

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS

**Modelos estatísticos para análise genética de
escores visuais em bovinos de corte**

Petterson Souza Sima

Belo Horizonte

2015

Petterson Souza Sima

**Modelos estatísticos para análise genética de
escores visuais em bovinos de corte**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais como requisito parcial para a obtenção do grau de Mestre em Zootecnia.

Área de concentração: Genética e Melhoramento Animal

Orientador: Prof. Dr. Idalmo Garcia Pereira

Belo Horizonte

2015

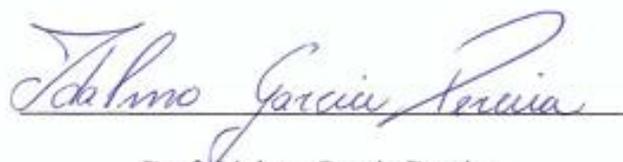
S588m Sima, Petterson Souza, 1988-
Modelos estatísticos para análise genética de escores visuais em bovinos de corte /
Petterson Souza Sima. – 2015.
52 p. : il.

Orientador: Idalmo Garcia Pereira
Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária.
Inclui bibliografia

1. Bovino de corte – Genética – Teses. 2. Bovino de corte – Crescimento – Teses.
3. Modelos estatísticos – Teses. I. Pereira, Idalmo Garcia. II. Universidade Federal
de Minas Gerais. Escola de Veterinária. III. Título.

CDD – 519.5

DISSERTAÇÃO defendida e aprovada em 24/02/2015 pela Comissão Examinadora composta pelos seguintes membros:



Prof. Idalmo Garcia Pereira

(Orientador)



Prof. Fabio Luiz Buranelo Toral



Prof. Fabyano Fonseca e Silva

DEDICATÓRIA

À minha família por todo ensinamento, apoio e incentivo durante minha vida.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente e sempre a Deus acima de tudo, por ter me acompanhado em todos os meus planos e ter me mostrado o caminho até aqui.

Aos meus pai, Elias Medeiros Sima e Sheila Souza Sima, que mesmo fisicamente longe têm me dado todo o suporte e incentivo necessário durante toda minha vida acadêmica.

Aos meus irmãos Karen Christine Souza Sima e Christian Souza Sima, por todo apoio.

Aos meus avós pelo estímulo em cada contato.

À minha namorada Bruna Michelle, por todo companheirismo e motivação.

À Universidade Federal de Minas Gerais, pela infraestrutura física e pedagógica, sem os quais não seria possível a minha formação.

Ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária, especialmente aos professores por todo conhecimento compartilhado.

Ao professor Idalmo Garcia Pereira, pela orientação, amizade e oportunidade de realização desse trabalho.

Ao professor Fabio Luiz Buranelo Toral, pela valiosa coorientação durante a realização desse trabalho.

Ao professor Fabyano Fonseca e Silva pelas considerações e contribuições quem vieram a enriquecer esta dissertação.

À CAPES pelo apoio financeiro mediante a concessão da bolsa de estudos, imprescindível durante meu curso.

À ABCZ pela disponibilização dos dados das provas de ganho de peso de tourinhos Nelore à pasto.

Aos amigos que me ajudaram prontamente durante às análises, Fernanda Santos Silva Raidan e Tiago Luciano Passafaro, como também pela amizade. A ajuda de vocês foi determinante.

Aos demais amigos do LADA, Larissa Kretli Winkelströter, Adriane Rafaela Barbosa, Virgínia Mara Pereira, Marcos Mitsuo Sonohata, Natália Ludmila Lins Lima, Muller Marques de Carvalho Gomes e Juan Salvador Andrade Tineo, pela amizade e companhia.

Meu muito obrigado a todos.

LISTA DE TABELAS

1 – Escala de escores das avaliações visuais do Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos (PMGZ).....	18
2 – Estatísticas descritivas de características de escores visuais ¹ e de desempenho ² de tourinhos Nelore em provas de ganho de peso a pasto.....	39
3 – Médias (intervalo de alta densidade, 95%) a posteriori das variâncias genéticas aditivas (σ_a^2), residuais (σ_e^2) e fenotípicas (σ_p^2) de escores visuais ¹ e características de desempenho ² de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto, obtidas com modelos Bayesianos linear e de limiar (referentes à escala subjacente).....	40
4 – Médias (intervalo de alta densidade, 95%) a posteriori das herdabilidades (h^2) de escores visuais ¹ e características de desempenho ² de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto, obtidas com modelos Bayesianos linear e de limiar (referentes à escala subjacente).....	41
5 – Médias a posteriori das correlações genéticas (r_g) nos modelos linear (acima da diagonal) e limiar (abaixo da diagonal, referentes à escala subjacente) de escores visuais ¹ e características de desempenho ² de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto obtidas em análises multicaracterísticas.....	43
6 – Médias a posteriori das correlações fenotípicas (r_f) nos modelos linear (acima da diagonal) e limiar (abaixo da diagonal, referentes à escala subjacente) de escores visuais ¹ e características de crescimento ² de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto obtidas em análises multicaracterísticas.....	45
7 – Correlações de Spearman entre as médias a posteriori dos valores genéticos de escores visuais ¹ de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto, estimados pelos modelo linear e de limiar (referentes à escala subjacente).....	46

LISTA DE FIGURAS

- 1 – Distribuição dos escores visuais para estrutura, precocidade, musculatura, umbigo (esquerda), raça, aprumos e sexualidade (direita) em bovinos Nelore em provas de ganho em peso a pasto..... 32

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	10
CAPÍTULO 1	11
1 INTRODUÇÃO GERAL	11
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
2.1 Características de crescimento.....	14
2.2 Escores Visuais.....	16
2.3 Alternativas de modelos de avaliação genética.....	20
2.3.1 Modelo Linear Misto.....	20
2.3.2 Modelo de Limiar (threshold).....	23
REFERÊNCIAS	26
CAPÍTULO 2	30
1 INTRODUÇÃO	30
2 MATERIAL E MÉTODOS	32
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	38
4 CONSIDERAÇÕES FINAIS	48
REFERÊNCIAS	49

MODELOS ESTATÍSTICOS PARA ANÁLISE GENÉTICA DE ESCORES VISUAIS EM BOVINOS DE CORTE

Resumo: Teve-se como objetivo avaliar parâmetros genéticos para características de desempenho e escores visuais, bem como a classificação de tourinhos Nelore, obtidas em análises bayesianas multicaracterísticas com modelo linear e de limiar. Os tourinhos avaliados foram participantes de 538 provas de ganho em peso (PGP) realizadas entre 2003 e 2012, oficializadas pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu, totalizando 24.910 animais. As características avaliadas foram peso corrigido aos 550 dias (P550), ganho médio diário (GMD), e escores visuais de estrutura corporal (E), precocidade (P), musculosidade (M), umbigo (U), caracterização racial (R), aprumos (A) e sexualidade (S). Nos modelos estatísticos foram considerados os efeitos fixos de PGP e a idade ao final da prova como covariável aninhada em PGP, e os efeitos aleatórios genético aditivo do animal e residual. Os modelos apresentaram-se apropriados para obtenção das estimativas de variâncias (genética aditiva, residual e fenotípica), herdabilidades e correlações (genéticas e fenotípicas), com obtenção de médias próximas, mas intervalos de alta densidade a 95% se sobrepondo, não caracterizando assim diferença entre as mesmas. As estimativas obtidas sugerem que as características avaliadas possuem potencial para seleção individual por apresentarem variabilidade genética e herdabilidades favoráveis. Os escores E, P e M apresentaram altas correlações favoráveis entre si e com as características de crescimento, indicando possibilidades de progresso genético em uma característica a partir da seleção em outra. Além disso, a seleção conjunta entre características de crescimento e escores visuais podem propiciar a seleção de animais com bom desempenho ponderal e que apresentem biótipos desejáveis. Quanto à classificação dos tourinhos pelos valores genéticos, não foi observada diferença significativa entre os modelos, com correlações Spearman acima de 0,99 quando considerados todos os animais. Observou-se diferença apenas quanto à classificação dos tourinhos considerados top 1% para cada característica. Essas diferenças observadas nas classificações dos tourinhos top 1%, aliadas à diferença no ajustamento dos modelos de acordo com o *Deviance Information Criterion*, onde o modelo de limiar apresentou melhor ajustamento, permitem afirmar que existe diferença na avaliação genética a partir de análises bayesianas com modelo linear e de limiar. Esses resultados indicam que modelo de limiar é mais adequado para escores visuais em programas de melhoramento genético de bovinos de corte.

Palavras-chave: avaliação visual, características de crescimento, EPMURAS, limiar, Nelore

STATISTICAL MODELS FOR GENETIC ANALYSIS VISUAL SCORES IN BEEF CATTLE

Abstract: Had as objective to evaluate genetic parameters for performance traits and visual scores features as well as the classification of Nelore, obtained in multi-traits Bayesian analysis with linear model and threshold. The evaluated young bulls were participants from 538 performance tests (PGP), conducted between 2003 and 2012, official by the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ), totaling 24,910 animals. The evaluated characteristics were weight corrected for 550 days (P550), average daily gain (GMD), and visual scores of body structure (E), precocity (P), muscling (M), navel (U), breed standard (R), feet and legs (A) and sexual characteristics (S). In statistical models were considered fixed effects of PGP and age at end of the test as nested covariate in PGP, and random effects additive animal and residual. The models presented themselves suitable for obtaining the variance estimates (additive genetic, residual and phenotypic), heritability and correlations (genetic and phenotypic), obtaining means close, but high density ranges to 95% overlapping, not characterizing difference there between. The estimates suggest that the evaluated traits have potential for individual selection for presenting genetic variability and heritability favorable. Scores E, P and M were highly favorable correlated with each other and with growth traits, indicating genetic possibilities of progress on a trait from the selection in another. Moreover, the joint selection among performance traits and visual scores can provide selection of animals with good performance and presents desirable biotypes. Regarding the classification of young bulls by breeding values, there was no significant difference between the models, with Spearman correlations above 0.99 when considered all animals. There was difference only on the classification of young bulls considered top 1% for each trait. These differences in the classifications of young bulls top 1%, together with the difference in the adjustment of the models according to Deviance Information Criterion, where the threshold model showed better adjustment, allow us to say that there is difference in genetic evaluation from Bayesian analyzes with linear and threshold model. These results indicate that threshold model is most appropriate for visual scores in breeding beef cattle programs.

Keywords: visual evaluation, performance traits, EPMURAS, threshold, Nelore

CAPÍTULO 1

1 INTRODUÇÃO GERAL

A crescente participação do setor agropecuário na composição da renda do agronegócio tem feito do mercado da pecuária de corte brasileira um dos mais importantes segmentos produtivos do país e do mundo. Isso é reforçado pelo fato de que o Brasil encontra-se em posição de destaque no mercado mundial da carne, ocupando a primeira colocação no ranking de exportadores e sendo o segundo maior rebanho mundial, com aproximadamente 208 milhões de bovinos, compostos em sua maior parte por animais de origem zebuína, cerca de 80% (ABIEC, 2012).

