABELA 2 -	Estatística descritiva do peso e da conformação frigorífica ao sobreano, referente ao segundo conjunto de dados.....	34
------------	--	----

TABELA 3 -	Estatística do peso e da conformação frigorífica à desmama e ao sobreano, referente ao terceiro conjunto de dados.....	35
------------	--	----

TABELA 4 -	Componentes de (co)variância do peso à desmama, peso ao sobreano, conformação frigorífica à desmama e conformação frigorífica ao sobreano estimados por análises referentes aos diferentes bancos de dados.....	37
------------	---	----

TABELA 5 -	Estimativas de herdabilidade (diagonal) e correlação genética (acima da diagonal) para peso à desmama (PD) e conformação frigorífica à desmama (CFD), referentes ao primeiro conjunto de dados	38
------------	--	----

TABELA 6 -	Estimativas de herdabilidade (diagonal) e correlação genética (acima da diagonal) para peso ao sobreano (PS) e conformação frigorífica ao sobreano (CFS) referentes ao segundo conjunto de dados.....	38
------------	---	----

TABELA 7 -	Estimativas de herdabilidade (diagonal) e correlação genética (acima da diagonal) para peso e conformação frigorífica à desmama e para peso e conformação frigorífica ao sobreano referentes ao terceiro conjunto de dados.....	39
------------	---	----

CAPÍTULO 3

TABELA 1 -	Estatística descritiva da conformação frigorífica à desmama e conformação frigorífica ao sobreano.....	46
------------	--	----

TABELA 2 -	Componentes de (co)variância para os efeitos genéticos aditivos diretos, genéticos aditivos maternos e residuais da característica conformação frigorífica à desmama obtidos por meio de modelo linear e de limiar via inferência bayesiana.....	50
------------	--	----

TABELA 3 -	Componentes de (co)variância para os efeitos genéticos aditivos diretos, genéticos aditivos maternos e residuais da característica conformação frigorífica ao sobreano obtidos por meio de modelos lineares e de limiar via inferência bayesiana.....	51
------------	---	----

TABELA 4 -	Correlação de Spearman entre os valores genéticos aditivos diretos e valores genéticos aditivos maternos para a conformação frigorífica à desmama.....	53
------------	--	----

TABELA 5 - Correlação de Spearman entre os valores genéticos aditivos diretos e valores genéticos aditivos maternos para a conformação frigorífica ao sobreano.....	53
TABELA 6 - Porcentagem de animais em comum dentre os 20% melhores valores genéticos aditivos diretos e aditivos maternos para conformação frigorífica à desmama avaliados por meio de diferentes análises.....	54
TABELA 7 - Porcentagem de animais em comum dentre os 20% melhores valores genéticos aditivos diretos e aditivos maternos para conformação frigorífica ao sobreano avaliados por meio de diferentes análises.....	54

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 2

FIGURA 1 - Distribuição por categoria de avaliação dos dados de conformação frigorífica à desmama referentes ao primeiro arquivo de dados.....	34
FIGURA 2 - Distribuição por categoria de avaliação dos dados de conformação frigorífica ao sobreano referentes ao segundo arquivo de dados.....	34
FIGURA 3 - Distribuição por categoria de avaliação dos dados de conformação frigorífica à desmama referentes ao terceiro arquivo de dados.....	35
FIGURA 4 - Distribuição por categoria de avaliação dos dados de conformação frigorífica ao sobreano referentes ao terceiro arquivo de dados.....	35

CAPÍTULO 3

FIGURA 1 - Distribuição por categoria de avaliação dos dados observados de conformação de frigorífica à desmama.....	47
FIGURA 2 - Distribuição por categoria de avaliação dos dados observados de conformação frigorífica ao sobreano.....	47
FIGURA 3 - Densidade marginal <i>a posteriori</i> , média e HPD 95% da herdabilidade da conformação frigorífica à desmama obtidas por meio do modelo linear e de limiar sob inferência bayesiana.....	51
FIGURA 4 - Densidade marginal <i>a posteriori</i> , média e HPD 95% da herdabilidade da conformação frigorífica ao sobreano obtidas por meio do modelo linear e de limiar sob inferência bayesiana.....	52

1. INTRODUÇÃO GERAL

A pecuária nacional passa por grandes avanços tecnológicos em busca de se firmar como maior exportadora mundial de carne bovina. De acordo com a Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne (ABIEC), no ano de 2007, o Brasil possuía um rebanho bovino com cerca de 193,2 milhões de animais e exportou aproximadamente 2,350 milhões de toneladas de carcaça equivalente, o que gerou uma receita de US\$4.500.000.000,00.

O gado zebuino (*Bos indicus*) representa cerca de 80% do rebanho bovino brasileiro, sendo que aproximadamente 70% destes são da raça Nelore. A representatividade da raça Nelore provém da sua adaptabilidade ao ambiente tropical, onde apresenta alta fertilidade, resistência a endoparasitos e ectoparasitos, longevidade e eficiência em conversão de gramíneas de baixa qualidade em proteína animal (FARIA et al., 2007).

Apesar de o Brasil ter grande participação no mercado mundial de carnes, a classificação de carcaças no frigorífico e o desenvolvimento de um sistema de determinação da qualidade de carcaça ainda são incipientes (SUGISAWA, 2002). A falta de uniformidade das carcaças e a cobertura de gordura subcutânea não satisfatória representam algumas das principais dificuldades da indústria de carne (SHACKELFORD et al., 1991). Desta maneira, melhorar os índices zootécnicos da raça Nelore é fundamental para que o Brasil possa apresentar maior competitividade no mercado internacional. Países que seriam potenciais consumidores de carne brasileira remuneram melhor a alta qualidade. Assim, a oportunidade de agregar valor está intimamente ligada à capacidade de identificar e oferecer produto de qualidade. Porém, os programas de melhoramento de gado destinados à produção de carne existentes no país ainda enfatizam, de modo geral, características de crescimento e

perímetro escrotal em detrimento das características de carcaça (YOKOO, 2005). É consenso que a seleção de bovinos de corte não deve ser baseada somente em pesos e que outras características de interesse econômico devem ser incluídas no índice de seleção. Assim, faz-se necessário definir um conjunto de características a serem selecionadas para obtenção de animais funcionais, adequados ao meio de produção e bioeconomicamente eficientes (FARIA et al., 2007).

Há diversos métodos de se obterem informações sobre características de carcaça de bovinos. A utilização de metodologias que implicam o abate do animal para avaliar a qualidade da carcaça é desvantajosa. O elevado custo desses testes limita o número de animais avaliados, o que causa redução na intensidade de seleção e, conseqüentemente, no ganho genético. Desta forma, a ultrassonografia e a avaliação visual dos animais *in vivo* surgem como alternativas de avaliação de características de carcaça economicamente interessantes.

A estimação de parâmetros genéticos é de fundamental importância para o delineamento de programas de seleção e permite antever o ganho genético para as características. Portanto, estimar herdabilidades e correlações genéticas das características de qualidade de carcaça é essencial para o estabelecimento de critérios de seleção de programas de melhoramento de bovinos de corte que visem à melhoria da carne bovina brasileira. A escassez de estudos científicos que possam subsidiar os programas de melhoramento em gado de corte com vistas à melhoria da qualidade da carcaça de animais Nelore norteou esta pesquisa, que teve por objetivos: estimar componentes de (co)variância e herdabilidades da área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EG), assim, como a correlação genética entre elas; estimar componentes de

(co)variância e herdabilidades para as características de conformação frigorífica à desmama, conformação frigorífica ao sobreano, peso à desmama, peso ao sobreano, assim como as correlações genéticas entre elas; utilizar modelos lineares e modelo de limiar para estimar componentes de (co)variância e herdabilidades das características de conformação frigorífica à desmama e conformação frigorífica ao sobreano.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Características de peso

A taxa de crescimento possui grande importância econômica para a produção comercial de gado de corte. Conseqüentemente, algumas medidas de crescimento são incorporadas aos programas de melhoramento animal existentes, sendo o peso à desmama e o peso ao sobreano duas das características de crescimento mais utilizadas (FRAHM et al., 1985). Segundo Alencar (2002), essas características são de fácil obtenção e apresentam herdabilidade de média a alta magnitude, o que sugere elevado progresso genético como resposta à seleção.

O peso à desmama é utilizado para avaliar a habilidade materna da vaca e o potencial de desenvolvimento do bezerro (ALENCAR, 2002). Já o ganho de peso pós-desmama (peso ao sobreano) permite avaliação do potencial genético de crescimento do indivíduo, visto que não é mais influenciado pelo efeito materno (BOLIGON et al., 2006). As estimativas de herdabilidade para peso à desmama na raça Nelore variaram de 0,13 a 0,48, segundo trabalhos revisados (GRESSLER et al., 2005; GARNERO et al., 2001; KOURY FILHO, 2005; LAUREANO et al., 2004; NOBRE et al., 2003; YOKOO, 2005). Para peso ao sobreano, as estimativas de herdabilidade observadas variaram de 0,17

a 0,48 (COSTA et al., 2004; GARNERO et al., 2001; KOURY FILHO, 2005; NOBRE et al., 2003; YOKOO, 2005). As correlações genéticas entre o peso à desmama e o peso ao sobreano estimadas por Koury Filho (2005) e Yokoo (2005) foram altas e positivas, o que sugere que são os mesmos conjuntos de genes de ação aditiva que atuam sobre as duas características, portanto progressos genéticos para peso nas diferentes idades podem ser obtidos por resposta correlacionada.

2.2 Utilização da ultrassonografia para avaliação de características de carcaça

A técnica de ultrassonografia está disponível para avaliação de carcaça e composição corporal de bovinos desde os anos 50. Basicamente, a possibilidade de utilização do ultrassom para análise de tecidos de animais deve-se à diferença de impedância existente nos diversos tecidos (resistência que estes oferecem para a passagem de ondas sonoras). Assim, a diferença de reflexão das ondas pelos tecidos faz gerar diferentes imagens (THWAITES, 1984). A ultrassonografia é ferramenta objetiva para avaliar qualidade da carcaça e fornece, em tempo real, valores acurados para seleção de musculosidade, cobertura de gordura e rendimento de carne (PERKINS et al., 1992a; HERRING et al., 1998). Trata-se de método rápido, não invasivo e que não deixa resíduos nocivos na carne dos animais (YOKOO, 2008a). A utilização dessa metodologia apresenta algumas vantagens em relação à mensuração das características de carcaça obtidas após abate. A ultrassonografia permite a análise mais precoce dos animais para seleção sem necessidade de abate, o custo da avaliação individual é menor do que o custo do teste de progênie, e, em alguns casos, as herdabilidades de medidas tomadas por

meio de ultrassom são maiores do que as das medidas realizadas diretamente no animal pós-abate (SAINZ e ARAÚJO, 2002).

Em bovinos de corte, duas das características obtidas por meio de ultrassonografia são a área de olho de lombo (AOL) e a espessura de gordura subcutânea (EGS). A área de olho de lombo é característica coletada transversalmente no músculo *Longissimus dorsi*, na região entre a 12^a e 13^a costelas, e é expressa em cm². Segundo Figueiredo (2001), a AOL está relacionada à quantidade de músculo, ao rendimento da carcaça e, principalmente, aos cortes de alto valor comercial. A espessura de gordura subcutânea é característica também mensurada entre a 12^a e 13^a costelas. Quantifica a espessura de gordura subcutânea sobre o músculo

Longissimus dorsi e é expressa em milímetros. A EGS possui grande importância na industrialização da carne, sendo de fundamental importância no processo de resfriamento. A presença de camada de gordura subcutânea previne a perda excessiva de água, que ocasiona perda de peso e escurecimento da carcaça. Também está relacionada à prevenção do encurtamento das fibras musculares e do endurecimento da carne (FIGUEIREDO, 2001).

Como podem ser observadas na Tabela 1, as características de carcaça AOL e EGS medidas pela ultrassonografia apresentam estimativas de correlações genéticas positivas de magnitudes moderadas com as mesmas características obtidas diretamente na carcaça dos animais após o abate.

Tabela 1. Estimativas de correlações genéticas de área de olho de lombo (AOL) e de espessura de gordura subcutânea (EGS) medidas diretamente na carcaça e por meio da ultrassonografia segundo alguns autores

Autor	Característica	
	AOL	EGS
STOUFFER et al. (1989)	0,76	0,86
PERKINS et al. (1992a)	0,60	0,75
PERKINS et al. (1992b)	0,82	0,86
MOSER et al. (1998)	0,66	0,69
MAY et al. (2000)	0,61	0,81

Os resultados de correlações genéticas observados na Tabela 1 são semelhantes aos relatados por Silva (2003), que observou estimativas de 0,74 e 0,87 para a correlação genética entre as medidas de ultrassonografia e as características área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea *pós mortem*. Reverter et al. (2000) observaram correlações que variaram de 0,87 a 0,94 entre características de carcaça medidas diretamente no animal após abate e medidas por ultrassonografia em touros das raças Hereford e Angus.

Segundo Lima Neto et al. (2009), as repetibilidades em animais Guzerá para a coleta de imagens de ultrassonografia e a interpretação laboratorial são de 0,39 e 0,75 para AOL e EGS, respectivamente. Já Araújo (2003) observou estimativas de 0,44 e 0,62 para AOL e espessura de gordura medida na garupa, ao trabalhar com animais da raça Nelore. Hassen et al. (1998) avaliaram a repetibilidade das medidas de ultrassom e concluíram que AOL e EGS podem ser medidas com precisão e apresentam alta repetibilidade.

As herdabilidades estimadas para a característica área de olho de lombo, em que se avaliaram dados de animais zebuínos, são escassas e variam de 0,29 a 0,41 (ARAÚJO et al., 2003; FIGUEIREDO, 2001; LIMA NETO et al., 2009; YOKOO et al., 2008a; YOKOO et al., 2008b). Em trabalhos científicos, que utilizaram dados de animais europeus, observaram-se estimativas de herdabilidade da AOL que variam de 0,03 a 0,80 (MOSER et al., 1998; REVERTER et al., 2000; ROBINSON et al., 1993; SHEPARD et al., 1996).

Resultados de estimativas de herdabilidade observados na literatura para EGS de animais zebuínos variam de 0,04 a 0,55 (ARAÚJO et al., 2003; FIGUEIREDO et al., 2001; LIMA NETO et al., 2009; YOKOO et al., 2008a; YOKOO et al., 2008b), e estimativas de herdabilidade da EGS de animais de origem taurina variam de 0,04 a 0,56 (MOSER et al., 1998; REVERTER et al., 2000; ROBINSON et al., 1993; SHEPARD et al., 1996).

Os resultados observados de estimativas de correlação genética entre AOL e EGS são discrepantes e variam de baixa a moderada magnitude (FIGUEIREDO et al., 2001; LIMA NETO et al., 2009; REVERTER et al., 2000; YOKOO et al., 2008a), o que sugere que progresso genético pode ser alcançado com a seleção de uma característica sem influir drasticamente no ganho genético da outra.

2.3 Utilização da conformação frigorífica para avaliação de características de carcaça

O objetivo atual no melhoramento de bovinos de corte é obter animais mais precoces para acabamento de gordura subcutânea, os quais são mais viáveis economicamente, pois permanecem menos tempo em terminação nas pastagens ou sob

confinamento. Porém, a seleção de animais somente para peso e ganho de peso não é suficiente para atingir esse objetivo (KIIPERT et al., 2006). Segundo Cardoso et al. (2001), um programa de melhoramento genético animal baseado unicamente em características de desenvolvimento ponderal, como ganho de peso, não seria adequado, uma vez que a composição corporal não pode ser ignorada quando há interesse em satisfazer os padrões estabelecidos pelo mercado consumidor. A necessidade de se definirem índices de seleção que visem à melhoria da qualidade de carcaça gera mudanças nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte. Consequentemente, as características de carcaça obtidas por avaliação visual poderão ser incluídas nos critérios de seleção por serem importantes ferramentas para identificação de biótipos exigidos pelo mercado (FARIA et al., 2007).

Métodos que visem à obtenção indireta de características relacionadas à precocidade de terminação e à composição de carcaça por meio de avaliação visual dos animais têm sido estudados. Esses métodos garantem grande número de animais avaliados sem manuseio excessivo, o que minimiza o estresse, torna o processo mais ágil e de menor custo. Segundo May et al. (2000), a utilização de escores pode ser ferramenta viável de avaliação da composição de carcaça de bovinos.

As características que têm sido consideradas para a avaliação visual são a conformação (C), que procura avaliar o potencial de produção de carne com relação à estrutura corporal, a precocidade (P), que busca o maior acabamento de gordura com a menor idade possível, e a musculosidade (M), que avalia o desenvolvimento das massas musculares do animal (BARICHELLO, 2007). Porém, como utilização de escores para avaliação da carcaça de animais *in vivo*, o Programa

Embrapa de Melhoramento de Gado de Corte – Geneplus, utiliza a característica de conformação frigorífica, visando à maior praticidade e ao maior entendimento da coleta de dados (TORRES JÚNIOR et al., 2005).

A conformação frigorífica é característica discreta que tem como base a avaliação comparativa dos animais, que são alocados em categorias que variam de um a seis. A avaliação é feita dentro de grupos contemporâneos, ou seja, com animais em idades semelhantes, sob mesmo manejo alimentar e sanitário, e do mesmo sexo. Estrutura, musculosidade e precocidade devem ser avaliadas em conjunto ao compor uma nota única, que representa a característica de conformação frigorífica. A estrutura é a característica representada pelas dimensões de comprimento, profundidade e arqueamento de costelas do animal. A musculosidade refere-se à quantidade e a forma da massa muscular que cobre a estrutura do animal. E a precocidade indica a quantidade de cobertura de gordura sobre a carcaça do animal. Portanto, o biótipo mais desejável é aquele que apresenta maior nota para a característica de conformação frigorífica.

As estimativas de herdabilidade para escores de avaliação visual de conformação, precocidade e musculosidade à desmama, observadas na literatura, variam de 0,13 a 0,36 (CARDOSO et al., 2001; CARNEIRO, 2007; KOURY FILHO, 2005). Para a conformação frigorífica à desmama em animais da raça Canchim, Barichello (2007) relatou herdabilidades que variaram de 0,17 a 0,27.

Apesar de não terem sido encontrados trabalhos científicos que avaliam a característica de conformação frigorífica ao sobreano, as estimativas de herdabilidade para outras características de carcaça avaliadas por escores visuais similares a esta variaram de 0,10 a 0,63 (CARDOSO et

al., 2004; FARIA et al., 2008; KOURY FILHO, 2005; VAN MELIS et al., 2003).

As estimativas das correlações genéticas entre as características de escores visuais de conformação, precocidade e musculosidade à desmama e ao sobreano são positivas e de alta magnitude (CARDOSO et al., 2004; KOURY FILHO, 2005), assim como as estimativas de correlações genéticas entre as características de desenvolvimento ponderal (peso à desmama e ao sobreano) e C, P e M obtidas em diferentes épocas da vida dos animais (CARDOSO et al., 2004; KOURY FILHO, 2005). Barichello (2007) estimou a correlação genética entre o peso à desmama e a conformação frigorífica à desmama de animais Canchim em 0,61.

2.4 Métodos para obtenção de estimativas de componentes de (co)variância

Atualmente, a avaliação genética de animais é baseada na metodologia de modelos mistos proposta por Henderson (1973). Essa metodologia consiste em simultaneamente prever os valores genéticos e estimar os efeitos fixos. Para a obtenção desses preditores e estimadores, considera-se que os componentes de (co)variância são previamente conhecidos. Como esses parâmetros de dispersão são tipicamente desconhecidos, torna-se necessário estimá-los.

Segundo Silva et al. (2008), alguns dos métodos desenvolvidos para estimação dos componentes de (co)variância são os métodos de Henderson 1, 2, 3 e 4 (HENDERSON, 1953), o estimador quadrático não viesado de variância mínima, MIVQUE (RAO, 1971), o método de máxima verossimilhança, ML (HARTLEY e RAO, 1967), e o método da máxima verossimilhança restrita, REML (PATTERSON e THOMPSON, 1971).

A estimação dos componentes de (co)variância pela análise de variância (métodos de Henderson 1, 2, 3 e 4) utiliza os quadrados mínimos ordinários no seu desenvolvimento e depende de que os dados analisados sejam balanceados. Os métodos ML e REML, por outro lado, podem ser utilizados para análise de dados desbalanceados. O método ML consiste em, ao se dispor do vetor de observações, maximizar a função de verossimilhança em relação aos parâmetros do modelo amostral (médias e componentes de variância no caso em que os dados são considerados como amostrados de distribuição multinormal). Estimadores ML dos componentes de (co)variância não levam em consideração a perda de grau de liberdade causada pela estimação dos efeitos fixos (BLASCO, 2001). A correção deste viés é realizada pela utilização de métodos de REML, que se baseiam na projeção do vetor de observações em um subespaço livre de efeitos fixos e maximização da função de verossimilhança nesse subespaço. Atualmente, o REML é o método de escolha para estimação de componentes de (co)variância, e seu uso é intensificado pela disponibilidade de vários programas computacionais que utilizam diferentes algoritmos para obter o estimador (BLASCO, 2001; FÁRIA et al., 2007).

2.5 Inferência bayesiana

De posse dos dados, o objetivo da análise estatística no contexto bayesiano é descrever a incerteza a respeito do valor real do parâmetro (θ), com a utilização de uma distribuição de probabilidade como medida dessa incerteza. Por outro lado, na inferência frequentista os parâmetros são valores pontuais, aos quais não se associa qualquer distribuição (GIANOLA e FERNANDO, 1986; BLASCO, 2001). Os métodos de probabilidade inversa são baseados no teorema de Bayes. Segundo Gianola e Fernando (1986), para se obter a

distribuição *a posteriori* de $f(\theta | y)$, há a necessidade de derivar a distribuição de probabilidade conjunta de θ e y , que poderia ser escrita como produto de duas densidades: a distribuição *a priori* $f(\theta)$ e a distribuição amostral $f(y | \theta)$. Da teoria básica da probabilidade, mostra-se que:

$$P(A,B) = P(A|B) P(B) = P(B|A) P(A)$$

Assim, com base no teorema de Bayes pode-se escrever:

$$P(A|B) = P(A,B) / P(B) = P(B|A) P(A) / P(B),$$

portanto,

$$f(\theta | y) = f(\theta, y) / f(y) = f(y | \theta) f(\theta) / f(y),$$

em que $f(\theta | y)$ é a função de probabilidade *a posteriori* de θ , $f(\theta)$ é a função de probabilidade *a priori* de θ , $f(y | \theta)$ é a função de verossimilhança (uma vez que a expressão é função de θ e não de y) e $f(y)$ é a função de distribuição marginal das observações. Esta última distribuição não depende de θ , de modo que o teorema de Bayes pode ser apresentado da seguinte forma:

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

Para se obter a distribuição *a posteriori* de determinado parâmetro é necessário integrar a função $f(\theta | y)$ em relação a todos os outros parâmetros que a constituem. Contudo, a resolução analítica dessa integral é de difícil execução para a maioria dos modelos utilizados em melhoramento animal. Por esse motivo, métodos de aproximação numérica, especificamente os métodos de Monte Carlo baseados em Cadeias de Markov

(MCMC), contribuem substancialmente para a exequibilidade da inferência bayesiana (SORENSEN, 1994). Dentre os métodos de MCMC, destaca-se, pela sua utilização, o amostrador de Gibbs, que constitui um procedimento de integração numérica utilizado para estimar as distribuições conjuntas e marginais de todos os parâmetros do modelo, por meio de reamostragem de todas as distribuições condicionais da cadeia de Markov (BLASCO, 2001).

2.6 Modelos de Limiar

Duas grandes classes de características são utilizadas como subsídio de análises no melhoramento animal: contínuas e discretas. Muitas características de importância econômica, como, por exemplo, resistência a parasitos, facilidade de parto, número de leitões nascidos, condição corporal, apresentam distribuição descontínua dos fenótipos (ABDEL-AZIM e BERGER, 1999). Caso os valores genéticos a serem estimados e os dados apresentem distribuição normal multivariada, o BLUP (melhor preditor linear não viesado) torna-se o método de escolha (GIANOLA e FOULLEY, 1983). Porém, as variáveis categóricas violam várias pressuposições da avaliação por modelos lineares mistos. Assim, os procedimentos lineares são descritos como não apropriados para quantificar a natureza discreta dos dados (GIANOLA, 1982; ABDEL-AZIM e BERGER, 1999). Uma solução para esse problema seria, portanto, a utilização de modelos de limiar, em que se assume a existência de uma variável subjacente com distribuição contínua em relação à variável discreta, sendo que a resposta de uma categoria é observada se o seu valor na escala subjacente estiver localizado entre os limiares fixos que definem essa categoria (GIANOLA e FOULLEY, 1983; SORENSEN et al., 1995; FALCONER e MACKAY, 1996). Dessa forma, a variável subjacente é

descrita pelo modelo linear, mas a relação da escala subjacente com a observada é não linear (FARIA et al., 2007).

Baseados no conceito de limiar, vários trabalhos desenvolveram a utilização de modelos não lineares para avaliação de características categóricas na área de melhoramento. O conceito de distribuição subjacente e de limiar foi concebido primeiramente por Wright (1934), citado por Van Tassel (1998), ao estudar o número de dedos em porcos-da-índia. Gianola e Foulley (1983) descreveram o modelo de limiar utilizando a inferência bayesiana com limiares e componentes de variância conhecidos para análise unicaracterística. Foulley et al. (1983) desenvolveram método de análise simultânea de características categóricas e contínuas no mesmo modelo. Janss e Foulley (1993) estenderam este modelo e propuseram a presença de dados perdidos na avaliação. E, finalmente, Hoeschele et al. (1995) ampliaram os modelos até então desenvolvidos para permitir análise conjunta de características de distribuição discreta com múltiplas categorias e várias características com distribuição contínua. Outros trabalhos que utilizam o conceito de limiar são encontrados na literatura para análise não linear via inferência bayesiana (GIANOLA e FERNANDO, 1986; HOESCHELE e TIER, 1995; SORENSEN et al., 1995; MORENO et al., 1997; VAN TASSEL et al., 1998).

Alguns autores realizaram estudos sobre a utilização dessa nova metodologia para estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de interesse econômico. Ramirez-Valverde et al. (2001) compararam a acurácia de diferentes modelos lineares e não lineares na predição de valores genéticos de animais Gelbvieh para dificuldade de parto. Os autores observaram que o modelo animal limiar foi melhor para predição dos valores genéticos do que o modelo animal linear. Já

Marcondes et al. (1995), ao compararem as previsões dos valores genéticos de animais Nelore para a característica permanência no rebanho referentes ao modelo de limiar e linear, sugeriram a utilização do segundo, por apresentar menos dispêndio computacional. Resultados semelhantes foram observados por Matos et al. (1997), ao estudarem características reprodutivas em ovelhas das raças Rambouillet e Finnsheep. Faria et al. (2008) compararam a utilização de modelos lineares e de limiar unicaracterísticos e bicaracterísticos, via inferência bayesiana na estimação de componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos de animais Nelore para características morfológicas. Os autores concluíram que não houve diferença entre o modelo linear e de limiar na obtenção de parâmetros genéticos e na classificação dos animais quanto aos valores genéticos preditos.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDEL-AZIM, G.A.; BERGER, P.J. Properties of threshold model predictions. *J. Anim. Sci.* v.77, p. 582-590, 1999.

ALENCAR, M.M. Critérios de seleção e a moderna pecuária bovina de corte brasileira. In: IV SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2002, Campo Grande, MS. *Anais...* Campo Grande: SBMA, 2002. p.56-67.

ARAÚJO, F. *The use of real-time ultrasound to estimate variance components for growth and carcass traits in Nelore cattle.* 2003. 56 f. Dissertação (Master of Science in Animal Science). University of California, Davis.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE. Balanço da pecuária bovina de corte. 2007. Disponível em:

<http://www.abiec.com.br/download/stat_balanco.pdf>. Acesso em: 20 dez. 2009.

BARICHELO, F. *Estimativas de parâmetros genéticos para escores de avaliação visual, peso e perímetro escrotal à desmama de bovinos da raça Canchim.* 2007. 81 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. *J. anim. Sci.*, v.79, p. 2023-2046, 2001.

BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T. et al. Herdabilidades para ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal ao sobreano e tendência genética e fenotípica para ganho de peso da desmama ao sobreano em bovinos Nelore-Angus. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.35, n.4, p.1323-1328, 2006.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 33, n. 02, p. 313-319, 2004.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerras Angus criados no estado do Rio Grande do Sul. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.30, n.01, p. 41-48, 2001.

CARNEIRO, R.L.R. *Estimativas de parâmetros genéticos de escore de temperamento e de características de crescimento e de carcaça em animais da raça Nelore.* 2007. 57 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e

- Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4.ed. Harlow: Longman, 1996. 464 p.
- 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. *Pesq. Agropec. Bras.*, v.43, n.7, p. 835-841, 2008.
- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. *Utilização de escores visuais de características morfológicas de bovinos Nelore como ferramenta para o melhoramento genético animal*. 1. ed. Planaltina: EMBRAPA Cerrados, 2007. 40 p.
- FIGUEIREDO, L.G.G. *Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaças feitas por ultrassonografia em bovinos da raça Nelore*. 2001. 52 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.
- FOULLEY, J.L.; GIANOLA, D.; THOMPSON, R. Prediction of genetic merit from data on binary and quantitative variates with an application to calving difficulty, birth weight and pelvic opening. *Genet. Sel. Evol.*, v.15, p. 401-424, 1983.
- FRAHM, R.R.; NICHOLS, C.G.; BUCHANAN, D.S. Selection for increased weaning or yearling weight in Hereford cattle. I. Measurement of selection applied. *J. Anim. Sci.*, v.60, n.6, p.1373-1384, 1985.
- GARNERO, A.V.; LOBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. et al. Comparação entre alguns critérios de seleção para crescimento na raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.30, n.3, p.714-718, 2001.
- GIANOLA, D. Theory and analysis of threshold characters. *J. Anim. Sci.* v.54, 1079-1096, 1982.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. *J. Anim. Sci.*, v.63, p. 217-244, 1986.
- GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genet. Sel. Evol.* v.15, p. 201-224, 1983.
- GRESSLER, M.G.M.; PEREIRA, J.C.C.; BERGMANN, J.A.G. et al. Aspectos genéticos do peso à desmama e de algumas características reprodutivas de fêmeas Nelore. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.57, p.533-538, 2005.
- HARTLEY, H.O.; RAO, J.N.K. Maximum likelihood estimation for mixed analysis of variance model. *Biometrika*, v.54, p. 93-108, 1967.
- HASSEN, A.; WILSON, D.E.; WILLHAM, R.L. et al. Evaluation of ultrasound measurements of fat thickness and longissimus muscle area in feedlot cattle: Assessment of accuracy and repeatability. *Canadian Journal of Animal Science*, v.78, p.277-285, 1998.
- HENDERSON C.R. Estimation of variance and covariance components. *Biometrics*, v.9, p. 226-252, 1953.
- HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. *J. Anim. Sci.* p. 10-41. 1973.
- HERRING, W.O.; KRIESE, L.A.; BERTRAND, J.K. et al. Comparison of four real-time ultrasound systems that predict intramuscular fat in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, v. 76, p. 364-370, 1998.
- HOESCHELE, I.; TIER, B. Estimation of variance components of threshold

- characters by marginal posterior modes and means via Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.*, v.27, p. 519-540, 1995.
- HOESCHELE, I.; TIER, B.; GRASER, H.U. Multiple-trait genetic evaluation for one polychotomous trait and several continuous traits with missing data and unequal models. *J. Anim. Sci.*, v.73, p. 1609-1627, 1995.
- JANSS, L.L.G.; FOULLEY, J.L.. Bivariate analysis for one continuous and one threshold dichotomous trait with unequal design matrices and an application to birth weight and calving difficulty. *Livest. Prod. Sci.*, v.33, p. 183-198, 1993.
- KOURY FILHO, W. *Escores visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte*. 2005. 80 f. Tese (Doutorado em Zootecnia). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.
- KIPPERT, C.J.; RORATO, P.R.N.; CAMPOS, L.T. et al. Efeito de fatores ambientais sobre escores de avaliação visual à desmama e estimativa de parâmetros genéticos, para bezerras da raça Charolês. *Ciência Rural*, v.36, n.2, p.579-585, 2006.
- KOCH, M.R.; CUNDIFF, L.V.; GREGORY, K.E. Direct and maternal genetic responses to selection for weaning or yearling weight or yearling weight and muscle score in Hereford cattle. *J. anim. Sci.*, v. 73, p. 2951-2958, 1995.
- LAUREANO, M.M.M.; FORNI, S.; COSTA, R.B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento do nascimento à desmama em animais da raça Nelore "1". In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, Campo Grande. *Anais...* Campo Grande: SBZ, 2004.
- LIMA NETO, H.R.; BERGMANN, J.A.G.; GONÇALVES, T.M. et al. Parâmetros genéticos para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia em bovinos da raça Guzerá. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.61, n.1, p. 251-258, 2009.
- MATOS, C.A.P.; THOMAS, D.L.; GIANOLA, D. et al. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters. *J. Anim. Sci.*, v.75, p.76-87, 1997.
- MARCONDES, C.R.; PANETO, J.C.C.; SILVA, J.A.V. et al. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.57, p.234-240, 2005.
- MAY, S.G.; MIES, W.L.; EDWARDS, J.W. et al. Using live estimates and ultrasound measurements to predict carcass cutability. *J. Ani. Sci.*, v. 78, p. 1255-1261, 2000.
- MORENO, C.; SORENSEN, D.; GARCÍA-CORTÉS, L.A. et al. On biased inferences about variance components in the binary threshold model. *Genet. Sel. Evol.*, v.29, p.145-160, 1997.
- MOSER, D.W.; BERTRAND, J.K.; MISZTAL, I. et al. Genetic parameters for carcass and yearling ultrasound measurements in Brangus cattle. *J. Anim. Sci.*, v.76, p.2542-2548, 1998.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Genetic evaluation of growth in Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *J. Anim. Sci.*, v.81, n.4, p. 927-932, 2003.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block size are unequal. *Biometrics*, v.58, p. 545-554. 1971.