O desenvolvimento nas áreas de nutrição, sanidade, manejo e genética, impulsionados pela constante crescente demanda de carne de qualidade pelos mercados interno e externo, têm contribuído para um aumento crescente na eficiência produtiva das propriedades rurais. A economia globalizada observada nos últimos anos, responsável pela abertura de novas fronteiras agrícolas, fez da eficiência condição básica para a sobrevivência na atividade pecuária, exigindo a exploração de medidas que visem esse aumento na produtividade. Como exemplo, tem-se a redução do período de permanência dos animais na propriedade e melhora dos índices zootécnicos para produção de carne em menor espaço de tempo a menor custo (Manicardi, 2011).

Os programas de melhoramento genético têm gerado contribuições significativas para a pecuária de corte, objetivando o aumento da rentabilidade do sistema de exploração por meio da seleção dentro de raças ou a partir de cruzamentos. É possível observar grande evolução tecnológica na atividade pecuária, com o emprego de tecnologias no melhoramento genético animal, como avaliações genéticas fornecedoras de DEP (diferença esperada na progênie), incremento na precocidade sexual, ultrassonografia de carcaça, marcadores moleculares, dentre outras. Logo, pesquisadores, empresas e técnicos têm se esforçado na identificação de animais geneticamente superiores para um conjunto de características consideradas capazes de contribuir no aumento dessa eficiência produtiva. Por isso, a identificação de critérios de seleção (características que influenciam o objetivo de seleção) constitui uma preocupação para maioria dos selecionadores.

Todo esse processo está pautado na utilização de ferramentas que possibilitem o desenvolvimento dos processos de avaliação e seleção de forma rápida e com baixo custo. Por isso, os escores visuais aparecem como critérios de seleção alternativos para o melhoramento genético de características relacionadas à carcaça, por ser um método capaz de avaliar um

grande número de animais simultaneamente e de forma rápida, com custos mínimos (Koury Filho et al., 2009). Outro fato observado é a realização de pesquisas objetivando a associação dos escores visuais com características de desempenho. O estudo de características de desenvolvimento ponderal é de grande importância devido as suas associações com a rentabilidade da atividade e representa um dos mais antigos parâmetros de seleção em bovinos de corte. Nesta atividade, as características de crescimento, como peso ao sobreano e ganho médio diário, e as medidas correlacionadas com escores visuais, como EPMURAS (Koury Filho, 2001), têm surgido como alternativa de critério de seleção nos programas de melhoramento genético.

A estimativa dos parâmetros genéticos não é uma tarefa simples, no entanto, é de fundamental importância na obtenção de índices que combinem estes critérios de forma que maximizem a resposta à seleção e, conseqüentemente, elevando a produtividade e rentabilidade da atividade pecuária. Logo, o aprimoramento de metodologias de estimação desses parâmetros tem sido uma busca constante, pois os mesmos precisam ser corretamente estimados para que a predição de valores genéticos sejam o mais próximo possível dos valores reais. E com a decisão de utilização de escores visuais em avaliações visuais um complicador é gerado: a natureza discreta dos dados.

Existem muitas características de interesse biológico ou importância econômica, cuja herança é multifatorial, mas cuja distribuição é descontínua. E os escores visuais são um exemplo disso. De acordo com Falconer e Mackay (1996), características deste tipo parecem estar, à primeira vista, fora do contexto da genética quantitativa. Mas quando submetidas à análise genética, observa-se que elas estão sob a influência de muitos genes, à semelhança das características métricas. Deste modo, elas têm sido consideradas como aquelas que apresentam “variações quase contínuas”.

Tendo-se conhecimento de tal conjuntura, é sabido que as características morfológicas não apresentam distribuição normal dos dados, por isso deve ser dada uma atenção diferenciada às suas análises genéticas, uma vez que os modelos lineares, habituais na avaliação genética, consideram tais características como contínuas, ignorando sua natureza discreta. Os modelos de limiar (*Threshold*) são baseados na suposição de que as classes de dados categóricos estão relacionadas a um delineamento de uma escala subjacente normal contínua, que não é visível, mas têm íntima ligação com a escala visível descontínua (Falconer e Mackay, 1996). Portanto, a utilização de modelos de limiar tem aparecido como

metodologia alternativa, por sua maior habilidade teórica na detecção de variabilidade genética dessas características.

Diante do exposto, a seguir neste capítulo (1) é apresentado uma revisão genético-quantitativa sobre as características de crescimento e escores visuais, além de modelos estatísticos para análise genética das mesmas. Em um próximo capítulo (2) é apresentado um estudo com objetivo de avaliar as estimativas dos parâmetros genéticos para tais características, assim como a classificação de tourinhos submetidos a prova de ganho em peso, obtidas por modelo linear tradicional e de limiar (*Threshold*), via Inferência Bayesiana.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Características de crescimento

Dentre todas as características capazes de ser estudadas na seleção de gado de corte, as de desempenho ponderal são as mais pesquisadas e conhecidas devido a sua importância nos programas de melhoramento e a facilidade de mensuração. Aliado à isso, a busca por animais com maior velocidade de crescimento, de modo que permaneçam menor tempo no sistema de criação, encurtando assim o ciclo de produção, tem sido o ponto de convergência da pecuária nacional. Por isso, a seleção de bovinos de corte é amplamente feita com base no desenvolvimento ponderal (pesos corporais e ganhos de pesos nas diferentes idades).

Revisando-se as pesquisas realizadas com características de crescimento, percebe-se que as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas para as características de desenvolvimento ponderal apresentam-se com magnitudes de média a alta para este último parâmetro genético, para bovinos de corte (Yokoo et al., 2007; Boligon et al., 2009; Pedrosa et al., 2010; Andrighetto et al., 2011; Boligon et al., 2011; Gonçalves et al., 2011; Laureano et al., 2011; Ferriani et al., 2013; Lima et al. 2013; Fragomeni et al., 2013).

Mas há de ser notar que, ao selecionar para estas características, tal fato pode ocasionar o aumento do peso corporal adulto dos animais, caso o foco seja em maior peso nas diversas idades e maior ganho de peso diário, causando um desequilíbrio entre produção de forragem e a necessidade de manutenção, reprodução, lactação e crescimento (Fries, 1996). Logo, nas últimas décadas iniciou-se o questionamento da seleção apenas com base no desenvolvimento ponderal, mostrando a necessidade de estudos das características de peso corporal concomitante a outras características, de forma que essas estão sendo incluídas nos programas de melhoramento, para promover a princípio uma maior disponibilidade de características avaliadas geneticamente a disposição dos pecuaristas.

O peso corporal medido ao sobreano expressa a habilidade do animal em ganhar peso no período pós-desmama. Diversos estudos realizados para estimar os parâmetros genéticos para peso corporal ao sobreano em idade padrão (550 dias), indicam que é esperado considerável progresso genético na característica que é foco de seleção e resposta correlacionada favorável em outras, como ganho médio diário e escores visuais. Isso ocorre porque características de peso em diferentes idades apresentam potencial de resposta à seleção direta e estão geneticamente correlacionadas favoravelmente com outras características e entre si.

Boligon et al. (2009), em estudo de herdabilidades (h^2) e correlações entre pesos em várias idades (ao nascer, desmama, sobreano, dois, três e cinco anos de idade) na raça Nelore, observaram h^2 de 0,34 para peso ao sobreano e correlações de magnitude alta com todas as idades avaliadas, em análises multicaracterísticas. Os autores observaram ainda que as estimativas de variâncias genéticas aditiva, principalmente para peso ao sobreano, foram superiores em análises bi e multicaracterística comparado a unicaracterística. Esse aumento na diferença do componente de variância genético aditivo nos modelos é reflexo da remoção do vício, decorrente de seleção, que ocorre com os modelos bi e multicaracterísticas (Meyer, 1995).

Segundo Koury Filho et al. (2010), há altas correlações genéticas entre os escores visuais em diferentes idades com peso ao sobreano, o que evidencia a associação genética entre os escores visuais e características de peso. Os autores estimaram parâmetros genéticos em bovinos Nelore quanto às correlações entre peso e escores visuais de conformação, precocidade e musculatura, obtendo valores de 0,83; 0,59 e 0,58; respectivamente, em análises bicaracterística. Esses ainda estimaram h^2 de 0,37 para peso ao sobreano.

Semelhantemente, correlações favoráveis e de magnitude moderada também foram estimadas por Andrighetto et al. (2011) entre peso ao sobreano e escores visuais de estrutura corporal, precocidade e musculabilidade (0,62; 0,54 e 0,66; respectivamente). Isso significa que realizando seleção no rebanho a partir do peso ao sobreano, espera-se que também ocorra progresso genético nas características de escore visual avaliadas.

Laureano et al. (2011), avaliando características de crescimento em bovinos Nelore, observaram h^2 para ganho entre a desmama e sobreano de 0,23, considerado de magnitude moderada, e 0,24 para peso ao sobreano, valor esse inferior aos observados por muitos autores, mas ainda assim possível de se esperar progresso genético a partir de seleção baseada nessas características.

Já os autores Gonçalves et al. (2011) obtiveram estimativa de herdabilidade bastante alta para peso ao sobreano, 0,75, o que pode ser resultante, segundo os autores, ao fato de se tratar de um rebanho apenas, sob constante programa de seleção e com grupos de contemporâneos bem definidos, possibilitando menor estimativa de variância residual. Nota-se que este valor foi bastante elevado comparado à maioria das estimativas encontradas na literatura, mas semelhante ao observado por Ribeiro et al. (2001) e Fragomeni et al. (2013), onde os autores estimaram herdabilidade de 0,76 e 0,73, respectivamente, possibilitando maiores expectativas de progresso genético no rebanho e grande potencial para resposta a

seleção individual, com base no peso ao sobreano. Os últimos autores citados ainda obtiveram estimativas de herdabilidade moderada para ganho médio diário, igual a 0,31, com alta correlação com peso ao sobreano, 0,74.

Ferriani et al. (2013) também observaram herdabilidade moderada para peso ao sobreano, sendo 0,34. Comportamento similar foi observado por Lima et al. (2013), que estimaram herdabilidades de moderada a alta para peso ao sobreano (0,46) e ganho médio diário (0,26). Além disso, os autores observaram correlação genética favorável entre peso ao sobreano e ganho médio diário (0,25) e correlações moderadas, de modo geral, com escores visuais avaliados pelo método EPMURAS.

Tais resultados justificam a utilização dessas características como critérios de seleção e indicam que a seleção baseada em características de crescimento podem promover progresso genético em populações de bovinos Nelore, não só em relação à essas características como outras, tais quais os escores visuais, a partir de respostas correlacionadas.

2.2 Escores Visuais

Na pecuária de corte, algumas características que se apresentam como alternativas são quantificadas através de avaliações visuais por escores. A avaliação por escores visuais é considerada uma técnica de fácil aplicação para se identificar animais de melhor biótipo produtivo, onde um grande número de animais pode ser avaliado visualmente simultaneamente, sem serem necessárias mensurações diretas nos mesmos, agilizando o processo de obtenção dos dados.

O método atual adotado pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), denominado EPMURAS, deriva de estudos conduzidos por Koury Filho (2001) e Koury Filho e Albuquerque (2002), com base em estudos e experiência de campo (Josahkian et al., 2003).

De acordo com Josahkian et al. (2003), o que se avalia em cada uma das características é:

- **Estrutura Corporal (E)**: Prediz visualmente a área que o animal abrange visto de lado, olhando-se basicamente para o comprimento corporal e profundidade de costelas. A área que o animal abrange está intimamente ligada aos seus limites em deposição de tecido muscular.

- **Precocidade (P)**: Nesta avaliação as maiores notas recaem sobre animais de maior profundidade de costelas em relação à altura de seus membros. Na prática, principalmente em idades mais jovens, onde muitas vezes os animais ainda não apresentam gordura de cobertura,

o objetivo é identificar o desenho que corresponda a indivíduos que irão depositar gordura de acabamento mais precocemente, e que, via de regra, são os indivíduos com mais costelas em relação à altura de seus membros. Vale ressaltar que indicativos de deposição de gordura subcutânea somam para a avaliação do tipo precoce. Por exemplo, a musculatura, quanto mais definida, menor a capa de gordura que a recobre, a virilha baixa ou pesada e também a observação de pontos específicos, tais como a inserção da cauda, a maçã do peito, a paleta e a coluna vertebral são elementos adicionais que auxiliam na observação dessa característica.

- **Musculosidade (M)**: A musculosidade é avaliada através da evidência das massas musculares. Animais mais musculosos e com os músculos bem distribuídos pelo corpo, além de pesarem mais na balança, apresentam melhor rendimento e qualidade da carcaça, o que reflete diretamente na receita do pecuarista.

- **Umbigo (U)**: É avaliado a partir de uma referência do tamanho e do posicionamento do umbigo (umbigo, bainha e prepúcio), devendo ser penalizado os indivíduos que apresentarem prolapso de prepúcio. No Brasil, a grande maioria dos rebanhos é criada em grandes áreas de pastagem, e nos machos, umbigo, bainha e prepúcio de maior tamanho, pendulosos e ocorrência de prolapso, são mais susceptíveis a patologias ocasionadas por traumatismos, e estas são muitas vezes irreversíveis ou extremamente complexas em termos de manejo curativo.

- **Caracterização Racial (R)**: Todos os itens previstos nos padrões raciais das respectivas raças zebuínas são considerados. O tipo racial é um distintivo comercial forte e tem valor de mercado, o que, por si só, justifica sua inclusão em um programa de seleção.

- **Aprumos (A)**: São avaliados através das proporções, direções, angulações e articulações dos membros anteriores e posteriores. Diferente da situação encontrada em países onde se confina maior percentual de animais, no Brasil a maioria dos animais é criada a pasto com suplementação mineral, e com isso os animais são obrigados a percorrerem grandes distâncias, favorecendo aqueles de melhores aprumos. Na reprodução, bons aprumos são fundamentais para o macho efetuar bem a monta e para a fêmea suportá-la, além de estarem diretamente ligados ao período de permanência do indivíduo no rebanho.

- **Sexualidade (S)**: Busca-se masculinidade nos machos e feminilidade nas fêmeas, sendo que estas características deverão ser tanto mais acentuadas quanto maior a idade dos animais avaliados. Avaliam-se os genitais externos, que devem ser funcionais, de desenvolvimento condizente com a idade cronológica. Características sexuais do exterior do

animal parecem estar diretamente ligadas à eficiência reprodutiva, e a reprodução é a característica de maior impacto financeiro na atividade.

As pontuações em cada escore são apresentadas na Tabela 1.

TABELA 1 - Escala de escores das avaliações visuais do Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos (PMGZ)

Característica	Escore*					
Estrutura corporal (E)	1	2	3	4	5	6
Precocidade (P)	1	2	3	4	5	6
Musculosidade (M)	1	2	3	4	5	6
Umbigo (U)	1	2	3	4	5	6
Caracterização racial (R)	1	2	3	4		
Aprumos (A)	1	2	3	4		
Sexualidade (S)	1	2	3	4		

*Escore mais altos são os mais desejáveis, exceto U (3 e 4).

Fonte: Adaptado de Josahkian et al. (2003).

A utilização de escores visuais pode ser efetiva no processo de seleção de bovinos de corte segundo resultados de pesquisas, uma vez que essas características apresentam herdabilidade de média à alta magnitude além de variação genética suficiente. A exemplo temos o estudo de Faria et al. (2009a) que estimaram parâmetros genéticos dos escores visuais, com modelo de limiar, para E, P e M, ao sobreano, com médias de herdabilidade iguais a 0,44; 0,38 e 0,32; respectivamente. Correlações de alta magnitude ainda foram observadas entre E, P e M e peso ao sobreano, gerando valores iguais a 0,94; 0,62 e 0,72; respectivamente. Os autores ainda estimaram os valores genéticos e pela amplitude dos mesmos indica que houve pouco ou nenhuma seleção para essas características na população, afirmando que tal fato aliado às altas herdabilidades estimadas indicam a possibilidade de rápidas respostas a seleção direta. Resultados promissores também foram observados quando avaliados à idade de desmama.

Koury Filho et al. (2009), a partir de modelo linear bicaracterístico, também estudaram parâmetros genéticos entre escores visuais e peso. Os escores E, P e M apresentaram médias de 0,24; 0,63 e 0,48 para h^2 , respectivamente. Apesar da média para E ser considerado suficiente para se esperar ganhos genéticos através de seleção direta, as médias para P e M chamam a atenção por serem expressivas, similares a grande parte das estimativas de características de crescimento, como peso ao sobreano. Os autores ainda observaram correlações genéticas favoráveis entre os escores e peso ao sobreano, com médias de 0,83 (E), 0,42 (P) e 0,50 (M), indicando a possibilidade de maiores ganhos através de processos seletivos utilizando dessas características conjuntamente, possibilitando melhora na velocidade de crescimento e favorecendo a composição de índices de seleção.

Também utilizando modelo linear, Lima et al. (2013) observaram herdabilidades com magnitude de moderada a alta, de forma geral, para EPMURAS, variando de 0,18 a 0,43. Apenas o escore A destoou do comportamento geral, tendo média de $h^2 = 0,06$. Os autores ainda observaram correlações genéticas favoráveis, de moderada a alta, entre os escores e peso ao sobreano e ganho médio diário, variando de modo geral entre 0,32 e 0,97. Apenas A com ganho médio e R com peso ao sobreano apresentaram médias mais baixas (0,18 e 0,17; respectivamente).

Esses resultados corroboram com as afirmações de que a utilização concomitante de características de crescimento e escores visuais pode trazer resultados positivos em programas de melhoramento genéticos que considerem tais características como critérios. Pires et al. (2010) também observaram resultados de herdabilidades e correlações, entre E, P e M e peso à desmama, favoráveis à seleção direta dessas características, em análises estatísticas com modelos linear e de limiar.

Parâmetros genéticos para avaliações visuais, com métodos alternativos também foram estudados por outros autores. Faria et al. (2008ab) e Faria et al. (2009b) utilizaram do método MERCOS (musculosidade, estrutura física, aspectos raciais, conformação, ônfalo e sacro) em diferentes idades, enquanto Koury Filho et al. (2010) estimaram parâmetros genéticos para conformação, precocidade e musculosidade. Em ambos os métodos, a pontuação de cada escore é de 1 a 5, em que 5 é a melhor expressão da característica e 1 a pior. Apesar de serem métodos distintos entre si e comparados ao EPMURAS, os três seguem o mesmo raciocínio de avaliação visual e têm como critérios algumas características bastante similares, se não iguais, a exemplo de estrutura corporal, precocidade e musculosidade no método EPMURAS, estrutura física, conformação e musculosidade no método MERCOS e, por fim, conformação,

precocidade e musculosidade no método CPM. Isso é indicativo de que os métodos realizam avaliações das mesmas características ou outras muito similares, e o fato de tais características serem muito correlacionadas entre si corrobora com tal pressuposição, indicando a possibilidade de comparações entre os métodos.

Todos esses trabalhos com as metodologias MERCOS e CPM demonstraram resultados semelhantes aos anteriormente citados, com herdabilidades de magnitude moderada a alta, acima de 0,65 nas estimativas de Koury Filho et al. (2010), e correlações genéticas favoráveis entre escores e peso em várias idades, demonstrando que avaliações visuais têm potencial para serem exploradas em programas de melhoramento genético. Os trabalhos de Faria et al. (2008ab) e Faria et al. (2009b) foram realizados a partir de modelos lineares e/ou de limiar, enquanto Koury Filho et al. (2010) utilizaram do modelo linear.

Outro fator a ponderar é que a avaliação visual pode resultar em menor estresse para coleta de dados e também exige menor custo de implantação quando comparada as pesagens e avaliações de carcaça com ultrassonografia, possibilitando avaliar grande número de animais, semelhante a pesagem. Este último fato pode propiciar um incremento na intensidade de seleção, por disponibilizar um maior número de animais à seleção. Animais mais musculosos tendem a ser mais pesados e apresentam melhor rendimento de carcaça, o que pode resultar em mudanças na rentabilidade do pecuarista, de acordo com o mercado em que ele está inserido (Nicholson e Butterworth, 1986).

Cardoso et al. (2004), no entanto, afirmam que as estimativas de parâmetros genéticos encontradas na literatura para os escores visuais apresentam grande variação e dificuldade de comparações. Esta variação pode ser decorrente não somente de diferenças reais em variâncias genéticas para efeito direto, mas também pela subjetividade das metodologias utilizadas na coleta dos dados e devido a não padronização dos seus instrumentos que, no caso, são os avaliadores. Por isso a escolha da metodologia estatística mais adequada à natureza dos dados deve ser ressaltada, pois diferentes modelos também podem afetar o resultado das estimativas dos parâmetros genéticos (Koury Filho et al., 2009).

2.3 Alternativas de modelos de avaliação genética

2.3.1 Modelo Linear Misto

A metodologia dos modelos lineares mistos foi derivada por Henderson no ano de 1948, na tentativa de se combinar as teorias dos quadrados mínimos com as do índice de seleção. Embora esta metodologia já se encontrasse disponível desde esta época para obtenção

de estimativas de valores genéticos e componentes de variâncias, somente nos anos 70 é que foi colocada em prática, devido a melhor compreensão da técnica, e, principalmente, aos avanços na tecnologia computacional.

A princípio, todo modelo linear que contenha a média geral (μ), ou uma constante α , tomada como fixa, em um termo referente ao erro, assumido como aleatório é um modelo linear misto (Martins et al., 1993). No entanto, tal denominação é, geralmente, reservada a modelos que contenham efeitos fixos, além da μ ou da constante α , e qualquer outro termo aleatório, além do erro.

$$y_{ijk} = \mu + \beta_i + u_j + e_{ijk}$$

onde,

y_{ijk} é a observação do $k^{\text{ésimo}}$ indivíduo;

μ é a média geral;

β_i é o efeito fixo de nível i , $i = 1, \dots, p$;

u_j é o efeito aleatório de nível j , $j = 1, \dots, q$;

e_{ijk} é o erro associado a cada observação.