- PERKINS, T.L.; GREEN, R.D.; HAMLIN, K.E. Evaluation of ultrasonic estimates of carcass fat thickness and longissimus muscle area in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, v.70, p.1002-1010, 1992a.
- PERKINS, T.L.; GREEN, R.D.; HAMLIN, K.E. et al. Ultrasonic prediction of carcass merit in beef cattle: evaluation of technician effects on ultrasonic estimates of carcass fat thickness and longissimus muscle area. *J. Anim. Sci.*, v.70, p.2758-2765, 1992b.
- RAMIREZ-VALVERDE, R.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. *J. Anim. Sc.*, v.79, p.333-338, 2001.
- RAO, C.R. Minimum variance quadratic unbiased estimation of variance components. *Journal of Multivariate Analysis*, v.1, p. 257-275, 1971.
- REVERTER, A.; JOHNSTON, D.J.; GRASER, H.U. et al. Genetic analyses of live animal ultrasound and abattoir carcass traits in Australian Angus and Hereford cattle. *J. Anim. Sci.*, v.78, p.1786-1795, 2000.
- ROBINSON, D.L.; HAMMOND, K.; McDONALD, C.A. Live animal measurement of carcass traits: estimation of genetic parameters for beef cattle. *J. Anim. Sci.*, v.71, p.1128-1135, 1993.
- SAINZ, R.D.; ARAUJO, F.R.C. Uso de tecnologias de ultrassom no melhoramento do produto final carne. In: CONGRESSO BRASILEIRO DAS RAÇAS ZEBUÍNAS, 5., 2002. Uberaba. *Anais...* Uberaba: ABCZ, 2002. Disponível em: <www.aval-online.com.br> Acesso em: 20 dez. 2009.
- SHACKELFORD, S.D.; KOOHMARAIE, M.; MILLER, M.F. et al. An evaluation of tenderness of the longissimus muscle of Angus by Hereford versus Brahman crossbred heifers. *J. Anim. Sci.* v.69, p.171. 1991.
- SHEPARD, H.H.; GREEN R.D.; GOLDEN B.L. et al. Genetic parameter estimates of live animal ultrasonic measures of retail yield indicators in yearling breeding cattle. *J. Anim. Sci.*, v.74, p.761-768. 1996.
- SILVA, M.A. Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2008. 375 p.
- SILVA, S.L.; LEME, P.R.; PEREIRA, A.S.C. et al. Correlações entre características de carcaça avaliadas por ultrassom e pós-abate em novilhos Nelore, alimentados com altas proporções de concentrado. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.32, n.5, p. 1236-1242, 2003.
- SORENSEN, D.A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D. et al. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genetics Selection Evolution*, v.27, p.229-249, 1995.
- SORENSEN, D.A.; WANG, C.S.; JENSEN, J. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.*, v.26, p. 33-60, 1994.
- STOUFFER, J.R.; WALLENTINE, M.V.; WELLINGTON, G.H. et al. New techniques for real time ultrasonic evaluations of beef cattle. *J. Anim. Sci.*, v.67, p.121, 1989.
- SUGISAWA, L. *Ultrassonografia para predição das características e composição da carcaça de bovinos*. 2002. 70 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

THWAITES, C.J. Ultrasonic estimation of carcass composition – Review. *Australian Meat Research Committee*, n. 47, 1984. 29p.

TORRES JÚNIOR, R.A.A.; BARICHELLO, F.; SILVA, L.O.C. et al. Estudo das correlações fenotípicas entre escores visuais, peso, altura e medidas de carcaça por ultrassom em tourinhos Nelore submetidos a provas de ganho em peso a pasto. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia, GO. *Anais...* Goiânia: SBZ, 2005.

VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P.; SILVA, J.A.V. et al. Estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de máxima verossimilhança restrita e R. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.32, n.6, p.1624-1632, 2003.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a

multipletrait threshold model and Gibbs sampling. *J. Anim. Sci.*, v.76, p.2048-2061, 1998.

YOKOO, M. J. *Estimativas de efeitos genéticos e ambientais para características de carcaça medidas pelo ultrassom em bovinos da raça Nelore*. 2005. 89 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal. YOKOO, M.J.; ALBUQUERQUE, L.G.; LÔBO, R.B. et al. Genetic and environmental factors affecting ultrasound measures of longissimus muscle area and backfat thickness in Nelore cattle. *Livestock Science*, v. 117, p. 147-154, 2008a.

YOKOO, M.J.; ORTELAN, A.A.; SARMENTO, J.L.R. et al. Estudo de características de crescimento e de carcaça medidas por ultrassonografia em novilhas de dois grupos genéticos. *Ciência Animal Brasileira*, v.9, n.4, p. 948-957, 2008b.

CAPÍTULO 1

Estimativas de componentes de (co)variância para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia em bovinos da raça Nelore

RESUMO

O objetivo do presente estudo foi estimar a herdabilidade da área de olho de lombo e a cobertura de gordura subcutânea, obtidas por ultrassonografia, além de estimar a correlação genética entre estas características. Um total de 2.490 informações de animais Nelore, obtidas junto ao Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Corte (EMBRAPA-CNPGC), foi utilizado para a análise. Os componentes de (co)variância foram estimados por meio da metodologia da máxima verossimilhança restrita (REML). O modelo proposto para avaliação da área de olho de lombo e da espessura de gordura subcutânea incluiu como efeitos aleatórios o valor genético aditivo direto e residual, além do efeito fixo de grupo contemporâneo e do efeito linear de idade do animal à avaliação como covariável. As herdabilidades estimadas da área de olho de lombo e da espessura de gordura subcutânea foram 0,22 e 0,11, respectivamente. A estimativa da correlação genética entre as características estudadas foi 0,41.

Palavras - chave: área de olho de lombo, correlação genética, espessura de gordura subcutânea, herdabilidade

Variance components estimates for carcass traits measured by ultrasound in Nelore cattle

ABSTRACT

The study aimed to estimate heritability of rib eye area and backfat thickness evaluated by ultrasound technique, as well as the genetic correlation between them. A total of 2,490 records of Nelore cattle were used in the analyses. The covariance components were estimated by restricted maximum likelihood (REML). The model for rib eye area and backfat thickness analyses included the additive genetic and residual as random effects, the contemporary group fixed effect and the linear effect of animal age at evaluation as a covariate. Heritability estimates for rib eye area and backfat thickness were 0.22 and 0.11, respectively. The estimated genetic correlation between them was 0.41.

Keywords: backfat thickness, genetic correlation, heritability, rib eye area, ultrasound

1. INTRODUÇÃO

Com a tendência de melhor remuneração pela indústria da carne para qualidade de carcaça, torna-se cada vez mais evidente a necessidade de se criar programas de melhoramento animal que incorporem novas características ligadas à qualidade de carcaça no estabelecimento de seus critérios de seleção.

A utilização de metodologias que envolvem o abate do animal para avaliar a qualidade da carcaça é desvantajosa. O elevado custo desses testes limita o número de animais avaliados, o que causa redução na intensidade de seleção e, conseqüentemente, no ganho genético. Desta forma, a ultrassonografia surge como alternativa de avaliação de características de carcaça de interesse econômico (ROBINSON et al., 1993). Essa técnica, de acordo com Yokoo et al. (2009), é, também, um método rápido, não invasivo e que não oferece riscos de permanência de resíduos na carne.

Estudos têm demonstrado que a técnica de ultrassonografia é ferramenta objetiva e acurada para seleção de musculosidade, rendimento de carcaça e cobertura de gordura (PERKINS et al., 1992; HERRING et al., 1998). Tais características podem ser quantificadas por meio das medidas da área de olho de lombo (AOL) e da espessura de gordura subcutânea nas costelas (EGS). Obter estimativas dos componentes de (co)variância, assim como das herdabilidades para as características AOL e EGS é fundamental para formulação de índices de seleção e delineamento de programas de melhoramento que visem melhorar a qualidade da carcaça do rebanho bovino brasileiro. Segundo Yokoo (2005), poucos trabalhos de estimativas de

herdabilidade para características obtidas por ultrassonografia na raça Nelore são encontrados na literatura. Portanto, a importância do conhecimento dos parâmetros genéticos de características de carcaça medidas por meio de ultrassom norteou a realização da presente pesquisa, que teve por objetivo estimar a herdabilidade da área de olho de lombo e da espessura de gordura subcutânea, assim como estabelecer as correlações genéticas entre essas características em animais da raça Nelore.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de animais da raça Nelore participantes da avaliação genética realizada pelo Programa Embrapa de Melhoramento de Gado de Corte – Geneplus. Foram utilizadas, para a avaliação, informações da área de olho de lombo (AOL) e da espessura de gordura subcutânea medidas pela ultrassonografia em tempo real. As imagens capturadas por aparelho de ultrassom, e posteriormente analisadas em laboratórios, representam secção transversal do músculo *Longissimus dorsi* entre a 12^a e a 13^a costelas.

A formação dos arquivos de dados e a análise de consistência foram feitas por meio dos programas Microsoft Access (2003) e Statistical Analysis System (SAS, 2000). Dois mil quatrocentos e noventa dados coletados entre os anos de 2003 e 2008 foram utilizados para obtenção das estimativas dos componentes de (co)variância. Os animais, de ambos os sexos, eram provenientes de 11 fazendas e apresentavam média de idade de 540 dias (370 a 595 dias). A matriz de parentesco continha 24.373 animais.

Tabela 1. Estatística descritiva dos dados de ultrassonografia

Característica	N	Média	DP	CV	GC
AOL (cm ²)	2490	55,73	8,31	14,91	48
EGS (mm)	2490	2,41	0,67	27,80	48

AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; N = número de observações por característica; DP = desvio-padrão; CV = coeficiente de variação; GC = número de grupos contemporâneos para a característica

Inicialmente para verificar quais efeitos fixos influenciavam significativamente as características de carcaça foram feitas análises de variância e testes de significância por meio do procedimento GLM do SAS (SAS, 2000). Para estimar os componentes de (co)variância das características área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea, foi utilizado o modelo animal bicaracterístico, empregando-se a metodologia REML (Restricted Maximum Likelihood - Máxima Verossimilhança Restrita), descrita por Patterson e Thompson (1971). A aplicação do REML foi feita por meio do programa REMLF90, desenvolvido por Misztal (2000), que utiliza o algoritmo de Maximização da Esperança (EM). O critério de convergência adotado foi o valor de $-2\log_e$ de verossimilhança igual ou menor que 1×10^{-11} .

Os efeitos fixos foram reunidos em forma de grupos contemporâneos, que, para as características área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea, foram semelhantes e definidos pelos fatores sexo, estação de nascimento (com duração de três meses: janeiro – março, abril – junho, julho – setembro, outubro – dezembro), ano de nascimento, fazenda, regime alimentar e data de avaliação. Foram eliminados os grupos contemporâneos que continham menos de cinco animais com observação para todas as características avaliadas. Além dessa restrição, foram descartadas as

observações de animais que se apresentavam superiores ou inferiores a três desvios-padrão da média da característica. Foi avaliada a inclusão das covariáveis idade da mãe ao parto e idade do animal à data da avaliação, porém apenas o efeito linear da idade do animal à data da avaliação foi utilizado como covariável para se estimarem os componentes de (co)variância da área de olho de lombo e da espessura de gordura subcutânea.

O modelo geral utilizado pode ser representado em notação matricial, como:

$$y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e_i,$$

em que y_i é o vetor de observações, b_i é o vetor de efeitos fixos (grupo contemporâneo e idade do animal à avaliação), a_i é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos, e_i é o vetor de resíduos.

X_i e Z_i são matrizes de incidência de b_i e a_i , cada um deles atribuídos especificamente à característica i , $i = 1, 2$, equivalente a:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \phi \\ \phi & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \phi \\ \phi & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}.$$

Admitindo-se a distribuição normal conjunta dos vetores aleatórios y , a e e , têm-se as seguintes pressuposições:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} Xb \\ \Phi \\ \Phi \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ'+R & ZG & R \\ GZ' & G & \Phi \\ R & \Phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que

$$G = A \otimes G_0;$$

A = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright, simétrica de ordem n ;

G_0 = matriz simétrica de ordem v , que contém componentes de variância e covariância genética aditiva entre as v características.

$$R = I \otimes R_0;$$

I = matriz de identidade de ordem n ;

R_0 = matriz simétrica de ordem v , que contém componentes de variância e covariância residual entre as v características;

Φ = vetor ou matriz nula.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As herdabilidades e correlações genéticas aditivas entre as características de carcaça avaliadas são apresentadas na Tabela 2. As estimativas das herdabilidades para área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea, obtidas por meio do modelo bicaracterístico, foram, respectivamente, 0,22 e 0,11. A correlação genética entre as duas características de carcaça foi 0,41.

A estimativa de herdabilidade da área de olho de lombo (0,22) foi de magnitude moderada, o que indica que os animais da raça Nelore apresentam variabilidade genética considerável para essa característica; sendo assim, a seleção individual dos animais pode gerar ganho genético. Resultados semelhantes foram apresentados por Moser et al. (1998), que, ao utilizarem dados de 3.583 animais da raça Brangus, obtiveram herdabilidade da área de olho de lombo igual a 0,29. Os

valores apresentados no presente estudo também estão próximos dos relatados por outros autores que utilizaram informações de animais de raças taurinas. Robinson et al. (1993) obtiveram estimativas de herdabilidade que variaram de 0,03 a 0,25, ao avaliarem dados de animais de diferentes raças europeias. Os referidos autores relataram que a baixa idade à mensuração da área de olho de lombo por meio de ultrassonografia influenciou essas estimativas. Shepard et al. (1996) também observaram baixas estimativas de herdabilidade para a característica, 0,11, ao estudarem dados referentes a animais jovens de ambos os sexos da raça Angus. Contudo, Reverter et al. (2000) relataram herdabilidades que variaram de 0,37 a 0,80, ao avaliarem machos e fêmeas Angus e Hereford com maiores idade e peso. Poucos estudos a respeito da avaliação de parâmetros genéticos da área de olho de lombo mensurada por ultrassonografia em raças zebuínas foram encontrados. Nesses trabalhos, os valores estimados também se aproximaram dos obtidos no presente estudo. Araújo (2003), por exemplo, estimou em 0,29 a herdabilidade da área de olho de lombo, ao avaliar animais da raça Nelore. Já Yooko et al. (2009a e 2009b) estimaram herdabilidades iguais a 0,35 e 0,37, respectivamente, também ao avaliarem informações provenientes de animais da raça Nelore. Figueiredo (2001) relatou herdabilidades de 0,19 e 0,41, ao estudar dois rebanhos da mesma raça. Lima Neto et al. (2009) observaram herdabilidade de 0,34; ao avaliarem 1.319 animais da raça Guzará.