Em notação matricial, este modelo pode ser representado por:

$$y = X\beta + Zu + e$$

onde,

y é um vetor $n \times 1$ de observações;

X é a matriz de incidência $n \times p$ dos “ p ” efeitos fixos (conhecida);

β é o vetor $p \times 1$ de efeitos fixos (desconhecido);

Z é a matriz de incidência $n \times q$ dos “ q ” valores genéticos aleatórios (conhecida);

u é o vetor $q \times 1$ dos valores genéticos aleatórios (desconhecido);

e é o vetor $n \times 1$ dos erros.

Assumindo-se que:

$Var(u) = G$ (matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos em u);

$Var(e) = R$ (matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos residuais);

$E(y) = X\beta$;

$Var(y) = ZGZ' + R \Rightarrow y \sim N(X\beta, V)$;

onde a letra “ V ” é usada para a matriz de dispersão de y (matriz de variâncias e covariâncias das observações).

Portanto, as equações normais para este modelo podem ser reescritas como:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Estas equações podem, por exemplo, ser representadas como $C\hat{s} = t$, onde:

$$C = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} = \text{matriz de coeficientes};$$

$$\hat{s} = \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \text{vetor das soluções};$$

$$t = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} = \text{vetor das somas parciais de } y.$$

No último caso, se o rank de “C” não for completo, como frequentemente acontece na maioria das vezes, as estimativas de β não são únicas.

Comumente estas equações são denominadas de Equações dos Modelos Mistos e sua solução apresenta preditores com variância do erro de predição mínima entre todos os preditores lineares não-viesados. Conseqüentemente, é maximizada a correlação entre os valores verdadeiros e os preditos e, sob a suposição de que as observações apresentam distribuição normal, também é maximizada a probabilidade dos indivíduos serem classificados corretamente pelos seus valores genéticos (Martins et al., 1993).

A derivação das equações acima pode ser obtida através da minimização do quadrado médio do erro ou a partir da maximização da função densidade de probabilidade da distribuição conjunta de y e u :

$$f(y, u) = \frac{e^{-1/2[(y-X\beta-Zu)'R^{-1}(y-X\beta-Zu)+u'G^{-1}u]}}{(2\pi)^{1/2(n+q)}|R|^{1/2}|G|^{1/2}}$$

onde,

n = número de observações;

q = ordem de G .

Dedução destas equações são apresentadas por Martins et al. (1993).

Segundo Eler (1994) a solução do sistema de equações pode ser dada por:

$$\hat{s} = C^{-1}t$$

e pode ser interpretada da seguinte forma:

- a) as soluções para os efeitos fixos são **BLUE** (*Best Linear Unbiased Estimate*) de funções estimáveis dos efeitos fixos;
- b) os valores esperados das soluções correspondentes aos efeitos fixos, para os modelos sem interação, têm as seguintes propriedades:

$$E(\beta) = \beta$$

$$E[\beta_1 - \beta_2] = \beta_1 - \beta_2$$

- c) as soluções para os efeitos aleatórios são conhecidas pela sigla **BLUP**, que significa Melhor Preditor Linear Não-viesado, sendo:

Melhor no sentido de minimização dos erros de predição;

Linear porque usam funções lineares dos dados;

Não-viesado porque a esperança da estimativa é igual ao parâmetro.

Este modelo tem sido o tradicionalmente utilizado nas avaliações genéticas para grande maioria das características avaliadas que têm distribuição contínua normal.

2.3.2 Modelo de Limiar (*threshold*)

O conceito de limiar para características categóricas foi introduzido inicialmente por Wright (1934), quando ele estudava o número de dedos em uma linhagem endogâmica de suínos. No modelo de limiar, cada fenótipo, tais como fertilidade e tamanho da leitegada, que se manifesta sob uma escala categórica está associado com uma variável contínua subjacente que não é observada.

O conceito de um limiar em uma única população, na escala visível, tem-se que um indivíduo é classificado em uma de duas ou mais classes discretas, por exemplo, uma vaca concebe e recebe um escore “1” ou não concebe e recebe um escore igual a “0”. Em uma população, pode-se observar uma certa frequência de vacas que concebem, designada por “p”, e de vacas que não concebem, 1 – p (Sousa, 1997). Falconer e Mackay (1996) descrevem que existe uma variável subjacente que resulta da soma do componente genético e do componente ambiental normalmente distribuídos e independentes, e que a predisposição tem uma distribuição normal, com média zero e desvio padrão 1.

A escala subjacente é contínua e a escala visível ou observável é descontínua, mas as duas são conectadas pelo limiar ou ponto de descontinuidade. Isto se torna mais claro para características cuja expressão visível pode tomar, apenas, duas formas: concebeu e não concebeu. Animais, cujos valores fenotípicos na escala subjacente ultrapassam o limiar, aparecerão numa classe visível, enquanto os animais abaixo desse limiar aparecerão na outra

classe (Sorensen et al., 1995; Van Tassel et al., 1998; Gianola e Sorensen, 2002; Pires et al., 2010).

Assim, uma possível alternativa para avaliação genética dos escores visuais seria a utilização de modelo de limiar que apresentam maior habilidade para detecção da variabilidade genética em comparação ao modelo linear, já que se baseia na pressuposição de que as classes dos dados observáveis estejam relacionadas de alguma forma a um delineamento de uma variável normal ou escala subjacente contínua (Sorensen et al., 1995; Van Tassel et al. 1998;), representada como:

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

em que U é o vetor da escala base de ordem r ; $\theta' = (\beta', a', c')$ é o vetor dos parâmetros de locação de ordem s com β (definidos sob o ponto de vista frequentista, como efeitos fixos), e ordem s com a e c (como efeitos aleatórios genético aditivo direto e não correlacionados); W é a matriz de incidência conhecida de ordem r por s ; I é a matriz de identidade de ordem r por r ; e σ_e^2 é a variância residual. A probabilidade condicional que y_i caia na categoria j ($j = 1, 2, 3, 4, 5, 6$), dado os vetores β, a, c e t ($t = t_{min}, t_1, \dots, t_{j-1}, t_{max}$), é apresentada como:

$$\begin{aligned} \Pr(y_i = j|\beta, a, c, t) &= \Pr(t_{j-1} < U_i < t_j|\beta, a, c, t) \\ &= \Phi(t_j - X_i'\beta - z_i'a - z_i'c) - \Phi((t_{j-1} - x_i'\beta - z_i'a - z_i'c) = p(y_i|\beta, a, c, t) \end{aligned}$$

As características categóricas são determinadas por variáveis contínuas não observáveis, em escala subjacente, e são fixados valores iniciais de limiares, em que $t_1 < t_2 \dots < t_{j-1}$, com $t_0 = -\infty$ e $t_j = \infty$, onde j é o número de categorias.

Van Tassel et al. (1998) tornaram possíveis as análises multicaracterísticas que relacionam dados contínuos e categóricos. Gianola e Foulley (1983) apresentaram alternativas para análise de modelos de limiar. Posteriormente, nos modelos de limiar existe a suposição de que as classes de dados categóricos estão relacionadas a um delineamento de uma escala subjacente normal (Sorensen et al., 1995, Gianola e Sorensen, 2002; Pires et al., 2010). Segundo Van Tassel et al. (1998), a seleção baseada nos valores genéticos obtidos com modelos de limiar pode promover maior ganho genético em função da melhor identificação de animais geneticamente superiores e da obtenção de herdabilidades mais altas na escala subjacente.

A desvantagem na utilização de modelos não lineares, à exemplo do modelo de limiar, é a necessidade de maior tempo de processamento das análises e maior exigência em capacidade de processamento computacional. Em compensação, por ter maior habilidade para detecção de variabilidade genéticas, as estimativas de herdabilidades obtidas através do modelo de limiar tendem a serem maiores comparadas às obtidas por modelos lineares (Marcondes, 2003; Marcondes et al., 2005). Segundo Ramirez-Valverde et al. (2001), o modelo de limiar oferece maior vantagem sobre o modelo linear nas análises sob modelo animal avaliando dificuldade de parição em bovinos de corte, uma característica também categórica como escores visuais.

REFERÊNCIAS

- ABIEC – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE – Pecuária Brasileira – 2012. Disponível em: <<http://abiec.com.br/>>. Acessado em: fev. 2015.
- ANDRIGHETTO, C.; SOARES FILHO, C. V.; FONCESCA, R. et al. Correlações entre escores visuais e características produtivas em prova de ganho de peso de bovinos da raça Nelore Mocha. *Veterinária e Zootecnia*, v.18, p.602-609, 2011.
- BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; MERCADANTE, M. E. Z. et al. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.38, n.12, 2009.
- BOLIGON, A. A.; MERCADANTE, M. E. Z.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic associations of conformation, finishing precocity and muscling visual scores with mature weight in Nelore cattle. *Livestock Science*, v.135, p.238-243, 2011.
- 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.2, p.313-319, 2004.
- ELER, J. P. *Utilização de modelos animais univariados e multivariados na avaliação genética de bovinos da raça Nelore*. 1994. 112f. Tese (Livre-docência) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4. ed. Edinburg: Longman Group Limited, 1996. 464p.
- FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G. et al. Estimativas de correlações genéticas entre escores visuais e características de crescimento em bovinos da raça nelore utilizando modelos bayesianos linear-limiar. *Ciência Animal Brasileira*, v.9, n.2, p.327-340, 2008a.
- FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G. et al. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.43, n.7, p.835-841, 2008b.
- FARIA, C. U.; KOURY FILHO, W.; MAGNABOSCO, C. U. et al. Bayesian inference in genetic parameter estimation of visual scores in Nellore beef-cattle. *Genetics and Molecular Biology*, v.32, p.753-760, 2009a.

FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQU, L. G. et al. Avaliação genética de características de escores visuais de bovinos da raça Nelore da desmama até a maturidade. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.38, n.7, p.1191-1200, 2009b.

FERRIANI, L.; ALBUQUERQUE, L. G.; BALDI, F. S. B. et al. Parâmetros genéticos de características de carcaça e de crescimento de bovinos da raça Nelore. *Archivos de Zootecnia*, v.62, n.237, p.123-129, 2013.

FRAGOMENI, B. O.; SCALEZ, D. C. B.; TORAL, F. L. B. et al. Genetic parameters and alternatives for evaluation and ranking of Nelore young bulls in pasture performance tests. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.42, n.8, 2013.

FRIES, L. A. Uso de escores visuais em programas de seleção para a produtividade em gado de corte. In: SEMINÁRIO NACIONAL - REVISÃO DE CRITÉRIOS DE JULGAMENTO E SELEÇÃO EM GADO DE CORTE, 1., 1996, Uberaba. *Anais...* Uberaba: Associação Brasileira de Criadores de Zebu, 1996. p.1-6.