A herdabilidade estimada para a espessura de gordura subcutânea (0,11) apresentou baixa magnitude. Porém, é importante ressaltar que tal fato pode ter sido causado, em parte, pela idade à data de avaliação dos animais. Em geral, animais da raça Nelore apresentam amadurecimento fisiológico e deposição de gordura tardio, sendo que a última acontece das extremidades para o

centro do corpo. Portanto, a característica de espessura de gordura subcutânea mensurada entre a 12^a e 13^a costelas em animais jovens pode apresentar pouca variação fenotípica e, conseqüentemente genética. O fato de que os dados coletados são originados de animais sob manejo alimentar a pasto pode ser outra causa de alteração da estimativa da herdabilidade para a característica, já que a alimentação exclusiva de forrageiras torna a deposição de gordura corporal ainda mais tardia. Segundo Figueiredo (2001), outro fator que também poderia ter influência sobre as estimativas de herdabilidade da espessura de gordura subcutânea é a imprecisão da análise laboratorial para se estabelecerem os reais valores fenotípicos de espessura de gordura subcutânea em animais que apresentam baixos índices de deposição de gordura. Resultados semelhantes foram obtidos por Robinson et al. (1993), que relataram herdabilidade variando de 0,04 a 0,49, ao analisarem dados de animais de várias raças europeias. Reverter et al. (2000) estimaram valores de 0,09, ao estudarem essa característica em touros da raça Hereford. Moser et al. (1998) observaram herdabilidade 0,11, ao avaliarem machos e fêmeas jovens da raça Brangus. Figueiredo (2001) estimou valores que variaram de 0,04 a 0,19, ao estudar dois rebanhos da raça Nelore. E Lima Neto et al. (2009) relataram herdabilidade de 0,10, ao utilizarem informações de animais Guzerá. Entretanto, o resultado obtido no presente trabalho foi menor do que os observados por Yokoo et al. (2009a e 2009b), que estimaram herdabilidades da espessura de gordura subcutânea em 0,52 e 0,55, respectivamente, ao avaliarem animais da raça Nelore. Shepard et al. (1996) estimaram herdabilidade de 0,56 para a mesma característica, ao utilizarem modelo

bicaracterístico, a fim de avaliarem animais da raça Angus.

A estimativa da correlação genética entre a área de olho de lombo e a espessura de gordura subcutânea mensuradas por ultrassonografia em tempo real (0,41) é positiva e de magnitude moderada. Esta estimativa sugere que ocorre mudança genética simultânea e na mesma direção em uma característica se a seleção for realizada na outra. Os valores de correlações genéticas entre a área de olho de lombo e a espessura de gordura subcutânea, relatados na literatura, são discrepantes. Resultados similares ao obtido no presente estudo foram observados por Figueiredo (2001), que estimou em 0,35 a correlação genética entre essas características de carcaça, ao estudar animais da raça Nelore. Reverter et al. (2000) observaram, respectivamente, correlação de 0,25 e 0,24 entre a área de olho de lombo e a espessura de gordura subcutânea na avaliação de touros das raças Angus e Hereford. Yokoo et al. (2008) e Lima Neto et al. (2009) relataram correlações genéticas de baixa magnitude, quase nulas, em animais zebuínos, o que indica ausência de antagonismo de resposta à seleção para estas características.

4. CONCLUSÕES

As estimativas de herdabilidades da área de olho de lombo e da espessura de gordura subcutânea, iguais a 0,22 e 0,11, respectivamente, sugerem que estas características apresentam respostas positivas em programas de seleção.

A correlação genética entre AOL e EGS sugere que ganho genético em uma característica pode ser obtido por meio de resposta correlacionada quando a seleção é baseada na outra.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, F. *The use of real-time ultrasound to estimate variance components for growth and carcass traits in Nelore cattle*. 2003. 56 f. Dissertação (Master of Science in Animal Science). University of California, Davis.

FIGUEIREDO, L.G.G. *Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaças feitas por ultrassonografia em bovinos da raça Nelore*. 2001. 52 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.

HERRING, W.O.; KRIESE, L.A.; BERTRAND, J.K. et al. Comparison of four real-time ultrasound systems that predict intramuscular fat in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, v. 76, p. 364-370, 1998.

LIMA NETO, H.R.; BERGMANN, J.A.G.; GONÇALVES, T.M. et al. Parâmetros genéticos para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia em bovinos da raça Guzerá. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.61, n.1, p. 251-258, 2009.

MICROSOFT CORPORATION. Microsoft Access 2003 Software, 2003.

MISZTAL, I. REMLF90 Manual. 2009. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>>. Acessado em: 20 dez. 2009.

MOSER, D.W.; BERTRAND, J.K.; MISZTAL, I. et al. Genetic parameters for carcass and yearling ultrasound measurements in Brangus cattle. *J. Anim. Sci.*, v.76, p.2542-2548, 1998.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when

block size are unequal. *Biometrics*, v.58, p. 545-554. 1971.

PERKINS, T.L.; GREEN, R.D.; HAMLIN, K.E. Evaluation of ultrasonic estimates of carcass fat thickness and longissimus muscle area in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, v.70, p.1002-1010, 1992.

REVERTER, A.; JOHNSTON, D.J.; GRASER, H.U. et al. Genetic analyses of live animal ultrasound and abattoir carcass traits in Australian Angus and Hereford cattle. *J. Anim. Sci.*, v.78, p.1786-1795, 2000.

ROBINSON, D.L.; HAMMOND, K.; McDONALD, C.A. Live animal measurement of carcass traits: estimation of genetic parameters for beef cattle. *J. Anim. Sci.*, v.71, p.1128-1135, 1993.

SAS INSTITUTE. SAS/STAT Software: changes and enhancement through release 8.2. Cary, 2000.

SHEPARD, H.H.; GREEN R.D.; GOLDEN B.L. et al. Genetic parameter estimates of live animal ultrasonic measures of retail yield indicators in yearling breeding cattle. *J. Anim. Sci.*, v.74, p.761-768. 1996.

WILSON, D.E. Application of ultrasound for genetic improvement. *J. Anim. Sci.*, v. 70, p. 973-983, 1992.

YOKOO, M. J. *Estimativas de efeitos genéticos e ambientais para características de carcaça medidas pelo ultrassom em bovinos da raça Nelore*. 2005. 89 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

YOKOO, M.J.; ALBUQUERQUE, L.G.; LÔBO, R.B. et al. Genetic and environmental factors affecting ultrasound measures of longissimus muscle area and

backfat thickness in Nelore cattle. *Livestock Science*, v. 117, p. 147-154, 2008a.

YOKOO, M.J.; ORTELAN, A.A.; SARMENTO, J.L.R. et al. Estudo de

características de crescimento e de carcaça medidas por ultrassonografia em novilhas de dois grupos genéticos. *Ciência Animal Brasileira*, v.9, n.4, p. 948-957, 2008b.

CAPÍTULO 2

Estimativas de componentes de (co)variância para peso e conformação frigorífica em bovinos da raça Nelore em diferentes idades

RESUMO

O presente estudo teve por objetivo estimar os componentes de (co)variância e as herdabilidades da conformação frigorífica à desmama (CFD), conformação frigorífica ao sobreano (CFS), peso à desmama (PD) e peso ao sobreano (PS) de animais Nelore, além das correlações genéticas entre essas características. Foram utilizados para as análises três arquivos de dados, sendo o primeiro constituído pelas características mensuradas à desmama, o segundo pelas características registradas ao sobreano e o terceiro constituído por todas elas. Modelo animal multicaracterístico composto pelos efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e residual, além dos efeitos fixos de grupo contemporâneo e das covariáveis idade da mãe ao parto (peso e conformação frigorífica, à desmama e ao sobreano) e idade do animal à data da avaliação (conformação frigorífica, à desmama e ao sobreano) foi utilizado nas análises. As herdabilidades estimadas, a partir dos três bancos de dados para CFD, CFS, PD e PS, variaram, respectivamente, de 0,12 a 0,13; 0,21 a 0,25; 0,15 a 0,22 e 0,27 a 0,29. As correlações genéticas positivas e de alta magnitude entre as características de peso e as características de avaliação visual sugerem que a seleção para uma delas pode resultar em resposta indireta na outra. A característica de conformação frigorífica pode ser selecionada em idade mais precoce em razão da correlação genética alta e positiva entre mensurações feitas nas duas idades estudadas.

Palavras-chave: bovino de corte, conformação frigorífica à desmama, conformação frigorífica ao sobreano, correlação genética, escore visual, herdabilidade, peso

Variance components estimates for weight and slaughter conformation of Nelore cattle at different ages

ABSTRACT

The aim of this study was to estimate variance components, heritability and genetic correlation for slaughter conformation at weaning (SCW), slaughter conformation at yearling age (SCY), weaning weight (WW) and yearling age weight (YW) of Nelore cattle. Three data file composed by the traits measured at weaning (38,460 records), at yearling age (11,586 records) and at both ages (6,397 records) were used in the analyses. A multiple trait animal model which included the direct genetic additive, maternal genetic additive, maternal permanent environmental and residual random effects as well as the fixed effect of contemporary group and the covariates age at calving (for weight and slaughter conformation at weaning and yearling age) and age at the evaluation time (slaughter conformation at weaning and yearling age) was used. The heritabilities estimated for SCW, SCY, WW and YW ranged, respectively, from 0.12 to 0.13, 0.21 to 0.25, 0.22 to 0.27 and 0.27 to 0.29. Positive and high genetic correlations between body weight traits and visual evaluation traits were estimated, suggesting

that selection causes positive indirect response on the non-selected trait. Slaughter conformation trait can be selected at earlier age due to the high and positive genetic correlation between the different ages.

Keywords: beef cattle, genetic correlation, heritability, slaughter conformation at yearling age, slaughter conformation at weaning, visual score, weight

1. INTRODUÇÃO

O objetivo de um programa de melhoramento genético é explorar as diferenças genéticas entre os animais para aumentar o lucro de um sistema de produção. Desta forma, a seleção de gado de corte não deve basear-se somente no peso e no ganho de peso dos animais, uma vez que a lucratividade do sistema de produção também é função de outras características. Há necessidade, portanto, de se definirem as características que serão incluídas no índice de seleção para se obterem animais funcionais, adequados ao meio de produção, bem como economicamente eficientes (Faria et al., 2007).

Atualmente, alguns programas de melhoramento genético incorporam características de avaliação visual de carcaça no critério de seleção, como a conformação frigorífica, com o propósito de identificar animais que apresentem melhor composição de carcaça e que, portanto, poderiam ser abatidos mais precocemente. Segundo Josahkian et al. (2003), o objetivo básico das características envolvidas na avaliação visual dos diferentes tipos morfológicos é identificar aqueles animais que, nas condições viáveis de criação e em consonância com o mercado consumidor, cumpram seu objetivo eficientemente e em menos tempo. A adoção de características avaliadas por escores visuais representa vantagens para o melhoramento genético de características relacionadas à carcaça, comparada à avaliação *post mortem*. O tempo para se obterem resultados diminui, e

os gastos com a coleta de dados são consideravelmente menores (Koury Filho, 2005).

Apesar de haver carência de pesquisas que relacionem efetivamente as características de carcaça avaliadas por escore visual *in vivo* com características medidas diretamente no animal *post mortem*, alguns autores sugerem que as avaliações visuais por escores são interessantes ferramentas a serem utilizadas na seleção de animais mais pesados e com melhor conformação morfológica, enfatizando características como volume de musculatura e precocidade de acabamento (MAY et al., 1992; KOURY FILHO, 2001). Resultados de pesquisas científicas sugerem que as características de conformação, musculabilidade e precocidade podem apresentar, como respostas em programas de seleção que as utilizem como critério, ganhos genéticos consideráveis, visto que as herdabilidades dessas características são de média a moderada magnitude (CARDOSO et al., 2001; VAN MELLIS et al., 2003; KOURY FILHO, 2005; CARDOSO et al., 2004; KIPPERT et al., 2006; YOKOO et al., 2009).

Dada a escassez de trabalhos científicos sobre estimativas de parâmetros genéticos da conformação frigorífica em animais da raça Nelore, a presente pesquisa foi realizada para estimar as herdabilidades e as correlações genéticas para características de conformação frigorífica à desmama, conformação frigorífica ao sobreano, peso à desmama e peso ao sobreano.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de animais da raça Nelore participantes da avaliação genética realizada pelo Programa Embrapa de Melhoramento de Gado de Corte – Geneplus. Foram utilizadas informações de pesos e de escores visuais de conformação frigorífica obtidos à desmama e ao sobreano. Para a atribuição das notas de conformação frigorífica, que consiste na avaliação da harmonia entre desenvolvimento de musculatura, acabamento de gordura subcutânea e estrutura da carcaça, foi realizada, inicialmente, uma inspeção geral do lote de animais (grupo contemporâneo) que seria avaliado. Posteriormente, foram atribuídos escores individuais de modo comparativo entre os animais (escore relativo ao grupo contemporâneo no qual o animal se inseria). Os valores dos escores variam de um a seis, sendo que o escore seis representa a conformação frigorífica mais desejável. O peso à desmama foi padronizado para 240 dias, e o peso ao sobreano para 420 dias de idade, utilizando-se o ganho de peso médio diário entre pesagens consecutivas (interpolação).

A formação dos arquivos de dados e a análise de consistência foram feitas por meio dos programas Microsoft Access (2003) e Statistical Analysis System (SAS,

2000). Para as análises, foram utilizados separadamente três bancos de dados, a fim de se estimarem os componentes de (co)variância, herdabilidades e correlações genéticas entre as características estudadas. O primeiro banco de dados (BD1) continha informações de peso e conformação frigorífica ao desmame de 38.460 animais, de ambos os sexos, nascidos no período de 1993 a 2008, com média de idade de 237 dias (165 a 285 dias) e distribuídos por 1.734 grupos contemporâneos. O segundo banco de dados (BD2) continha informações de peso e conformação frigorífica ao sobreano de 11.586 animais, de ambos os sexos, nascidos no período de 1994 a 2008, com média de idade de 460 dias (375 a 595) e distribuídos por 474 grupos contemporâneos. O terceiro banco de dados (BD3) foi formado com informações para todas as características anteriormente citadas (peso e conformação frigorífica à desmama e ao sobreano), referentes a 6.397 animais, de ambos os sexos, nascidos no período de 1995 a 2008. Em todos os bancos de dados, foram descartados grupos contemporâneos contendo menos de cinco animais. Além dessa restrição, para peso à desmama e peso ao sobreano, foram retirados animais com observações com valores superiores ou inferiores a três desvios-padrão em relação à média. Foram também eliminados animais que possuíam mãe com idade inferior a 730 dias ou superior a 8.030 dias.

Tabela 1. Estatística descritiva do peso e da conformação frigorífica à desmama, referente ao primeiro conjunto de dados

Característica	N	Média	DP	CV	GC
PD	38.460	194,12	31,42	16,18	1734
CFD	38.460	3,67	1,21	32,97	1734

PD = peso à desmama; CFD = conformação frigorífica à desmama; N = número de observações por característica; DP = desvio padrão; CV = coeficiente de variação; GC = número de grupos contemporâneos para a característica

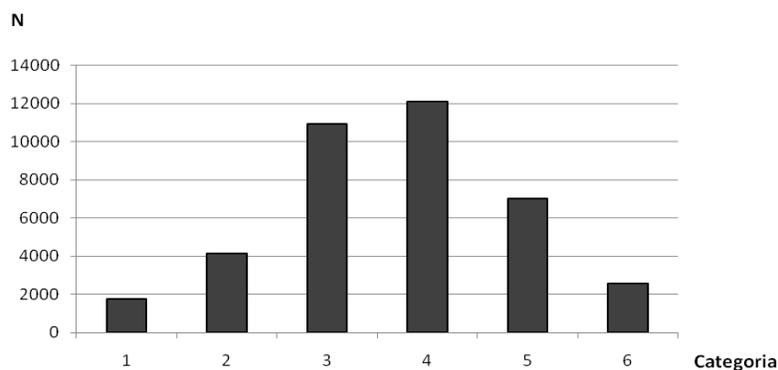


Figura 1. Distribuição por categoria de avaliação dos dados de conformação frigorífica à desmama referentes ao primeiro arquivo de dados.

Tabela 2. Estatística descritiva do peso e da conformação frigorífica ao sobreano, referente ao segundo conjunto de dados

Característica	N	Média	DP	CV	GC
PS	11.586	245,20	44,86	18,29	474
CFS	11.586	3,53	1,15	32,57	474

PS = peso ao sobreano; CFS = conformação frigorífica ao sobreano; N = número de observações por característica; DP = desvio padrão; CV = coeficiente de variação; GC = número de grupos contemporâneos para a característica

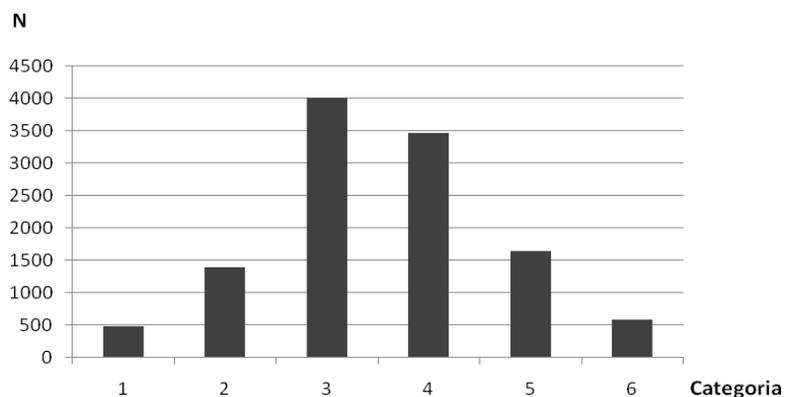


Figura 2. Distribuição por categoria de avaliação dos dados de conformação frigorífica ao sobreano referentes ao segundo arquivo de dados.

Tabela 3. Estatística do peso e da conformação frigorífica à desmama e ao sobreano, referente ao terceiro conjunto de dados

Característica	N	Média	DP	CV	GC
PD	6.397	196,16	30,57	15,58	344
PS	6.397	243,29	42,09	17,30	236
CFD	6.397	3,70	1,07	28,91	344
CFS	6.397	3,56	1,08	30,33	236

PD = peso à desmama; PS = peso ao sobreano; CFD = conformação frigorífica à desmama; CFS = conformação frigorífica ao sobreano; N = número de observações por característica; DP = desvio padrão; CV = coeficiente de variação; GC = número de grupos contemporâneos para a característica

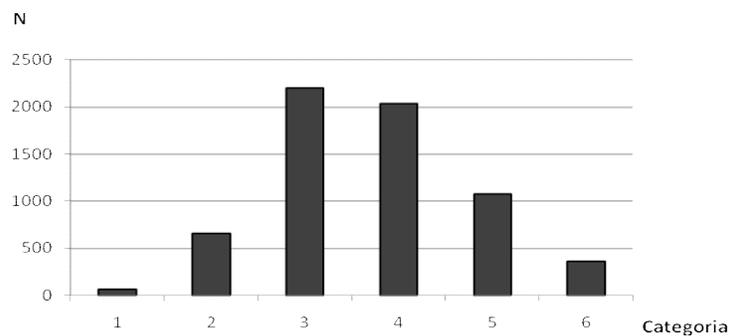


Figura 3. Distribuição por categoria de avaliação dos dados de conformação frigorífica à desmama referentes ao terceiro arquivo de dados.

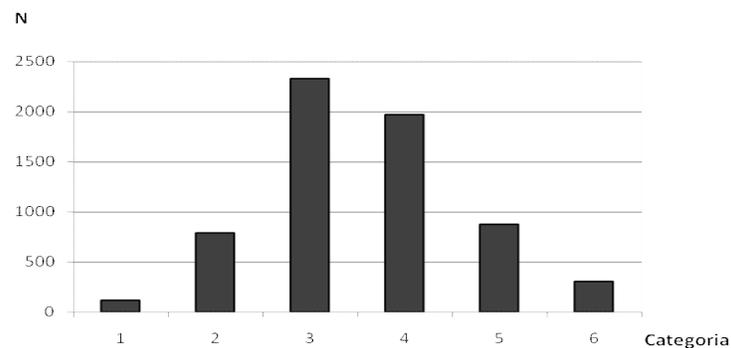


Figura 4. Distribuição por categoria de avaliação dos dados de conformação frigorífica ao sobreano referentes ao terceiro arquivo de dados.

Inicialmente, para verificar quais efeitos fixos influenciaram significativamente as características de carcaça, foram feitas análises de variância e testes de significância pela metodologia dos quadrados mínimos por meio do procedimento GLM do SAS (SAS, 2000).

Para estimar os componentes de (co)variância, foi utilizado o modelo animal empregando-se a metodologia REML (Restricted Maximum Likelihood – Máxima Verossimilhança Restrita), descrita por Patterson e Thompson (1971). A aplicação do REML foi feita por meio do programa REMLF90, desenvolvido por Misztal (2000), que utiliza o algoritmo de Maximização da Esperança (EM). O critério de convergência adotado foi o valor de $-2\log_e$ de verossimilhança igual ou menor que 1×10^{-11} .

Os efeitos fixos para peso e conformação frigorífica à desmama foram reunidos em forma de grupos contemporâneos e definidos pelos fatores sexo, estação de nascimento (com duração de três meses: janeiro – março, abril – junho, julho – setembro, outubro – dezembro), ano de nascimento, fazenda, regime alimentar e data de avaliação. Os efeitos fixos para peso e conformação frigorífica ao sobreano foram reunidos em forma de grupos contemporâneos e definidos pelos fatores sexo, estação de nascimento (com duração de três meses: janeiro – março, abril – junho, julho – setembro, outubro – dezembro), ano de nascimento, fazenda, regime alimentar ao desmame, regime alimentar ao sobreano e data de avaliação ao sobreano.

Foi avaliada a inclusão no modelo das covariáveis idade da mãe ao parto e idade do animal à data da avaliação. Após análise, para avaliação das características de peso (desmame e sobreano), foram considerados

como covariáveis o efeito linear e quadrático da idade da mãe ao parto. No modelo utilizado para análise da conformação frigorífica (desmame e sobreano), os efeitos linear e quadrático da idade da mãe ao parto e o efeito linear de idade do animal à avaliação foram incorporados ao modelo como covariáveis.

O modelo utilizado nas análises, em notação matricial, foi:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3pem + e,$$

em que y é o vetor de observações, b é o vetor de efeitos fixos (grupo contemporâneo, idade da mãe à avaliação – efeito linear e efeito quadrático, idade do animal à avaliação para características de conformação frigorífica – efeito linear), a é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos, m é o vetor aleatório de efeitos genéticos aditivos maternos, pem é o vetor aleatório de efeitos ambientais permanentes maternos e e_i é o vetor de resíduos aleatórios. X , Z_1 , Z_2 , Z_3 são matrizes de incidência que relacionam os efeitos b , a , m e pem ao vetor de observações.

Análises multicaracterísticas com duas (primeiro e segundo banco de dados) e quatro características (terceiro banco de dados) foram realizadas a fim de se obterem estimativas dos componentes de (co)variância, herdabilidade e correlações genéticas entre as características estudadas.

Admitindo-se a distribuição normal conjunta dos vetores aleatórios, têm-se adicionalmente as seguintes pressuposições:

$$\begin{bmatrix} a \\ m \\ pem \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left(\begin{bmatrix} \phi \\ \phi \\ \phi \\ \phi \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{pem}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} \right),$$

em que

σ_a^2 é a variância genética aditiva direta;

σ_m^2 é a variância genética aditiva materna;

σ_{am} é a covariância genética aditiva direta e materna;

σ_{pem}^2 é a variância de ambiente permanente materno;

σ_e^2 é a variância residual;

A é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright;

I é a matriz identidade.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 4, são apresentadas as estimativas dos componentes de (co)variância para peso e conformação frigorífica à desmama e ao sobreano referentes a todos os bancos de dados avaliados.

Tabela 4. Componentes de (co)variância do peso à desmama, peso ao sobreano, conformação frigorífica à desmama e conformação frigorífica ao sobreano estimados por análises referentes aos diferentes bancos de dados

	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pem}^2	σ_e^2	σ_{am}	r_{am}
Peso à desmama						
BD1	72,94	34,72	91,97	312,20	4,83	0.09
BD3	97,77	37,76	58,00	258,10	-2,33	-0.03
Peso ao sobreano						
BD2	201,00	21,28	69,66	463,20	-28,92	-0,44
BD3	221,10	33,65	50,42	408,30	-44,46	-0,51
Conformação frigorífica à desmama						
BD1	0,1138	0,0720	0,1125	0,7022	-0,0014	-0,01
BD3	0,1066	0,0678	0,0632	0,5972	-0,0249	-0,29
Conformação frigorífica ao sobreano						
BD2	0,1875	0,0235	0,0283	0,6820	-0,0372	-0,56
BD3	0,2024	0,0562	0,0352	0,5669	-0,0559	-0,52

BD1 = banco de dados um; BD2 = banco de dados dois; BD3= banco de dados três; σ_a^2 = variância genética aditiva direta; σ_m^2 = variância genética aditiva materna; σ_{pem}^2 = variância de ambiente permanente materno; σ_e^2 = variância residual; σ_{am} = covariância entre o efeito genético aditivo direto e o efeito genético aditivo materno; r_{am} = correlação entre o efeito genético aditivo direto e o efeito genético aditivo materno

A variância genética aditiva direta explicou maior porção da variância fenotípica comparada à variância genética aditiva materna e à variância de ambiente permanente materno para todas as

características avaliadas, exceto para o peso à desmama avaliado com utilização do primeiro banco de dados. Observou-se covariância negativa entre o efeito genético aditivo direto e o efeito genético aditivo

materno para o peso à desmama, avaliado a partir do banco de dados três, peso ao sobreano, conformação frigorífica à desmama e conformação frigorífica ao sobreano. Portanto, a seleção baseada no valor genético aditivo direto dessas características resultaria na redução do mérito genético aditivo materno. Contudo, o peso à desmama, avaliado a partir do primeiro banco de dados, apresentou covariância positiva entre o efeito genético aditivo direto e o efeito genético aditivo materno, o que permite resposta à seleção para esses efeitos de maneira simultânea e na mesma direção. Resultados semelhantes foram observados por Barichello (2007), ao estudar as características de peso e conformação frigorífica à desmama em animais da raça Canchim. As correlações genéticas entre o efeito genético aditivo direto e o efeito genético aditivo materno para as características avaliadas à desmama

apresentaram valores de baixa magnitude. Porém, para as características avaliadas ao sobreano (peso e conformação frigorífica), a correlação genética entre esses efeitos foi de magnitude moderada, o que sugere que a escolha dos melhores animais, baseada no valor genético aditivo direto, resultaria em seleção inversa dos valores genéticos aditivos maternos.

Nas Tabelas 5, 6 e 7, são apresentadas as estimativas de herdabilidade e de correlação genética para as características estudadas.

Para a análise realizada com o primeiro conjunto de dados referente ao peso e a conformação frigorífica à desmama, as estimativas de herdabilidade foram de baixa magnitude, iguais a 0,15 e 0,12, respectivamente. Já, a correlação genética entre as características foi positiva e de alta magnitude.

Tabela 5. Estimativas de herdabilidade (diagonal) e correlação genética (acima da diagonal) para peso à desmama (PD) e conformação frigorífica à desmama (CFD), referentes ao primeiro conjunto de dados

Característica	PD	CFD
PD	0,15	0,73
CFD		0,12

As estimativas de herdabilidade do peso e da conformação frigorífica ao sobreano referentes à análise do segundo arquivo de dados foram de magnitude moderada, com

valores de 0,27 e 0,21, respectivamente. A correlação genética entre as características foi positiva e de alta magnitude.

Tabela 6. Estimativas de herdabilidade (diagonal) e correlação genética (acima da diagonal) para peso ao sobreano (PS) e conformação frigorífica ao sobreano (CFS) referentes ao segundo conjunto de dados

Característica	PS	CFS
PS	0,27	0,73
CFS		0,21

Tabela 7. Estimativas de herdabilidade (diagonal) e correlação genética (acima da diagonal) para peso e conformação frigorífica à desmama e para peso e conformação frigorífica ao sobreano referentes ao terceiro conjuntos de dados

Característica	PD	PS	CFD	CFS
PD	0,22	0,92	0,75	0,61
PS		0,29	0,81	0,80
CFD			0,13	0,89
CFS				0,25

PD = Peso à desmama, PS = Peso ao sobreano, CFD = Conformação frigorífica à desmama, CFS = Conformação frigorífica ao sobreano

Os valores de herdabilidade do peso à desmama e do peso ao sobreano no presente estudo indicam possibilidade de progresso genético ao se utilizarem estas características no estabelecimento do critério de seleção. As herdabilidades do peso à desmama estimadas pelos dois modelos (Tabelas 5 e 7) estão em conformidade com os valores publicados na literatura. Nobre et al. (2003) relataram herdabilidade do peso à desmama com valores variando de 0,13 a 0,20, ao compararem o modelo multicaracterístico e de regressão aleatória utilizando dados de animais Nelore. Koury Filho (2005) e Yokoo (2005) estimaram herdabilidade de 0,34 para a característica, também, ao estudarem animais da raça Nelore. Já, Gressler et al. (2005) obtiveram estimativa mais alta com valor de 0,48.

As estimativas de herdabilidade do peso ao sobreano referentes aos dois conjuntos de dados (Tabelas 6 e 7) foram de magnitude moderada e estão de acordo com os estudos realizados na raça Nelore por Nobre et al. (2003), Koury Filho (2005), Yokoo (2005) e Costa et al. (2004), que relataram valores de herdabilidade do peso ao sobreano que variaram de 0,17 a 0,24 no primeiro trabalho e foram de 0,37, 0,34 e 0,21 nos demais trabalhos, respectivamente.

As estimativas de herdabilidade da conformação frigorífica à desmama (Tabelas 5 e 7) foram de 0,12 e 0,13, respectivamente, para os modelos com duas

e quatro características, avaliadas simultaneamente, sendo, portanto, de baixa magnitude. Barichello (2007) relatou herdabilidade para a característica de conformação frigorífica à desmama, que variou de 0,17 a 0,27, ao analisar quatro diferentes modelos de avaliação para animais da raça Canchim. Ao avaliar escores visuais de conformação, precocidade e musculosidade em bovinos Nelore à desmama, Koury Filho (2005) observou herdabilidades de 0,13, 0,25 e 0,23, respectivamente; valores de menor magnitude do que os apresentados por Carneiro (2007) que obteve estimativas de 0,28, 0,33 e 0,36 para essas características. Cardoso et al. (2001) relataram valores de 0,18, 0,19 e 0,19, respectivamente, para a herdabilidade de conformação, precocidade e musculatura em animais da raça Angus.