GIANOLA, D.; FOULLEY, J. L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genetics Selection Evolution*, v.15, p.201-224, 1983.

GIANOLA, D.; SORENSEN, D. *Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics*. New York: Springer-Verlag, 2002. 740p.

GONCALVES, F. M.; PIRES, A. V.; PEREIRA, I. G. et al. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.63, n.1, p.158-164, 2011.

JOSAHKIAN, L. A.; MACHADO, C. H. C.; KOURY FILHO, W. *Manual do programa de melhoramento genético das raças zebuínas*. Uberaba: ABCZ, 2003. 98p.

KOURY FILHO, W. *Análise genética de escores de avaliações visuais e suas respectivas relações com o desempenho ponderal na raça Nelore*. 2001. 82f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G. Proposta de metodologia para coleta de dados de escores visuais para programas de melhoramento. In: CONGRESSO BRASILEIRO DAS RAÇAS ZEBUÍNAS, 5., 2002, Uberaba. *Anais...* Uberaba: ABCZ, 2002. p.264-266.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M. et al. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.38, n.12, p.2362-2367, 2009.

KOURY FILHO, W; ALBUQUERQUE, L. G.; FORNI, S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.39, n.5, p.1015-1022, 2010.

LAUREANO, M. M. M.; BOLIGON, A. A.; COSTA, R. B. et al. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.63, n.1, p.949-958, 2011.

LIMA, P. R. M.; PAIVA, S. R.; COBUCI, J. A. et al. Genetic parameters for type classification of Nelore cattle on central performance tests at pasture in Brazil, *Tropical Animal Health and Production*, v.45, p.1627-1634, 2013.

MANICARDI, F. R. *Estimativas de parâmetros genéticos e estudo comparativo de índices de seleção fenotípico e genético em provas de ganho de peso na raça Nelore*. 2011. 68f. Dissertação (Mestrado em Qualidade e Produtividade Animal) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.

MARCONDES, C. R. *Análise Bayesiana da probabilidade de permanência no rebanho como característica de seleção para a raça Nelore*. 2003. 100f. Tese (Doutorado em Genética) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.

MARCONDES, C. R.; PANETO, J. C. C.; SILVA, J. A. II V. et al. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.57, n.2, 2005.

MARTINS, E. N.; LOPES, P. S.; SILVA, M. A.; REGAZZI, A. J. *Modelo Linear Misto*. Viçosa: UFV, 1993. 46p.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. *Livestock Production Science*, v.44, p.125-137, 1995.

NICHOLSON, M. J.; BUTTERWORTH, M. H. *A guide to condition scoring of Zebu Cattle*. Ethiopia: Addis Ababa, 1986. 29p.

PEDROSA, V. B.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. et al. Parâmetros genéticos do peso adulto e características de desenvolvimento ponderal na raça Nelore. *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*, v.11, p.104-113, 2010.

PIRES, B. C.; FARIA, C. U.; VIU, M. A. O. et al. Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore. *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*, v.11, p.651-666, 2010.

RIBEIRO, M. N.; PIMENTA FILHO, E. C.; MARTINS, G. A. et al. Herdabilidade para efeito direto e materno de características de crescimento de bovinos Nelore no estado da Paraíba. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.30, p.1224-1227, 2001.

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. *Journal of Animal Science*, v.79, p.333-338, 2001.

SORENSEN, D.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D. et al. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genetics Selection Evolution*, v.27, p.229-249, 1995.

SOUSA, W.H. *Aplicação de modelos lineares e não lineares em características de reprodução, sobrevivência e crescimento de ovinos deslanados da raça Santa Inês*. 1997. 131f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multipletrait threshold model and Gibbs sampling. *Journal of Animal Science*, v.76, p.2048-2061, 1998.

WRIGHT, S. An analysis of variability in number of digits in an inbred strain of guinea pigs. *Genetics*, v.19, p.506-536, 1934.

YOKOO, M.J.I., ALBUQUERQUE, L.G., LÔBO, R.B. et al. Estimation of genetic parameters for hip height, weight and scrotal circumference in Nelore cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.36, p.1761-1768, 2007.

CAPÍTULO 2

1 INTRODUÇÃO

Na implementação de um programa de melhoramento genético é de extrema importância a determinação das características relevantes economicamente para o processo produtivo. Além disso, é necessário determinar as metodologias de mensuração e adequar os modelos de avaliação genética a natureza destas características.

Compondo os fatores ligados à eficiência de qualquer sistema de produção de gado de corte encontramos como importante integrante as características de desempenho, como o peso corporal. Todavia, medidas de peso não são suficientes para adequada avaliação do rendimento e qualidade da carcaça do animal após o abate.

Algumas características que se apresentam como alternativas para melhorar a produção de carne, qualidade da carcaça e precocidade de terminação são quantificadas através de avaliações visuais por escores. A identificação, seleção e utilização de animais geneticamente superiores como reprodutores aumenta de maneira cumulativa a frequência de genes desejáveis nos rebanhos e, por conseguinte, a de fenótipos interessantes economicamente.

Em uma implementação de programas de avaliação genética, a definição dos critérios de seleção é essencial. Assim, para definição da viabilidade de uma característica como critério de seleção, o conhecimento de sua variabilidade genética e associação genética com outras características são pontos-chaves (Mercadante et al., 1995; Faria et al., 2009; Koury Filho et al., 2010).

Realizar a seleção de animais em busca de um biótipo adequado ao sistema produtivo é um aspecto determinante para elevar a eficiência econômica da empresa rural e condição primordial para a sustentabilidade da atividade pecuária. Nesse sentido, escores de avaliação visual têm sido incluídos em programas de melhoramento genético para identificar indivíduos com melhor carcaça e que chegarão com maior rapidez ao abate.

Segundo Koury Filho et al. (2009), os escores visuais de Conformação (C), Precocidade (P) e Musculatura (M) apresentam herdabilidade de média à alta magnitude, semelhantes às estimativas encontradas para os pesos nas diferentes idades. Deste modo, são características que apresentam potencial para promover progresso genético via seleção direta. Porém, as metodologias de avaliação genética devem ser adequadas para estas características.

Os escores visuais são classificados como características descontínuas ou discretas. Logo, modelos com pressuposições de normalidade, apesar da maior facilidade de aplicação, tanto em modelo animal quanto no modelo de touro, e menor tempo para processamento, não

seriam as melhores opções para avaliação genética de escores visuais, teoricamente. Contudo, esses modelos foram utilizados em diversos estudos com características descontínuas (Koury Filho et al., 2009; Koury Filho et al., 2010; Andrighetto et al., 2011; Ferriani et al., 2013). Apesar disso, Marcondes et al. (2005) afirmam que modelos lineares não são apropriados para se quantificar a natureza discreta dos dados categóricos, devido a possibilidade de subestimar os parâmetros genéticos e permitir conclusões imprecisas referentes ao ganho genético dessas características, quando submetidas à seleção.

Assim, objetivou-se com este trabalho avaliar as estimativas dos parâmetros genéticos para características de desempenho e escores visuais, assim como a classificação de animais, obtidas por modelo linear tradicional e de limiar.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Neste trabalho foram utilizados dados de tourinhos da raça Nelore que participaram de 538 provas de ganho em peso (PGP) a pasto, oficializadas pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu, realizadas entre os anos de 2003 a 2012 nas regiões Norte (AC, RO, PA e TO), Nordeste (BA e MA), Centro-Oeste (GO, MT, MS), Sudeste (ES, MG e SP) e Sul (PR). As provas de ganho em peso a pasto tiveram duração total de 294 dias sendo 70 dias de adaptação e 224 dias de teste. Realizaram-se pesagens no início e no final do período de adaptação e ao final do período de teste.

As características avaliadas foram peso ao sobreano aos 550 dias (P550), ganho médio diário (GMD) e escores visuais de estrutura corporal (E), precocidade (P), musculabilidade (M), umbigo (U), caracterização racial (R), aprumos (A) e sexualidade (S). As avaliações visuais seguiram a técnica descrita por Josahkian et al. (2003). As características morfológicas, E, P, M e U foram avaliadas por meio de escores visuais na escala de um a seis e as características R, A e S na escala de um a quatro (Figura 1). Para obtenção da nota final da avaliação do escore U, afim de refletir o fato de que os valores 3 e 4 são mais desejáveis, os animais que receberam escores 6 ou 5 tiveram suas notas transformadas para 1 e 2, respectivamente.

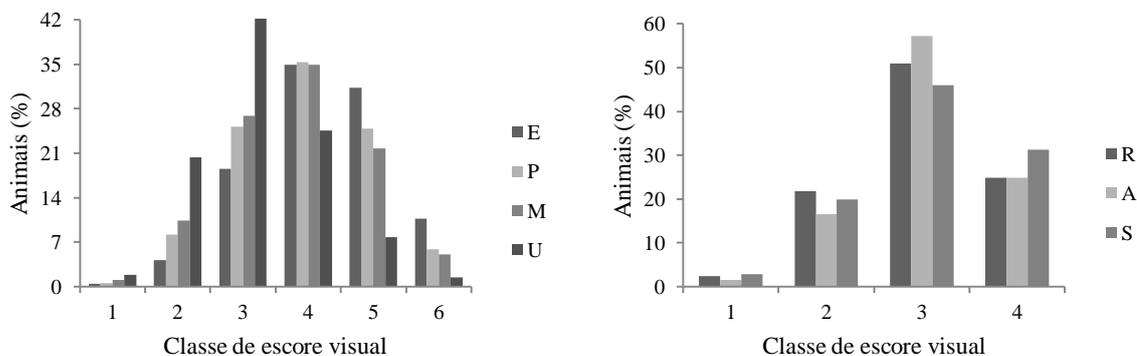


FIGURA 1 – Distribuição dos escores visuais para estrutura (E), precocidade (P), musculabilidade (M) e umbigo (U) (esquerda), e raça (R), aprumos (A) e sexualidade (S) (direita) em bovinos Nelore em provas de ganho em peso a pasto.

Foi realizada uma análise descritiva do banco de dados, a partir da qual estabeleceu-se as seguintes restrições: não serem considerados nas análises as observações dos animais com registros para peso com 3,5 desvios padrão abaixo ou acima da média dos contemporâneos, e também animais com idades inferiores a 505 e superior 595 no momento da coleta dos dados,

totalizando uma amplitude de 90 dias em torno da idade de sobreano (550 dias). Após, também foram feitas restrições quanto aos grupos de contemporâneos, definido pela PGP que o animal participou, onde aqueles constituídos por um total inferior a vinte animais foram descartados. Ao final das restrições, formou-se uma base de dados com 24.910 tourinhos. Os animais apresentavam idade média de 329 dias para início da prova, com desvio padrão de 24,39, e peso de entrada médio de 302,90 kg, com desvio padrão de 53,09 kg.