As estimativas de herdabilidade da conformação frigorífica ao sobreano (Tabelas 6 e 7) referentes aos dois diferentes arquivos de dados foram 0,21 e 0,25. Apesar de não terem sido encontrados trabalhos que avaliam a conformação frigorífica avaliada ao sobreano, as estimativas apresentadas neste estudo são semelhantes às observadas para outras características de carcaça avaliadas por escores visuais em idades semelhantes. Van Melis et al. (2003) relataram herdabilidades de 0,22, 0,21 e 0,22 para as características de conformação, precocidade e musculatura em animais Nelore de 18 meses, ao utilizarem diferentes metodologias de

estimação de componentes de (co)variância. Faria et al. (2009) observaram estimativas de herdabilidade de 0,38, 0,14 e 0,07 para as características de musculatura, estrutura física e conformação, ao avaliarem bovinos da raça Nelore aos 15 meses de idade. Estimativas de 0,19, 0,25 e 0,26 foram apresentadas por Cardoso et al. (2004) para as características de conformação, precocidade e musculosidade, ao analisarem dados de animais da raça Angus no período de sobreano. Koury Filho (2005) obteve estimativas de herdabilidade iguais a 0,24, 0,63 e 0,48 para estrutura corporal, precocidade e musculosidade, ao avaliar dados de animais Nelore ao sobreano, respectivamente. Os resultados, segundo o autor, sugerem grande variabilidade genética entre os animais, porém foram obtidos a partir de arquivo de dados com pequeno número de observações, feitas em um único ano e por um único avaliador. Koury Filho (2005) ainda conclui que a opção de se utilizarem escores visuais em programas de melhoramento genético se dá pela avaliação rápida de grande número de animais. Para reduzir, contudo, o efeito advindo dos avaliadores, é necessário que estes sejam treinados e que a metodologia adotada seja de simples aplicação e entendimento.

A correlação genética estimada entre os pesos à desmama e ao sobreano de 0,92 sugere que animais selecionados para a segunda característica também seriam escolhidos quando a seleção fosse baseada na primeira. Este resultado está de acordo com o observado por Mercadante et al. (2007), que apresentaram valor de 0,96 para correlação genética entre o peso à desmama e o peso ao sobreano.

As estimativas de correlações genéticas entre as características de desenvolvimento ponderal (peso à desmama e ao sobreano) e as características de carcaça (conformação frigorífica à desmama e ao sobreano), obtidas em todas as análises, foram

positivas e de alta magnitude (Tabelas 5, 6 e 7) e variaram de 0,61 a 0,81. Resultados semelhantes são descritos por Koury Filho (2005), que ao estimar a correlação genética entre o peso à desmama e as características de conformação, precocidade e musculatura medidas na mesma idade obteve os valores 0,71, 0,42 e 0,43, respectivamente. Correlações genéticas estimadas para os mesmos pares de características, porém mensuradas ao sobreano, foram iguais a 0,83, 0,59 e 0,58, respectivamente. Cardoso et al. (2001) observaram valores de 0,86, 0,71 e 0,82, respectivamente, para as correlações genéticas entre o ganho de peso ajustado para 205 dias de idade e as características de conformação, precocidade e musculatura. Barichello (2007) estimou a correlação genética entre o peso à desmama e a conformação frigorífica à desmama de animais Canchim em 0,61.

Os resultados de correlações genéticas estimados sugerem que as características de peso e de conformação frigorífica são influenciadas, pelo menos em parte, por genes em comum, já que, segundo Falconer e Mackay (1996), a correlação genética pode ser explicada pelo efeito de pleiotropia. Pode-se inferir, portanto, que ocorre mudança genética simultânea e de mesma direção em uma característica quando a seleção é baseada na outra. Deve-se, porém, aceitar com cautela as estimativas de correlação genética entre as características de peso e de conformação frigorífica, pois, durante a avaliação dos animais a campo, os avaliadores podem ser influenciados pelo peso do animal ao estabelecerem a nota para a característica de conformação frigorífica. Caso essa influência exista, a avaliação genética dos animais e a interpretação dos resultados gerados podem ser prejudicados.

A correlação genética de 0,89, estimada entre a conformação frigorífica à desmama e ao sobreano, foi semelhante às observadas por Cardoso et al. (2004), que relataram

valores de 0,99, 0,93 e 0,90, respectivamente, para correlação genética entre as características de conformação, precocidade e musculatura à desmama e as mesmas características ao sobreano. Koury Filho (2005) também observou resultados similares para a estimativa da correlação genética para conformação, precocidade e musculabilidade à desmama e ao sobreano, com valores, respectivamente, de 0,80, 0,86 e 0,86. As estimativas de correlação genética obtidas entre a conformação frigorífica à desmama e a conformação frigorífica ao sobreano sugerem que a seleção para essas características pode ser realizada em menor idade, sem prejuízos na escolha dos animais para a reprodução. Assim, evitar-se-iam gastos com a criação de animais que não seriam futuramente selecionados. Segundo Cardoso et al. (2004), os escores visuais podem ser avaliados somente em uma fase da vida do animal, dando-se preferência ao momento da desmama, evitando-se, desse modo, a perda de informação por pré-seleção. Porém, deve-se aceitar essa sugestão com cautela no presente estudo, pois as herdabilidades das características avaliadas à desmama foram menores que aquelas avaliadas ao sobreano.

4. CONCLUSÕES

As herdabilidades das características de peso e de conformação frigorífica à desmama e ao sobreano, de baixa a moderada magnitude, sugerem que ganhos genéticos podem ser obtidos pela seleção para estas características.

As correlações genéticas positivas de média a alta magnitude entre as características de peso e de conformação frigorífica nas diferentes idades, sugerem que a seleção para uma delas gera como resposta correlacionada, ganho genético na outra característica.

Num programa de seleção para incrementar características de peso e conformação frigorífica, os animais poderiam ser avaliados em apenas um período da vida, em razão das altas correlações genéticas entre essas características avaliadas nas diferentes idades.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BARICHELO, F. *Estimativas de parâmetros genéticos para escores de avaliação visual, peso e perímetro escrotal à desmama de bovinos da raça Canchim*. 2007. 81 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 33, n. 02, p. 313-319, 2004.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerras Angus criados no estado do Rio Grande do Sul. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.30, n.01, p. 41-48, 2001.

CARNEIRO, R.L.R. *Estimativas de parâmetros genéticos de escore de temperamento e de características de crescimento e de carcaça em animais da raça Nelore*. 2007. 57 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

COSTA, B.C.; LAUREANO, M.M.M.; FORNI, S. et al. Estimativas de parâmetros

- genéticos para as características perímetro escrotal, peso ao sobreano e idade ao primeiro parto em um rebanho da raça Nelore. In: V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004, Pirassununga, SP. *Anais...* Pirassununga: SBMA, 2004.
- FALCONER, D. S.; T. F. C. MACKAY. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4.ed. Harlow: Longman, 1996. 464 p.
- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. *Utilização de escores visuais de características morfológicas de bovinos Nelore como ferramenta para o melhoramento genético animal*. 1. ed. Planaltina: EMBRAPA Cerrados, 2007. 40 p.
- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Análise genética de escores visuais em bovinos da raça Nelore, na desmama até a maturidade. In: 46ª. Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2009, Maringá, PR. *Anais...* Maringá: SBZ, 2009.
- GRESSLER, M.G.M.; PEREIRA, J.C.C.; BERGMANN, J.A.G. et al. Aspectos genéticos do peso à desmama e de algumas características reprodutivas de fêmeas Nelore. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.57, p.533-538, 2005.
- JOSAHKIAN, L.A.; MACHADO, C.H.C.; KOURY FILHO, W. Programa de melhoramento genético das raças zebuínas – *Manual de Operação*. Uberaba, MG: ABCZ, 2003. 98 p.
- KIPPERT, C.J.; RORATO, P.R.N.; CAMPOS, L.T. et al. Efeito de fatores ambientais sobre escores de avaliação visual à desmama e estimativa de parâmetros genéticos, para bezerros da raça Charolês. *Ciência Rural*, v.36, n.2, p.579-585, 2006.
- KOURY FILHO, W. *Escores visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte*. 2005. 80 f. Tese (Doutorado em Zootecnia). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.
- KOURY FILHO, W. *Análise genética de escores de avaliações visuais e suas respectivas relações com desempenho ponderal na raça Nelore*. 2001. 82 p. Dissertação (Mestrado). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.
- MAY, S.G.; MIES, W.L.; EDWARDS, J.W. et al. Effect of frame size, muscle score, and external fatness on live and carcass value of beef cattle. *J. Anim. Sci.* v.70. p. 3311-3316, 1992.
- MERCADANTE, M.E.; RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A. et al. Análise genética multivariada e tendências genéticas de características de crescimento em rebanhos experimentais da raça Nelore. In: 20ª Reunión de La Asociación Latinoamericana de Producción Animal, 2000, Cusco, *Anais...* Cusco: 2007.
- MICROSOFT CORPORATION. Microsoft Access 2003 software, 2003.
- MISZTAL, I. REMLF90 Manual. 2000. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>>. Acessado em: 20 dez. 2009.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Genetic evaluation of growth in Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *J. Anim. Sci.*, v.81, n.4, p. 927-932, 2003.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block size are unequal. *Biometrics*, v.58, p. 545-554. 1971.

SAS INSTITUTE. SAS/STAT Software: changes and enhancement through release 8.2. Cary, 2000.

VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P.; SILVA, J.A.V. et al. Estimaco de parmetros genticos em bovinos de corte utilizando os mtodos de mxima verossimilhana restrita e R. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.32, n.6, p.1624-1632, 2003.

YOKOO, M. J. *Estimativas de efeitos genticos e ambientais para caractersticas*

de carcaa medidas pelo ultrassom em bovinos da raa Nelore. 2005. 89f. Dissertao (Mestrado em Gentica e Melhoramento Animal). Faculdade de Cincias Agrrias e Veterinrias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

YOKOO, M.J.; WERNECK, J.N.; PEREIRA, M.C. et al. Correlaoes genticas entre escores visuais e caractersticas de carcaa medidas por ultrassom em bovinos de corte. *Pesq. Agropec. Bras.*, v.44, n.2, p. 197-202, 2009.

CAPÍTULO 3

Utilização de modelos lineares e de limiar para estimação de parâmetros genéticos da conformação frigorífica em bovinos Nelore

RESUMO

O objetivo deste estudo foi comparar a utilização de diferentes metodologias para realizar inferências a respeito de parâmetros genéticos da característica conformação frigorífica em animais Nelore. Nas análises, foram utilizados dois bancos de dados que continham 25.848 e 8.193 informações das características de conformação frigorífica à desmama (CFD) e conformação frigorífica ao sobreano (CFS), respectivamente. Três metodologias foram propostas para se obterem as estimativas dos componentes de (co)variância e valores genéticos para as características estudadas: análise frequentista utilizando modelo linear (análise 1), análise Bayesiana utilizando modelo linear (análise 2) e análise Bayesiana utilizando modelo de limiar (análise 3). Com o propósito de avaliar a semelhança das predições realizadas sob diferentes metodologias, foram obtidas correlações de Spearman entre os valores genéticos inferidos em diferentes análises para a conformação frigorífica à desmama e a conformação frigorífica ao sobreano. Adicionalmente, verificou-se a porcentagem de animais em comum entre os 20% maiores valores genéticos nas diferentes análises para cada característica. As inferências a respeito da herdabilidade da conformação frigorífica à desmama obtidas foram semelhantes em todas as análises. Para a conformação frigorífica ao sobreano, a média *a posteriori* da herdabilidade, obtida por meio do modelo de limiar, foi maior do que as inferências observadas nas demais análises. As correlações de ordem entre os valores genéticos obtidos pelas análises 1, 2 e 3, para ambas as características, foram positivas e de alta magnitude (acima de 0,95). Alta porcentagem de animais em comum seria selecionada para a conformação frigorífica à desmama e a conformação frigorífica ao sobreano ao se utilizarem os diferentes modelos propostos para a avaliação genética de animais Nelore.

Palavras-chave: conformação frigorífica à desmama, conformação frigorífica ao sobreano, correlação genética, gado de corte, herdabilidade, modelo de limiar, modelo linear

Genetic parameters and variance components estimates for slaughter conformation of Nelore cattle using linear and threshold models

ABSTRACT

This study was carried out to estimate genetic parameters of slaughter conformation by linear and nonlinear models, and to compare the use of such methods for genetic evaluation of Nelore animals. Two databases containing 25,848 and 8,193 records of slaughter conformation traits at weaning (SCW) and yearling age (SCY) were used in the analyses. Three methods were used to obtain estimates of (co)variance components, heritability and breeding values: the frequentist linear model (analysis 1), the linear model under Bayesian approach (analysis 2) and the Bayesian threshold model (analysis 3). In order to compare the different models, the Spearman correlation between breeding values for slaughter conformation at weaning and slaughter conformation at yearling age was estimated, as well as the percentage of animals in common

among the 20% higher breeding values for these traits. Heritability estimates for slaughter conformation at weaning obtained by all analyses were similar. For the slaughter conformation at yearling age, the mean of the posterior heritability using threshold model was higher than those of analyses 1 and 2. The Spearman correlations between breeding values estimated by different analyses for the slaughter conformation at weaning and slaughter conformation at yearling age were positive and high (above 0.95). A high percentage of animals in common would be selected for slaughter conformation at weaning and at yearling age using the different models for genetic evaluation in Nellore cattle.

Keywords: beef cattle, genetic correlation, heritability, linear model, slaughter conformation at weaning, slaughter conformation at yearling, threshold model

1. INTRODUÇÃO

A necessidade de se definirem novos índices de seleção, que visem à melhoria da qualidade de carcaça, gera mudanças nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte. Consequentemente, as características de carcaça obtidas por avaliação visual podem ser incluídas nos critérios de seleção por serem importantes ferramentas para identificação de biótipos exigidos pelo mercado (FARIA et al., 2007). Visando à avaliação indireta de características relacionadas à qualidade de carcaça e à precocidade de terminação de bovinos de corte, algumas propostas de avaliação visual dos animais têm sido estudadas. Dentre elas, destaca-se a conformação frigorífica, que garante grande número de animais avaliados sem manuseio excessivo, o que minimiza o estresse e torna o processo mais ágil e de menor custo.

Os programas de melhoramento genético de gado de corte, no Brasil, utilizam modelos lineares na avaliação genética dos animais. Porém, algumas características de interesse econômico, como os escores de conformação frigorífica, apresentam distribuição discreta. Tal fato faz com que algumas pressuposições do modelo linear misto sejam violadas. Assim, os procedimentos lineares são descritos como não apropriados para quantificar a natureza discreta dos dados (GIANOLA, 1982; ABDEL-AZIM e BERGER, 1999), e

modelos de limiar são sugeridos para análise dessas características (GIANOLA, 1982; GIANOLA e FOULLEY, 1983; GILMOUR et al., 1985; MEIJERING e GIANOLA, 1985; SORENSEN et al., 1995; HOESCHELE e TIER, 1995; MORENO et al., 1997; VAN TASSEL et al., 1998; ABDEL-AZIM e BERGER, 1999).

No modelo de limiar, assume-se distribuição normal para uma variável não observável, que é subjacente à variável discreta. A conexão da variável observada com a escala subjacente contínua é feita por um conjunto de limiares fixos. Desse modo, a variável subjacente é descrita por modelo linear, mas a relação desta com a escala observada é não linear (MISZTAL et al., 1989; SORENSEN et al., 1995). Segundo Van Tassel et al. (1998), a aplicação de modelos de limiar para avaliação de características categóricas poderá promover maiores ganhos genéticos em razão da melhor identificação de animais com valores genéticos superiores e obtenção de herdabilidades mais altas na escala subjacente.

Trabalhos científicos descritos na literatura utilizam o modelo de limiar para estimar componentes de (co)variância de características com distribuição discreta (ALTARRIBA et al., 1998; RAMIREZ-VALVERDE et al., 2001; VARONA et al., 2002; NIETO et al., 2003; MARCONDES

et al., 2005; CARLÉN et al., 2006; FARIA et al., 2008), porém nenhum deles adotou a conformação frigorífica como característica a ser estudada. O presente estudo foi realizado com objetivos de estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos da conformação frigorífica por meio de modelos lineares e não lineares, utilizando diferentes tipos de inferência, e de comparar a utilização dessas metodologias para avaliação genética de animais Nelore.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de animais da raça Nelore participantes da avaliação genética realizada pelo Programa Embrapa de Melhoramento de Gado de Corte – Geneplus. Foram utilizados, para as avaliações, dados de escores de conformação frigorífica obtidos à desmama (CFD) e ao sobreano (CFS). Para a atribuição das notas de conformação frigorífica, que consiste na avaliação da harmonia entre desenvolvimento de musculatura, acabamento de gordura subcutânea e estrutura da carcaça, foi realizada, inicialmente, uma inspeção geral do lote de animais (grupo contemporâneo) que seria avaliado. Posteriormente, foram atribuídos escores individuais de modo comparativo entre os animais (escore relativo ao grupo contemporâneo no qual o

animal se inseria). Os valores dos escores variam de um a seis, sendo que o escore seis representa a conformação frigorífica mais desejável.

A estruturação dos arquivos de dados e a análise de consistência foram feitas por meio dos programas Microsoft Access (2003) e Statistical Analysis System (SAS, 2000). Foram utilizados separadamente dois bancos de dados (relativos a cada característica estudada), para cada qual três análises foram realizadas, a fim de se obterem inferências para os componentes de (co)variância, herdabilidades e valores genéticos dos animais. O primeiro banco de dados continha informações da conformação frigorífica à desmama de 25.848 animais, nascidos no período de 1994 a 2008, com média de idade de 237 dias (165 a 285 dias) e distribuídos por 640 grupos contemporâneos. Já o segundo banco de dados continha informações da conformação frigorífica ao sobreano de 8.193 animais, nascidos no período de 1995 a 2007, com média de idade de 465 dias (375 a 595 dias) e distribuídos por 167 grupos contemporâneos. Na análise dos dois bancos de dados, foram descartados grupos contemporâneos contendo menos de 20 animais. Além dessa restrição, foram também eliminados animais que possuíam mãe com idade inferior a 730 dias ou superior a 8.030 dias.

Tabela 1. Estatística descritiva da conformação frigorífica à desmama e ao sobreano

Característica	N	Média	DP	CV	GC
CFD	25.848	3,67	1,19	32,42	640
CFS	8.193	3,55	1,10	30,99	167

CFD = conformação frigorífica à desmama; CFS = conformação frigorífica ao sobreano; N = número de observações; DP = desvio-padrão; CV = coeficiente de variação; GC = número de grupos contemporâneos para a característica

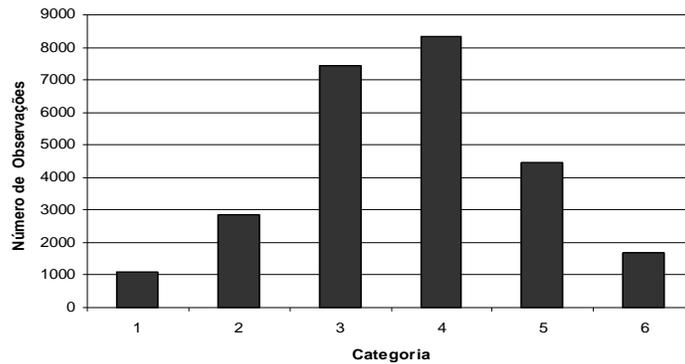


Figura 1. Distribuição por categoria de avaliação dos dados observados de conformação frigorífica à desmama.

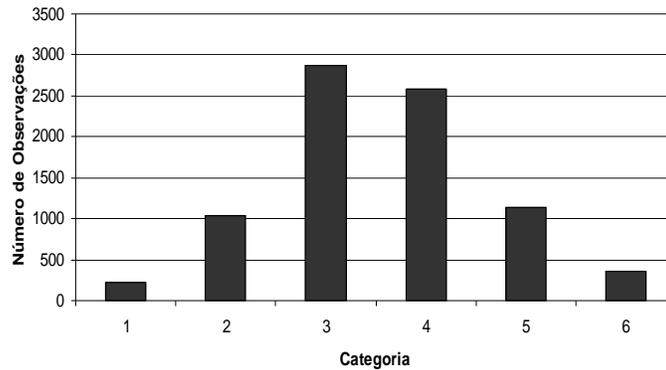


Figura 2. Distribuição por categoria de avaliação dos dados observados de conformação frigorífica ao sobreano.

Inicialmente, para verificar quais efeitos fixos influenciaram significativamente as características de carcaça, foram feitas análises de variância e testes de significância dos fatores pela metodologia dos quadrados mínimos, por meio do procedimento GLM do SAS (SAS, 2000). Os efeitos sistemáticos de ambiente para conformação frigorífica à desmama foram reunidos em forma de grupos contemporâneos e foram definidos pelos fatores sexo, estação de nascimento (com duração de três meses: janeiro – março, abril – junho, julho – setembro, outubro – dezembro), ano de nascimento, fazenda,

regime alimentar e data de avaliação. Os mesmos efeitos foram utilizados na formação de grupos contemporâneos para análise da conformação frigorífica ao sobreano, com a seguinte diferença: tanto o regime alimentar à desmama quanto o regime alimentar ao sobreano foram considerados na formação do grupo. Análises preliminares sugeriram a necessidade de inclusão dos efeitos linear e quadrático da idade da mãe ao parto e o efeito linear de idade do animal à avaliação, como covariáveis, nos modelos das duas características estudadas.

Para se fazerem inferências a respeito dos componentes de (co)variância e herdabilidades para ambas as características, foram considerados três metodologias: análise frequentista utilizando modelo linear (análise 1), análise Bayesiana utilizando modelo linear (análise 2) e análise Bayesiana utilizando modelo de limiar (análise 3).

A análise 1 baseou-se na metodologia REML (Restricted Maximum Likelihood) para obtenção dos componentes de (co)variância, como descrita por Patterson e Thompson (1971). A obtenção dos estimadores foi feita por intermédio do programa REMLF90 (MISZTAL, 2000), que utiliza o algoritmo de Maximização da Esperança (EM). O critério de convergência adotado foi o valor de $-2\log_e$ de verossimilhança igual ou menor que 1×10^{-11} . Na análise 2, a inferência dos componentes de (co)variância foi realizada por intermédio do programa GIBBS2F90 (MISZTAL, 2009), que utiliza o amostrador de Gibbs para obtenção das amostras da distribuição *a posteriori* dos parâmetros. Para a análise da conformação frigorífica à desmama, foi amostrada uma cadeia de 500.000 iterações. O período de descarte das amostras iniciais (“burn-in”) foi definido pelo método de Raftery e Lewis (1992), presente no pacote BOA (SMITH, 2007) do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008). Foi feito descarte conservador das 10.000 primeiras iterações, e amostragem (“thinning”) a cada 10 iterações, obtida de acordo com metodologia descrita por Van Tassel et al. (1998). Portanto, as 49.000 amostras remanescentes foram utilizadas para obtenção da distribuição *a posteriori* dos componentes de (co)variância. Dessa distribuição foram obtidas as médias *a posteriori* e o intervalo HPD (*Highest Posterior Density*) 95% das herdabilidades, e as médias *a posteriori* dos valores genéticos dos animais. O mesmo processo

foi utilizado para avaliação da conformação frigorífica ao sobreano, sendo que o tamanho da cadeia gerada foi de 1.500.000 de iterações, com descarte conservador de 20.000 iterações iniciais e amostragem a cada 20 iterações, totalizando 74.000 amostras. Na análise 3, para obtenção das distribuições *a posteriori* dos parâmetros do modelo, foi utilizado o amostrador de Gibbs por meio do programa THRGIBBS1F90 (MISZTAL, 2009). O processo de verificação do “burn-in” e a definição do “thinning” foram realizados como na análise 2. Para avaliação da conformação frigorífica à desmama, foi obtida uma cadeia de 750.000 iterações, com descarte conservador das 5.000 iterações iniciais e amostragem a cada 100 iterações, o que totaliza 7.450 amostras da distribuição *a posteriori* dos parâmetros de interesse. Já para a análise da conformação frigorífica ao sobreano, foi obtida uma cadeia de 2.000.000 iterações, descartaram-se as 50.000 iterações iniciais e fez-se amostragem a cada 100 iterações, o que totaliza 19.500 amostras.

O modelo geral utilizado para as análises da conformação frigorífica à desmama e ao sobreano pode ser descrito, em notação matricial, como:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + e,$$

em que y é o vetor de observações, b é o vetor de efeitos fixos no sentido frequentista (grupo contemporâneo, idade da mãe à avaliação – efeitos linear e quadrático, idade do animal à avaliação – efeito linear), a é o vetor de efeitos genéticos aditivos diretos, m é o vetor de efeitos genéticos aditivos maternos, e e é o vetor dos resíduos do modelo. X , Z_1 , Z_2 são matrizes de incidência dos efeitos de b , a e m no vetor de observações. Para se realizar inferências a respeito dos componentes de (co)variância, e valores genéticos para as características estudadas,

admitiu-se a seguinte distribuição normal conjunta para os vetores de efeitos genéticos aditivos diretos, genéticos aditivos maternos e resíduos:

$$\begin{bmatrix} a \\ m \\ e \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & A\sigma_m^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} \right),$$

em que σ_a^2 é a variância genética aditiva direta; σ_m^2 é a variância genética aditiva materna; σ_e^2 é a variância residual; A é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright e I é matriz identidade.

A distribuição do vetor y condicional aos parâmetros de local b , a , m e ao parâmetro de dispersão σ_e^2 pode ser descrita como:

$$y | b, a, m, \sigma_e^2 \sim N(Xb + Z_1a + Z_2m, I\sigma_e^2),$$

Para a análise 2, a distribuição qui-quadrada invertida com parâmetro de escala foi assumida como distribuição *a priori* das variâncias genéticas aditivas diretas, genéticas aditivas maternas e residuais. Distribuição “não informativa” foi assumida *a priori* para os efeitos sistemáticos de ambiente. As distribuições *a priori* assumidas para os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos foram $p(a | \sigma_a^2) \sim N(0, A\sigma_a^2)$ e $p(m | \sigma_m^2) \sim N(0, A\sigma_m^2)$.

No modelo de limiar, assume-se que a conformação frigorífica à desmama e a conformação frigorífica ao sobreano observadas são determinadas por variáveis subjacentes de distribuição contínua e um conjunto de limiares fixos, $t_1 < t_2 \dots < t_{m-1}$, com $t_0 = -\infty$ e $t_m = +\infty$, em que m é o

número de categorias. Os escores de conformação frigorífica, y_i , para cada animal, i , são definidos por U_i na escala subjacente:

$$y_i = \begin{cases} 1 & t_0 < U_i \leq t_1 \\ 2 & t_1 < U_i \leq t_2 \\ 3 & t_2 < U_i \leq t_3 \\ 4 & t_3 < U_i \leq t_4 \\ 5 & t_4 < U_i \leq t_5 \\ 6 & t_5 < U_i \leq t_m \end{cases} \quad i = 1, n,$$

em que n é o número de observações e t_1 , t_2 , t_3 , t_4 e t_5 são os limiares que definem as seis categorias de resposta. Para que o modelo seja identificável, dá-se que $t_1 = 0$ e $t_2 = 1$ (VAN TASSEL et al., 1998). Foi pressuposta a distribuição *a priori* uniforme para os demais limiares. Portanto, o vetor de limiares estimáveis foi definido como:

$$t = \begin{bmatrix} t_3 \\ t_4 \\ t_5 \end{bmatrix}.$$

O modelo assumido para a distribuição subjacente da conformação frigorífica à desmama e da conformação frigorífica ao sobreano, além das distribuições *a priori* assumidas para os parâmetros, é igual ao demonstrado anteriormente para a análise linear:

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

$\theta' = [\beta' \ a' \ m']$ é o vetor dos parâmetros de locação e $W = [X \ Z]$.

Adicionalmente, foi obtida a correlação de Spearman das médias *a posteriori* dos valores genéticos entre as diferentes análises realizadas, além da proporção de animais em comum entre os 20% maiores valores genéticos para conformação frigorífica à desmama e conformação frigorífica ao sobreano. A correlação de Spearman foi obtida por meio do procedimento `cor(x, method = 'spearman')` do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas das variâncias para os efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno e residual da característica de conformação frigorífica à desmama, obtidos por meio da metodologia de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), foram, respectivamente, 0,1264, 0,1699 e 0,7053. Na Tabela 2, são apresentados os componentes de (co)variância da conformação frigorífica à desmama obtidos por meio dos modelos linear e de limiar via inferência bayesiana.

Tabela 2. Componentes de (co)variância para os efeitos genéticos aditivos diretos, genéticos aditivos maternos e residuais da característica de conformação frigorífica à desmama obtidos por meio de modelo linear e de limiar via inferência bayesiana

Parâmetro	Média	Moda	Mediana	HPD 95%
Modelo linear				
σ_a^2	0,1282	0,1260	0,1277	0,0954 a 0,1602
σ_m^2	0,1689	0,1662	0,1687	0,1420 a 0,1969
σ_e^2	0,7048	0,7020	0,7047	0,6775 a 0,7333
Modelo de limiar				
σ_a^2	0,0215	0,0203	0,0209	0,0137 a 0,0319
σ_m^2	0,0256	0,0249	0,0230	0,0163 a 0,0359
σ_e^2	0,1572	0,1743	0,1069	0,0309 a 0,4221

σ_a^2 = variância genética aditiva direta; σ_m^2 = variância genética aditiva materna; σ_e^2 = variância residual

As variâncias dos efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno e residual da característica de conformação frigorífica ao sobreano, estimadas por meio do modelo de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), foram 0,1774, 0,0219 e 0,6829,

respectivamente. Os componentes de (co)variância *a posteriori* da conformação frigorífica ao sobreano, obtidos por meio dos modelos linear e de limiar via inferência bayesiana, são apresentados na Tabela 3.

Tabela 3. Componentes de (co)variância para os efeitos genéticos aditivos diretos, genéticos aditivos maternos e residuais da característica de conformação frigorífica ao sobreano obtidos por meio de modelo linear e de limiar via inferência bayesiana

Parâmetro	Média	Moda	Mediana	HPD 95%
Modelo linear				
σ_a^2	0,1857	0,1806	0,1842	0,1303 a 0,2455
σ_m^2	0,0153	0,0095	0,0140	0,0001 a 0,0354
σ_e^2	0,6826	0,6794	0,6830	0,6301 a 0,7327
Modelo de limiar				
σ_a^2	0,0267	0,0251	0,0262	0,0169 a 0,0376
σ_m^2	0,0018	0,0009	0,0017	0,00002 a 0,0040
σ_e^2	0,0797	0,0621	0,0630	0,0196 a 0,1831

σ_a^2 = variância genética aditiva direta; σ_m^2 = variância genética aditiva materna; σ_e^2 = variância residual

Para a conformação frigorífica à desmama, maior porção da variância total foi atribuída à variância genética aditiva materna quando comparada à variância genética aditiva direta, o que sugere que grande importância deve ser dada à seleção para o efeito genético aditivo materno. Já para a conformação frigorífica ao sobreano, nota-se que maior parte da variância fenotípica foi atribuída à variância genética aditiva direta. Portanto, para a característica mensurada em idade mais avançada, a influência do efeito genético aditivo

materno sobre a expressão da conformação frigorífica torna-se menor.

As herdabilidades da conformação frigorífica à desmama e conformação frigorífica ao sobreano, estimadas pelo método REML (análise 1), foram, respectivamente, 0,1261 e 0,2010. As distribuições *a posteriori* das herdabilidades obtidas pelos modelos linear e de limiar (análises 2 e 3, respectivamente), sob inferência bayesiana, são apresentadas nas Figuras 3 e 4.