A matriz de parentesco foi construída a partir de um algoritmo recursivo utilizado para manter um conjunto de dados de pedigree formado por indivíduos com dados e seus ancestrais. Além desses, foram mantidos apenas animais que possuíam, pelo menos, um antepassado conhecido ligado a algum animal na base de dados anteriormente formada. Os demais animais foram excluídos do arquivo de pedigree (Toral e Alencar, 2010). Dessa forma, a matriz de parentesco foi composta apenas por dados genealógicos de animais considerados informativos, totalizando o numerador de 115.743 animais. Foram identificados 2.047 touros, dos quais 165 possuíam observação própria, 19.101 vacas e 13.688 animais na população base.

Amostras das distribuições *a posteriori* dos parâmetros genéticos foram obtidas via Amostrador de Gibbs, em análises multicaracterísticas, em um total de nove características. O modelo estatístico geral utilizado foi:

$$y_{hijk} = u_h + PGP_{hj} + b_{h(j)}(I_k - \bar{I}_j) + a_{hi} + e_{hijk},$$

em que: y_{hijk} representa o valor observado da característica h , do animal i , na prova j , com idade final k ; u_h , constante geral presente em todas as observações da característica h ; PGP_{hj} , efeito da prova j sobre a característica h ; $b_{h(j)}$, coeficiente de regressão linear da idade final k , aninhado na prova j , sobre a característica h ; I_k idade k ; \bar{I}_j , média da idade final dos animais da prova j ; a_{hi} , efeito genético aditivo direto do animal i , para a característica h ; e e_{hijk} , resíduo associado a cada observação.

Sob a forma matricial, o modelo geral pode ser apresentado como:

$$\underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\beta} + \underset{\sim}{Z} \underset{\sim}{a} + \underset{\sim}{e},$$

em que: $\underset{\sim}{y}$ representa o vetor de observações; $\underset{\sim}{X}$ é a matriz de incidência dos efeitos fixos; $\underset{\sim}{\beta}$ é o vetor de soluções para os efeitos fixos; $\underset{\sim}{Z}$ é a matriz de incidência dos efeitos genéticos

individuais; \underline{a} é o vetor de soluções para os efeitos genéticos aditivos individuais; \underline{e} é o vetor de erros.

Para realização de inferências sobre as distribuições dos parâmetros de interesse foram assumidas as seguintes distribuições a priori: do tipo flat, para $\left[\begin{matrix} \beta_1 & \dots & \beta_9 \\ \sim & & \sim \end{matrix} \right]^t \sim \text{constante}$), distribuições normais para os efeitos aleatórios $\left[\begin{matrix} a_1 & \dots & a_9 \\ \sim & & \sim \end{matrix} \right]^t \Big| A, G_0 \sim N\left(\left[\begin{matrix} 0 & \dots & 0 \end{matrix} \right]^t, G_0 \otimes A\right)$ e $\left[\begin{matrix} e_1 & \dots & e_9 \\ \sim & & \sim \end{matrix} \right]^t \Big| R, \sim N\left(\left[\begin{matrix} 0 & \dots & 0 \end{matrix} \right]^t, R_0 \otimes I\right)$. Distribuições Wishart invertidas foram assumidas para as matrizes de covariância (9x9) $G_0 (G_0 \sim IW(\Sigma_a^2, n_a))$ e $R_0 (R_0 \sim IW(\Sigma_e^2, n_e))$, em que $\Sigma_a^2, \Sigma_e^2, n_a$ e n_e representam os hiperparâmetros das distribuições Wishart invertidas. Informações sobre as distribuições condicionais completas a posteriori consideradas podem ser obtidas em Gianola e Sorensen (2002).

No modelo de limiar, foi utilizada a metodologia descrita por Sorensen et al. (1995) em que a variável categórica Y_i é relacionada a expressão da variável aleatória contínua subjacente U_i e, é determinado um limiar t , que neste caso variou de 1 a 5, e quando U_i está aquém ou além desse limiar, então Y_i pode variar de 1 a 6 ou de 1 a 4 de acordo com a característica de escore avaliada. Assumindo-se o que é proposto por Gianola e Sorensen (2002), a escala subjacente apresenta distribuição normal contínua, representada como:

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

em que: U é o vetor da escala base de ordem r ; $\theta' = (\beta', a')$ é o vetor dos parâmetros de locação de ordem s , com β definido como vetor de soluções dos efeitos fixos, e ordem s , e a como efeito aleatório genético aditivo direto; W é a matriz de incidência conhecida, de ordem r por s ; I é a matriz de identidade de ordem r por r ; e σ_e^2 é a variância residual.

As características categóricas são determinadas por variáveis contínuas não observáveis, em escala subjacente, por meio da fixação de valores iniciais de limiares, em que $t_1 < t_2 < \dots < t_{j-1}$, com $t_0 = -\infty$ e $t_j = \infty$, de modo que j é o número de categorias. Assim, os dados observáveis são dependentes da variável subjacente, que é delimitada por dois limiares não observáveis (Gianola e Foulley, 1983). Logo, as categorias das características morfológicas y_i para cada animal i são definidos por U_i na escala subjacente:

$$\begin{aligned}
& \text{- para E, P e M} & y_i = & \begin{cases} 1 & t_0 < U_i \leq t_1 \\ 2 & t_1 < U_i \leq t_2 \\ 3 & t_2 < U_i \leq t_3 \\ 4 & t_3 < U_i \leq t_4 \\ 5 & t_4 < U_i \leq t_5 \\ 6 & t_5 < U_i \leq t_6 \end{cases} \\
& \text{- para U, R, A e S} & y_i = & \begin{cases} 1 & t_0 < U_i \leq t_1 \\ 2 & t_1 < U_i \leq t_2 \\ 3 & t_2 < U_i \leq t_3 \\ 4 & t_3 < U_i \leq t_4 \end{cases} \quad i=1,2, \dots, n,
\end{aligned}$$

onde: n é o número de observações.

Após as especificações dos limiares t_0 a t_6 e t_0 a t_4 , é necessário que um limiar (de t_1 a t_5 ou t_1 a t_3 , para as características com 6 e 4 categorias, respectivamente) sejam ajustados a uma constante arbitrária (Van Tassell et al., 1998). Assim, a variância residual foi estimável, bem como a covariância residual entre as características e assumiu-se $t_l = 0$. Os vetores de limiares estimáveis foram assim definidos:

$$\begin{aligned}
& \text{- para E, P, M} & t = & \begin{bmatrix} t_2 \\ t_3 \\ t_4 \\ t_5 \end{bmatrix} \\
& \text{- para U, R, A e S} & t = & \begin{bmatrix} t_2 \\ t_3 \end{bmatrix}
\end{aligned}$$

Por envolverem características categóricas e contínuas, admitiu-se que as distribuições iniciais dos efeitos aleatórios genéticos e residuais seguiram distribuição normal multivariada, de acordo com o enfoque bayesiano, conforme representado a seguir:

$$p\left(\begin{bmatrix} a_1 \\ \vdots \\ a_9 \end{bmatrix} | G\right) \sim N\left(\begin{bmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \end{bmatrix}, G = G_0 \otimes A\right), p\left(\begin{bmatrix} e_1 \\ \vdots \\ e_9 \end{bmatrix} | R\right) \sim N\left(\begin{bmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \end{bmatrix}, R = R_0 \otimes I\right),$$

em que: G_0 é a matriz de variâncias e covariâncias genéticas; R_0 é a matriz de variâncias residuais; \otimes é o operador do produto direto; A é a matriz de parentesco; e I é a matriz identidade.

Assumiram-se distribuições iniciais das (co)variâncias como uma Wishart invertida para os efeitos aleatórios genéticos e residuais das características estudadas, inclusive a covariância entre elas. Definiu-se distribuições iniciais uniformes para os efeitos fixos e limiares. O parâmetro ν é o grau de liberdade correspondente à distribuição Wishart invertida que indica o grau de confiabilidade da distribuição inicial. Neste trabalho, o parâmetro ν utilizado foi de valor zero, ou seja, não refletiu grau de conhecimento sobre os parâmetros (Van Tassel et al., 1998).

Nas análises, P550 e GMD sempre foram avaliados como linear e as características de escores visuais alternadas como lineares ou de limiar, de acordo com o modelo utilizado.

Na implementação do Amostrador de Gibbs em cadeia de Markov foi utilizado um total de 810.000 iterações com descarte inicial de 10.000 e intervalo de amostragem de 200 iterações. As análises foram realizadas no programa THRGIBBS1F90 (Misztal et al., 2002).

Por meio do programa computacional R 3.1.2 (R Development Core Team, 2014), foram estimados os seguintes parâmetros: variâncias e correlações genéticas, residuais e fenotípicas, e herdabilidade. Foram também realizados procedimentos para verificar a convergência das cadeias, através dos diagnósticos de convergência de Heidelberger e Welch (1983) e Geweke (1992), e o método visual.

No teste de Heidelberger & Welch (1983), testa-se a hipótese nula de estacionalidade da amostra gerada e, quando há sinais de não-estacionalidade, repete-se o teste após a eliminação de 10% iniciais das iterações. Tal processo termina quando 50% das iterações são descartadas ou até que ocorra a aprovação da cadeia analisada no teste. O teste de Heidelberger & Welch (1983) utiliza a estatística de Cramer-von-Mises.

O teste de Geweke (1992) realiza a comparação dos valores iniciais e finais da cadeia de Markov afim de verificar falhas de convergência, de modo que, na hipótese de nulidade testada, afirma-se que houve convergência, pois valores de probabilidade abaixo de 0,05 indicam evidências opostas à convergência das cadeias.

O método visual é nada mais que a observação dos gráficos gerados, de maneira que é possível verificar a convergência das cadeias, pela tendência, e das áreas de densidade de distribuição das cadeias. Todos esses procedimentos estão disponíveis no pacote *Bayesian Output Analysis Program* BOA (Smith, 2005).

As soluções de valores genéticos aditivos, obtidas para cada indivíduo, para cada uma das características foram avaliadas por meio de correlações de Spearman entre o modelo linear e de limiar, para todos os animais e top 1%, aplicando-se o procedimento PROC CORR do SAS (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM, 2002).

A partir do Log marginal de densidade para Fator de Bayes fornecido pelo programa POSTGIBBS1F90 (Misztal et al., 2002), comparou-se os modelos por meio do *Deviance Information Criterion* (DIC) aplicado em modelagens com abordagem bayesiana e apresentado por Donoughe et al. (2004). O DIC é representado como:

$$DIC = \bar{D}(\theta) + p_D,$$

onde $\bar{D}(\theta) = E_{\theta|y}[D(\theta)]$, que é a estimativa *a posteriori* do desvio bayesiano $D(\theta) = -2 \log p(y|\theta)$ e p_D é o número efetivo de parâmetros. O modelo com menor valor de DIC é considerado com melhor ajustamento, indicando ser mais adequado para análise dos dados em questão (Spiegelhalter et al., 2002; Donoghue et al., 2004). Esse critério nada mais é do que uma versão bayesiana do *Akaike's Information Criterion* (AIC) utilizado em modelos de regressão clássicos.

Ressalta-se que os resultados obtidos através do modelo de limiar são referentes à escala subjacente não observável (*liability*), portanto diferente da escala real observável.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com o critério DIC (*Deviance Information Criterion*), o modelo de limiar teve um melhor ajustamento. O valor de DIC calculado para o modelo de limiar (325.461,975) foi inferior ao calculado para o modelo linear (329.508,059). Apesar do maior tempo de processamento nas análises com modelo de limiar, isso não pode ser mais colocado como uma desvantagem, uma vez que com os avanços na área da informática e com as ferramentas e tecnologias já disponíveis, isso não é mais um fator limitante.

As cadeias produzidas pelo Amostrador de Gibbs alcançaram convergência, segundo os testes realizados. Os valores obtidos após o teste de Geweke (1992) foram satisfatórios para considerar a ocorrência de convergência das cadeias de ambos os modelos estatísticos para todas as características. Da mesma forma os valores gerados pelo teste de Heidelberger & Welch (1983) também foram satisfatórios. Além disso, através do pacote Bayesian Output Analysis Program – BOA (Smith, 2005) é possível ter a confirmação, logo após a realização desse teste, do *status* de convergência para cada parâmetro avaliado. As estimativas foram aprovadas pelo teste e receberam o *status passed*. Pelo método visual observou-se os gráficos gerados e os mesmos foram considerados adequados.

As características de desempenho, P550 e GMD, apresentaram valores médios dentro do esperado, de acordo com a literatura. A média observada para P550 (Tabela 2) foi ligeiramente superior às obtidas por Fragomeni et al. (2013) e Koury Filho et al. (2009), e semelhante às médias de Yokoo et al. (2007) e Lima et al. (2013), as quais foram 325,96 kg, 330,91 kg e 347,14 kg, 357,42 kg, respectivamente. O GMD seguiu o mesmo comportamento, sendo superior à média de Manicardi (2011) e intermediário às médias de Fragomeni et al. (2013) e Lima et al. (2013), sendo suas médias, respectivamente, iguais a 0,324, 0,500 e 0,560 kg.

As médias obtidas para E, P, M, U, R, A e S (Tabela 2) foram similares as obtidas por Lima et al. (2013) de 4,19; 3,87; 3,77; 3,23; 2,95; 3,06 e 3,03; respectivamente. Faria et al. (2009) e Yokoo et al. (2009) encontraram médias de 3,88 e 3,98 para E; 3,86 e 3,85 para P e 3,69 e 3,81 para M, respectivamente. Todos os trabalhos citados foram baseados em populações de bovinos Nelore mantidos à pasto, diferindo em alguns casos na situação de haver populações com animais machos e fêmeas. Sendo assim, pode-se afirmar que a base de dados utilizada nesse estudo pode ser considerada representativa da raça Nelore.

TABELA 2 – Estatísticas descritivas de características de escores visuais¹ e de desempenho² de tourinhos Nelore em provas de ganho de peso a pasto

Característica	N	Média	Desvio	Mínimo	Máximo	CV (%)
E	23.509	4,22	1,04	1,00	6,00	24,66
P	23.509	3,92	1,05	1,00	6,00	26,91
M	23.509	3,77	1,07	1,00	6,00	28,40
U*	23.509	3,56	0,75	1,00	4,00	21,13
R	23.509	3,01	0,75	1,00	4,00	24,87
A	23.509	3,07	0,68	1,00	4,00	22,13
S	23.509	3,06	0,78	1,00	4,00	25,39
P550 (kg)	24.910	350,35	53,09	157,36	543,72	15,15
GMD (kg)	24.910	0,542	0,16	-0,103	1,20	29,78

¹E = estrutura corporal, P = precocidade, M = musculatura, U* = umbigo (com correção), R = caracterização racial, A = aprumos e S = sexualidade;

²P550 = peso aos 550 dias (em kg); GMD = ganho médio diário (em kg).

As distribuições a posteriori para variância genética aditiva foram similares nos modelos lineares e de limiar (Tabela 3), em análises multicaracterística. Aliado ao fato de que os intervalos de alta densidade se sobrepuseram em todas as características, é possível sugerir que os modelos não apresentam diferença na obtenção desse parâmetro. Em geral, as médias a posteriori das variâncias residuais também foram iguais, exceto para E, onde o modelo de Limiar detectou maior variância e praticamente não ocorreu a sobreposição dos intervalos de alta densidade.

O mesmo padrão é possível perceber para variância fenotípica, o que era esperado, uma vez que se trata da junção das duas variâncias anteriores ou as duas anteriores seriam parcelas do total “variância fenotípica”. Apenas o escore estrutura corporal apresentou diferença na variância fenotípica, sem sobreposição dos intervalos, resultado da diferença entre as variâncias residuais somados à pequena diferença na variância genética aditiva.

TABELA 3 – Médias (intervalo de alta densidade, 95%) a posteriori das variâncias genéticas aditivas (σ_a^2), residuais (σ_e^2) e fenotípicas (σ_p^2) de escores visuais¹ e características de desempenho² de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto, obtidas com modelos Bayesianos linear e de limiar (referentes à escala subjacente)

	σ_a^2		σ_e^2		σ_p^2	
	Limiar	Linear	Limiar	Linear	Limiar	Linear
E	0,19 (0,15-0,22)	0,18 (0,15-0,21)	0,51 (0,48-0,53)	0,56 (0,53-0,58)	0,70 (0,67-0,71)	0,73 (0,72-0,75)
P	0,24 (0,21-0,28)	0,25 (0,21-0,28)	0,52 (0,49-0,55)	0,52 (0,49-0,55)	0,77 (0,75-0,79)	0,77 (0,75-0,79)
M	0,22 (0,19-0,26)	0,22 (0,19-0,26)	0,57 (0,54-0,59)	0,57 (0,54-0,60)	0,79 (0,77-0,81)	0,79 (0,77-0,81)
U	0,05 (0,04-0,07)	0,05 (0,04-0,07)	0,44 (0,42-0,45)	0,44 (0,42-0,45)	0,49 (0,48-0,50)	0,49 (0,48-0,50)
R	0,08 (0,07-0,10)	0,08 (0,07-0,10)	0,37 (0,36-0,38)	0,37 (0,35-0,38)	0,45 (0,44-0,46)	0,45 (0,44-0,46)
A	0,02 (0,01-0,03)	0,02 (0,01-0,03)	0,30 (0,29-0,31)	0,30 (0,29-0,31)	0,32 (0,31-0,33)	0,32 (0,31-0,33)
S	0,10 (0,08-0,12)	0,10 (0,08-0,12)	0,36 (0,34-0,37)	0,36 (0,34-0,38)	0,46 (0,45-0,47)	0,46 (0,45-0,47)
P550	-	426,02 (372,70-477,60)	-	508,62 (468,70-545,10)	-	924,65 (913,00-957,50)
GMD	-	0,0018 (0,0016-0,0022)	-	0,0054 (0,0051-0,0056)	-	0,0072 (0,0071-0,0074)

¹E = estrutura corporal; P = precocidade; M = musculosidade; U = umbigo; R = caracterização racial; A = aprumos; e S = sexualidade;

²P550 = peso aos 550 dias; GMD = ganho médio diário.

De modo geral, todas as variâncias foram muito similares, com os intervalos de alta densidade se sobrepondo. Isso caracteriza não rejeição da hipótese estatística de igualdade entre as estimativas geradas pelos dois modelos. Consequentemente, esperou-se que as médias a posteriori das herdabilidades mantivessem o mesmo padrão de comportamento das variâncias, o que pode ser observado nos resultados apresentados (Tabela 4).

TABELA 4 – Médias (intervalo de alta densidade, 95%) a posteriori das herdabilidades (h^2) de escores visuais¹ e características de desempenho² de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto, obtidas com modelos Bayesianos linear e de limiar (referentes à escala subjacente)

	Limiar	Linear
E	0,27 (0,23-0,31)	0,24 (0,20-0,27)
P	0,32 (0,29-0,37)	0,32 (0,28-0,36)
M	0,28 (0,24-0,32)	0,28 (0,24-0,32)
U	0,11 (0,07-0,14)	0,11 (0,08-0,14)
R	0,18 (0,14-0,21)	0,18 (0,15-0,22)
A	0,07 (0,04-0,09)	0,06 (0,04-0,08)
S	0,22 (0,18-0,26)	0,21 (0,18-0,25)
P550	-	0,46 (0,41-0,50)
GMD	-	0,25 (0,22-0,30)

¹E = estrutura corporal; P = precocidade; M = musculosidade; U = umbigo; R = caracterização racial; A = aprumos; e S = sexualidade;

²P550 = peso aos 550 dias; GMD = ganho médio diário.

O escore E foi o único que apresentou alguma diferença aparente na média, o que era passível de se esperar uma vez que o modelo de limiar detectou menor variância residual resultando em diferença na variância fenotípica, de forma que implicaria em maior estimativa de herdabilidade pelo modelo. Mas ainda assim houve sobreposição dos intervalos de alta densidade, indicando que essa diferença não é significativa. As baixas estimativas principalmente para os escores U, A e S podem ser explicadas pelas baixas estimativas de variância genética aditiva, somado às variâncias residuais mais expressivas. Isso é mais evidente na estimativa para escore de aprumos onde, dos 0,32 estimados para σ_p^2 , apenas 0,02 correspondem à σ_a^2 . Isso sugere baixa variabilidade genética, na população estudada, para

essa característica. A baixa estimativa para o escore A pode ser devido sua distribuição, na população em estudo, ser mais discrepante da distribuição normal (Figura 1).

Pires et al. (2010) reportaram herdabilidades médias em análise bicaracterística, para modelos linear e de limiar, iguais a 0,39 e 0,26 (E); 0,45 e 0,41 (P) e 0,40 e 0,32 (M), respectivamente. Os valores do presente estudo foram bastante similares às estimativas dos autores para o modelo de limiar. Apesar da diferença nas estimativas, os autores afirmaram que não houve impacto na classificação quanto aos valores genéticos dos animais nos percentis, e concluem que os dois modelos são igualmente eficientes.

Trabalhando com dados de Nelore em PGP a pasto, Lima et al. (2013) obtiveram médias a posteriori da herdabilidade de 0,26; 0,34; 0,28; 0,43; 0,18; 0,06 e 0,18 para as características E, P, M, U, R, A e S, respectivamente. Houve diferença de média a posteriori apenas para U, comparando-se com presente estudo. Essa diferença pode ser explicada pela metodologia utilizada. Tais autores analisaram as características de escores visuais após transformações Box-Cox. O método Box-Cox confere aos dados obtidos pós transformação a capacidade de poderem ser bem representados por uma distribuição normal (Moraes et al., 2006), o que pode gerar diferenças na estimação dos parâmetros comparado às estimações à partir de dados “puros”, sem transformação.