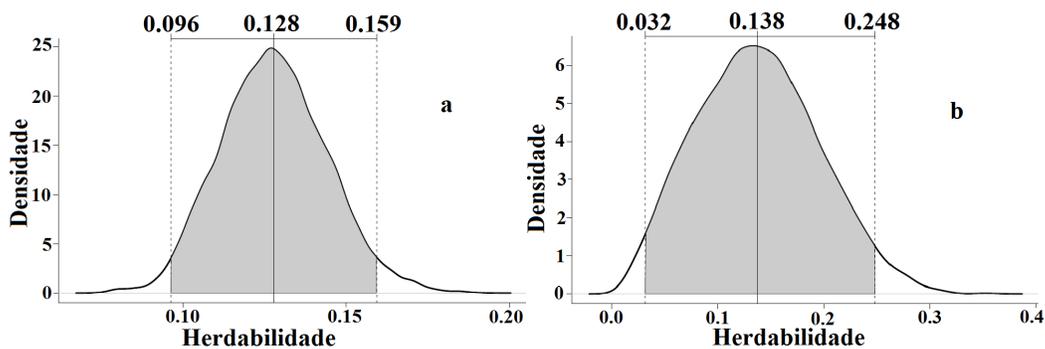


Figura 3. Densidade marginal *a posteriori*, média e HPD 95% da herdabilidade da conformação frigorífica à desmama obtidas por meio do modelo linear (a) e de limiar (b) sob inferência bayesiana.

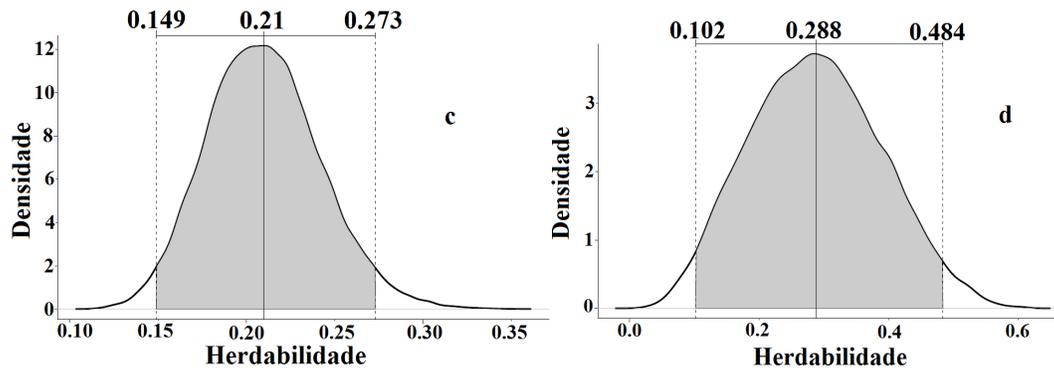


Figura 4. Densidade marginal *a posteriori*, média e HPD 95% da herdabilidade da conformação frigorífica ao sobreano obtidas por meio do modelo linear (c) e de limiar (d) sob inferência bayesiana.

As herdabilidades obtidas a partir das análises 1, 2 e 3 foram semelhantes às observadas na literatura em estudos que utilizam o método da máxima verossimilhança restrita para o estudo de características de escores visuais relacionados a características de carcaça à desmama (BARICHELLO, 2007; KOURY FILHO, 2005; CARNEIRO, 2007). Faria et al. (2008), ao avaliarem análises Bayesianas de modelo animal linear e modelo de limiar, observaram herdabilidades para as características de musculosidade, estrutura física e conformação com valores médios que variaram de 0,10 a 0,15. Apesar de não terem sido encontrados trabalhos científicos a literatura nos quais se estime a herdabilidade da conformação frigorífica ao sobreano de animais da raça Nelore, as herdabilidades para essa característica, obtidas no presente estudo, foram semelhantes às observadas em estudos de outras características de carcaça mensuradas por escores visuais à idade semelhante (VAN MELIS et al., 2003; CARDOSO et al., 2004). Koury Filho (2005) obteve estimativas de herdabilidade de maior magnitude para estrutura corporal (0,24), precocidade (0,63) e musculosidade (0,48), ao estudar bovinos da raça Nelore no período de sobreano.

As inferências a respeito das herdabilidades da conformação frigorífica à desmama, obtidas por meio de todas as análises (1, 2 e 3), foram semelhantes. Conclusão essa, que concorda com a apresentada por Faria et al. (2008), que avaliaram o uso de modelo linear e de limiar para avaliação da musculosidade, estrutura física e conformação à desmama em animais da raça Nelore. Para a conformação frigorífica ao sobreano, a média da herdabilidade *a posteriori*, obtida por meio do modelo de limiar, foi maior do que sugerem as inferências para esse parâmetro nas análises 1 e 2. Nota-se que o HPD 95% da herdabilidade obtida por meio do modelo de limiar engloba a herdabilidade estimada pelo método REML e se sobrepõe à densidade *a posteriori* da herdabilidade na análise 2. Portanto, o método de limiar apresentou resultado de herdabilidade da conformação frigorífica ao sobreano similar às outras duas metodologias.

As correlações de Spearman entre valores genéticos obtidos pelas diferentes análises, estimadas dentro de cada combinação de característica estudada e efeito aleatório (genético aditivo direto e genético aditivo materno), são apresentadas nas Tabelas 4 e 5.

Tabela 4. Correlação de Spearman entre os valores genéticos aditivos diretos (acima da diagonal) e valores genéticos aditivos maternos (abaixo da diagonal) para a conformação frigorífica à desmama

Análise	Análise 1	Análise 2	Análise 3
Análise 1	-	1,00	0,98
Análise 2	1,00	-	0,98
Análise 3	0,96	0,96	-

Análise 1 = análise frequentista utilizando modelo linear 2 = análise Bayesiana utilizando modelo linear; análise 3 = análise Bayesiana utilizando modelo de limiar

Tabela 5. Correlação de Spearman entre os valores genéticos aditivos diretos (acima da diagonal) e valores genéticos aditivos maternos (abaixo da diagonal) para a conformação frigorífica ao sobreano

Análise	Análise 1	Análise 2	Análise 3
Análise 1	-	1,00	0,99
Análise 2	0,99	-	0,99
Análise 3	0,99	1,00	-

Análise 1 = análise frequentista utilizando modelo linear 2 = análise Bayesiana utilizando modelo linear; análise 3 = análise Bayesiana utilizando modelo de limiar

As correlações de Spearman entre os valores genéticos aditivos diretos, obtidos pelas análises 1, 2 e 3 tanto para a conformação frigorífica à desmama quanto para a conformação frigorífica ao sobreano, foram positivas e de alta magnitude (acima de 0,98). Estes resultados sugerem que o uso dos diferentes modelos para avaliação genética de animais Nelore para as características estudadas não influenciou a escolha dos animais de maior valor genético. Valores positivos e de alta magnitude (acima de 0,96) também foram observados para as estimativas da correlação de posto entre os valores genéticos aditivos maternos para as duas características avaliadas. As correlações de Spearman observadas por Faria et al. (2008) para as DEPs de efeito genético aditivo

direto da musculosidade, conformação e estrutura física de animais Nelore à desmama, considerando análises unicaracterística sob modelo animal linear e de limiar, foram acima de 0,99, o que sugere que não houve mudança de classificação dos animais de acordo com a metodologia utilizada, a exemplo do que os resultados do presente estudo indicam. Resultados semelhantes na comparação entre predições com base em modelos lineares e modelos de limiar foram observados também no estudo de outras características, como em Olesen et al. (1994), estudando a característica número de cordeiros nascidos e Djemali et al. (1987) ao estudar a característica de facilidade parto, que observaram correlação de Spearman de 0,94 entre as soluções dos

valores genéticos de touros obtidas com base nos dois tipos de modelo. Meijering e Gianola (1985) sugeriram que a diferença de posto dos touros avaliados sob modelo linear e de limiar muitas vezes se torna insignificante para aplicações práticas. Observa-se, nas Tabelas 6 e 7, a

porcentagem de animais em comum dentre os 20% maiores valores genéticos aditivos diretos e genéticos aditivos maternos, obtidos por meio das análises 1, 2 e 3 para a conformação frigorífica à desmama e ao sobreano.

Tabela 6. Porcentagem de animais em comum dentre os 20% maiores valores genéticos aditivos diretos (acima da diagonal) e aditivos maternos (abaixo da diagonal) para conformação frigorífica à desmama avaliados por meio das diferentes análises

Análise	Análise 1	Análise 2	Análise 3
Análise 1	-	98,90	80,90
Análise 2	98,90	-	80,70
Análise 3	75,00	75,30	-

Análise 1 = análise frequentista utilizando modelo linear 2 = análise Bayesiana utilizando modelo linear; análise 3 = análise Bayesiana utilizando modelo de limiar

Tabela 7. Porcentagem de animais em comum dentre os 20% maiores valores genéticos aditivos diretos (acima da diagonal) e aditivos maternos (abaixo da diagonal) para conformação frigorífica ao sobreano avaliados por meio das diferentes análises

Análise	Análise 1	Análise 2	Análise 3
Análise 1	-	97,30	94,50
Análise 2	93,90	-	94,90
Análise 3	93,40	97,80	-

Análise 1 = análise frequentista utilizando modelo linear 2 = análise Bayesiana utilizando modelo linear; análise 3 = análise Bayesiana utilizando modelo de limiar

Alta porcentagem de animais em comum seria selecionada para reprodução ao se utilizarem os diferentes modelos propostos. Esse fato confirma as estimativas das correlações de Spearman entre os valores genéticos dos animais, obtidas por meio dos modelos lineares e não lineares. Apesar do grande número de animais selecionados em comum entre os modelos lineares e de limiar para a conformação frigorífica à

desmama, este foi menor do que a porcentagem de animais em comum entre os dois modelos lineares (sob ponto de vista frequentista e bayesiano), situação que também pode ser confirmada por meio das correlações de Spearman estimadas para a característica.

Os resultados obtidos no presente estudo estão de acordo com os observados por

Faria et al. (2008) e Marcondes et al. (2005), sendo que os últimos autores sugerem que análises sob modelo linear devem ser adotadas quando houver grande número de observações a serem analisadas, em razão do menor custo computacional e do menor tempo gasto. Matos et al. (1997), baseados em critérios de ajuste de modelo e de capacidade de predição, relataram que os modelos não lineares, apesar de possuírem maior adequação teórica para a avaliação de características discretas, não apresentaram vantagens práticas sobre os modelos lineares para a avaliação de características reprodutivas de ovelhas da raça Rambouillet e Finnsheep.

4. CONCLUSÕES

As herdabilidades estimadas da conformação frigorífica à desmama e conformação frigorífica ao sobreano sugerem que essas características responderiam bem à seleção.

Não houve mudança considerável das herdabilidades da conformação frigorífica à desmama e ao sobreano estimadas por meio de modelos lineares e de limiar.

Na avaliação genética de animais Nelore, a utilização de modelos lineares ou de limiar não influenciou a classificação dos animais para as características de conformação frigorífica à desmama e conformação frigorífica ao sobreano. Apesar da maior adequação teórica do modelo de limiar a características discretas, deve-se priorizar a utilização de modelos lineares, cujas análises apresentam menor custo operacional e equivalência quanto à ordem de classificação dos animais a serem selecionados.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDEL-AZIM, G.A.; BERGER, P.J. Properties of threshold model predictions. *J. Anim. Sci.* v.77, p. 582-590, 1999.

ALTARRIBA, J.; VARONA, L.; GARCIA-CORTES, L.A. et al. Bayesian inference of variance components for litter size in Rasa Aragonesa sheep. *J. Anim. Sci.* v.76, p. 23-28, 1998.

BARICHELO, F. *Estimativas de parâmetros genéticos para escores de avaliação visual, peso e perímetro escrotal à desmama de bovinos da raça Canchim*. 2007. 81 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 33, n. 02, p. 313-319, 2004.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerras Angus criados no estado do Rio Grande do Sul. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.30, n.01, p. 41-48, 2001.

CARLÉN, E.; EMANUELSON, U.; STRANDBERG, E. Genetic evaluation of mastitis in dairy cattle using linear models, threshold models, and survival analysis: A simulation study. *J. Dairy Sci.* v.89, p. 4049-4057, 2006.

CARNEIRO, R.L.R. *Estimativas de parâmetros genéticos de escore de temperamento e de características de crescimento e de carcaça em animais da*

- raça Nelore*. 2007. 57 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.
- DJEMALI, M.; BERGER, P.J.; FREEMAN, A.E. Ordered categorical sire evaluation for dystocia in Holsteins. *J. Dairy Sci.* v.20, p. 2374-2384, 1987.
- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. *Utilização de escores visuais de características morfológicas de bovinos Nelore como ferramenta para o melhoramento genético animal*. 1. ed. Planaltina: EMBRAPA Cerrados, 2007. 40 p.
- 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. *Pesq. Agropec. Bras.*, v.43, n.7, p. 835-841, 2008.
- GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genet. Sel. Evol.* v.15, p. 201-224, 1983.
- GIANOLA, D. Theory and analysis of threshold characters. *J. Anim. Sci.* v.54, 1079-1096, 1982.
- GILMOUR, A.R.; ANDERSON, R.D.; RAE, A.L. The analysis of binomial data by a generalized linear mixed model. *Biometrika*. v. 72, n. 3, p. 593-599, 1985.
- HOESCHELE, I.; TIER, B. Estimation of variance components of threshold characters by marginal posterior modes and means via Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.*, v.27, p. 519-540, 1995.
- KOURY FILHO, W. *Escore visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte*. 2005. 80 f. Tese (Doutorado em Zootecnia). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.
- MARCONDES, C.R.; PANETO, J.C.C.; SILVA, J.A.V. et al. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.57, p.234-240, 2005.
- MATOS, C.A.P.; THOMAS, D.L.; GIANOLA, D. et al. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters. *J. Anim. Sci.*, v.75, p.76-87, 1997.
- MEIJERING, A.; GIANOLA, D. Linear versus nonlinear methods of sire evaluation for categorical traits: a simulation study. *Genet. Sel. Evol.*, v.17, p.115-131, 1985.
- MICROSOFT CORPORATION. Microsoft Access 2003 software, 2003.
- MISZTAL, I. GIBBS2F90 Manual, 2009. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>>. Acessado em: 20 dez. 2009.
- MISZTAL, I. REMLF90 Manual. 2000. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>>. Acessado em: 20 dez. 2009.
- MORENO, C.; SORENSEN, D.; GARCÍA-CORTÉS, et al. On biased inferences about variance components in the binary threshold model. *Genet. Sel. Evol.*, v.29, p.145-160, 1997.
- NIETO, L.M.; MARTINS, E.N.; MACEDO, F.A.F. et al. Utilização de um modelo de limiar na estimação da herdabilidade de resistência dos ovinos aos endoparasitos. *Acta Scientiarum*. v.25, n.1, p. 151-155.

- OLENSEN, I.; PEREZ-ENCISO, M.; GIANOLA, D. et al. A comparison of normal and nonnormal mixed model for number of lambs Born in Norwegian sheep. *J. Anim. Sci.* v.72, p. 1166-1173, 1994.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block size are unequal. *Biometrics*, v.58, p. 545-554. 1971.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM, R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. M. How many iterations in the Gibbs sampler? In: BERNARDO, J; BERGER, J. O.; DAWID, A.P. *Bayesian Statistics IV*. U.K.: Oxford University Press, 1992. p. 763-774.
- RAMIREZ-VALVERDE, R.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. *J. Anim. Sc.*, v.79, p.333-338, 2001.
- SAS INSTITUTE. SAS/STAT Software: changes and enhancement through release 8.2. Cary, 2000.
- SMITH, B. J. boa: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. *J. Stat. Software* 21:1-37, 2007.
- SORENSEN, D.A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D. et al. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genetics Selection Evolution*, v.27, p.229-249, 1995.
- TSURUTA, S.; MISZTAL, I. (2009). THRGIBBS1F90. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html/>>. Acessado em: 20 dez. 09.
- VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P.; SILVA, J.A.V. et al. Estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de máxima verossimilhança restrita e R. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.32, n.6, p.1624-1632, 2003.
- VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multipletrait threshold model and Gibbs sampling. *J. Anim. Sci.*, v.76, p. 2048-2061, 1998.
- VARONA, L.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Threshold-linear versus linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: I. Variance component estimation. *J. Anim. Sci.*, v.77, p.1994-2002, 1999.

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)