Boligon et al. (2011) e Boligon e Albuquerque (2010), utilizando metodologia de avaliação de escores similar ao presente estudo, obtiveram para conformação (C) 0,24 e 0,26, precocidade (P) 0,31 e 0,33 e para musculatura (M) 0,32 e 0,32, respectivamente. Pedrosa et al. (2010) e Ferriani et al. (2013) entretanto, também trabalhando com C, P e M, observaram menores médias de herdabilidade, consideradas de magnitude moderada, 0,23 e 0,21 para C, 0,19 e 0,35 para P; e 0,22 e 0,32 para M, respectivamente.

Apesar dos critérios de avaliação dos escores não serem idênticos entre CPM e EPM, são técnicas muito semelhantes e que apresentam estimativas de herdabilidade, em sua maioria, com magnitude moderada (Eler et al., 1996; Jorge Junior, 2002; Koury Filho et al., 2010), que incentivam sua utilização em programas de melhoramento. Existe ainda uma metodologia proposta por Dibiasi et al. (2010) que permite a conversão do escore C em E indicando que os escores C, P e M possuem grande similaridade com os escores E, P e M, principalmente por C e E terem associação com o escore M, justificando assim sua comparação.

As médias a posteriori para herdabilidade dos escores visuais, juntamente com a facilidade de obtenção destas medidas de escores aliado ao seu baixo custo de implementação (Koury Filho, 2005; Koury Filho et al., 2006; Yokoo et al., 2009), justificam a utilização

dessas características como critérios de seleção em programas de melhoramento da raça Nelore, principalmente se associado E, P e M às características de peso, pois possuem satisfatória associação (Tabela 5).

As herdabilidades para P550 estiveram próximo aos valores encontrados na literatura, a exemplo de Yokoo et al. (2007), Lima et al. (2013), com médias iguais a 0,43 e 0,46 respectivamente; superior ao encontrado por Laureano et al. (2011) e Manicardi et al. (2011), 0,24 e 0,15, respectivamente, mas abaixo das médias 0,75 e 0,73 obtidas por Gonçalves et al. (2011) e Fragomeni et al. (2013), respectivamente, sendo os dois últimos autores em análises unicaraterísticas. O ganho médio diário também apresentou média similar à literatura, onde os autores Laureano et al. (2011), Fragomeni et al. (2013) e Lima et al. (2013) obtiveram médias de 0,23; 0,31; 0,26; para GMD, respectivamente. Assim, pode-se afirmar que os valores de herdabilidade obtidos para P550 e GMD são representativos da raça.

As médias a posteriori para correlações genética das medidas de avaliação visual e características de desempenho, obtidas por meio de modelos lineares ou de limiar, foram similares (Tabela 5). Todas as correlações tiveram médias muito semelhantes entre os modelos. Em ambos, as correlações genéticas entre E, P e M foram favoráveis e de alta magnitude, indicando que a seleção de apenas uma dessas características pode promover progresso genético nas demais, de forma indireta.

TABELA 5 – Médias a posteriori das correlações genéticas (r_g) nos modelos linear (acima da diagonal) e limiar (abaixo da diagonal, referentes à escala subjacente) de escores visuais¹ e características de desempenho² de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto obtidas em análises multicaracterísticas

	E	P	M	U	R	A	S	P550	GMD
E	-	0,68	0,68	0,17	0,25	0,12	0,47	0,86	0,60
P	0,69	-	0,91	0,28	0,21	0,30	0,63	0,67	0,63
M	0,68	0,91	-	0,31	0,34	0,35	0,63	0,74	0,63
U	0,15	0,26	0,29	-	0,31	0,63	0,43	0,31	0,15
R	0,26	0,21	0,34	0,32	-	0,51	0,60	0,27	0,18
A	0,16	0,33	0,36	0,55	0,54	-	0,45	0,39	0,24
S	0,47	0,63	0,63	0,42	0,60	0,46	-	0,55	0,44
P550	0,86	0,68	0,74	0,30	0,28	0,38	0,55	-	0,73
GMD	0,60	0,63	0,62	0,16	0,18	0,22	0,43	0,73	-

¹E = estrutura corporal; P = precocidade; M = musculosidade; U = umbigo; R = caracterização racial; A = aprumos; e S = sexualidade;

²P550 = peso aos 550 dias; GMD = ganho médio diário.

Na raça Nelore são encontrados animais altos, compridos e com profundidade de costela diminuta, resultando em avaliações visuais com escore alto para estrutura corporal e baixo

para precocidade e musculosidade, o que pode explicar, parcialmente, a menor correlação entre E e P/M comparado a correlação entre P e M (Tabela 5). Já a elevada correlação entre os dois últimos citados é compreensível e esperada, uma vez que animais mais precoces tendem a apresentar musculatura mais desenvolvida. Resultados semelhantes foram encontrados por Koury Filho et al. (2009) e Andrighetto et al. (2011). Outros autores, utilizando de método de avaliação visual semelhante, também encontraram correlações favoráveis e de alta magnitude para características como conformação, precocidade e musculatura (Araújo et al., 2010; Koury Filho et al., 2010; Ferriani et al., 2013).

E, P e M também apresentaram médias de correlações favoráveis e de alta magnitude em relação à P550 e GMD, mas não tão expressivas quanto a correlação entre P e M. Dessa forma, a seleção para peso aos 550 dias pode resultar em ganhos genéticos para características de avaliação visual, e a recíproca é verdadeira. Porém, realizar seleção à partir de apenas uma dessas características pode produzir resultados indesejáveis. Koury Filho et al. (2010) afirmaram que apesar da existência de correlação genética favorável entre características de desempenho e escores visuais, a inclusão de características de avaliação visual associadas às características de desempenho nos programas de melhoramento de bovinos de corte são importantes para permitir a manutenção de tipos morfológicos economicamente mais eficientes, evitando a permanência de biótipos extremos, compactos ou tardios, nos rebanhos.

Correlações favoráveis, com magnitudes moderadas a altas, entre escores visuais e características de desempenho também foram observadas por outros autores (Faria et al., 2008a; Koury Filho et al., 2009; Koury Filho et al., 2010; Ferriani et al., 2013), confirmando a possibilidade de ganho genético em respostas correlacionadas à seleção para escores e peso.

É válido ressaltar que apesar das médias positivas para correlação genética entre E e U, e E e A, em ambos os modelos, os intervalos de alta densidade incluíram o zero, indicando ausência de associação genética entre essas características. No entanto, a característica A e U apresentaram correlação genética favorável com todos os outros escores. Há uma exceção apenas na correlação entre U e GMD, pois no modelo linear também teve o zero incluso no intervalo de alta densidade. Não ocorrendo o mesmo no modelo de limiar, apesar dos intervalos serem muito próximos aos limites e se sobreporem, sugerindo que talvez a sutil diferença entre as estimativas dos modelos linear e de limiar seja considerável em alguns casos.

No geral, as correlações genéticas entre as características visuais e de desempenho foram favoráveis, por isso é possível obter ganho genético por meio da seleção indireta entre

essas características. No entanto, a magnitude do ganho genético pode variar em função das características selecionadas.

As correlações fenotípicas estimadas pelos dois modelos são apresentadas na tabela à seguir (Tabela 6). De forma generalizada, todas as médias a posterior para correlações fenotípicas foram favoráveis, mas de magnitude baixa, à exceção de E, P e M em relação à P550, onde as correlações foram moderadas. Isso demonstra indício de que, apesar da possibilidade de ganhos genéticos através da seleção por escores visuais, deve-se esperar ganhos de pequena magnitude através de seleção indireta. Provavelmente devido ao fato de que o ambiente tem grande influência sobre os escores visuais.

TABELA 6 – Médias a posteriori das correlações fenotípicas (r_f) nos modelos linear (acima da diagonal) e limiar (abaixo da diagonal, referentes à escala subjacente) de escores visuais¹ e características de crescimento² de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto obtidas em análises multicaracterísticas

	E	P	M	U	R	A	S	P550	GM
E	-	0,19	0,18	0,03	0,05	0,02	0,11	0,28	0,17
P	0,20	-	0,27	0,05	0,05	0,04	0,16	0,26	0,18
M	0,19	0,27	-	0,05	0,08	0,05	0,15	0,26	0,17
U	0,02	0,05	0,05	-	0,04	0,05	0,07	0,07	0,02
R	0,06	0,05	0,08	0,04	-	0,05	0,12	0,08	0,04
A	0,02	0,05	0,05	0,05	0,06	-	0,05	0,07	0,03
S	0,11	0,17	0,16	0,06	0,12	0,06	-	0,17	0,10
P550	0,30	0,26	0,26	0,07	0,08	0,07	0,17	-	0,25
GMD	0,17	0,18	0,17	0,03	0,04	0,03	0,10	0,25	-

¹E = estrutura corporal; P = precocidade; M = musculosidade; U = umbigo; R = caracterização racial; A = aprumos; e S = sexualidade;

²P550 = peso aos 550 dias; GMD = ganho médio diário.

As correlações de Spearman entre as médias a posteriori dos valores genéticos obtidos pelos dois modelos foram superiores a 0,99 (Tabela 7) para todos os tourinhos avaliados, indicando que as estimativas de valores genéticos em ambos os modelos foram muito similares e praticamente não ocorreram mudanças na classificação dos animais, conforme o modelo adotado. Comportamento semelhante pôde ser observado nos trabalhos de Faria et al. (2008b) e Pires et al. (2010).

TABELA 7 – Correlações de Spearman entre as médias a posteriori dos valores genéticos de escores visuais¹ de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto, estimados pelos modelo linear e de limiar (referentes à escala subjacente)

Característica	Todos os tourinhos	TOP 1%	
		Spearman	Similaridade (%)
E	0,99	0,94	94
P	0,99	0,99	96
M	0,99	0,98	95
U	0,99	0,90	87
R	0,99	0,96	95
A	0,99	0,84	82
S	0,99	0,97	96

¹E = estrutura corporal; P = precocidade; M = musculosidade; U = umbigo; R = caracterização racial; A = aprumos; e S = sexualidade.

Correlações da ordem de classificação entre os tourinhos também foram calculadas para os animais de maior valor genético aditivo (TOP 1%), e estas já não apresentaram o mesmo comportamento das correlações envolvendo os valores de todos os tourinhos. Em algumas características, apresentaram uma queda considerável quando comparados à correlação entre todos os tourinhos, de 0,06 pontos para E, outros 0,09 pontos para U e de até significativos 0,15 pontos para A, indicando que a classificação dos valores genéticos estimados em cada modelo possui diferença quando confrontada pela correlação de Spearman, que representa a similaridade da ordem de classificação dos animais, principalmente no caso TOP 1%, já que esses têm uma maior probabilidade de serem utilizados na reprodução e assim contribuírem para a média da nova geração. Isso é endossado quando observamos a similaridade entre as classificações top 1% de cada modelo.

Para P e S houveram grande similaridade entre as classificações, onde 96% dos animais presentes no top 1% do modelo linear também estavam presentes no top 1% de limiar. Mas em contrapartida, chegou-se a ter uma redução drástica dessa similaridade para os escores umbigo (U) e aprumos (A) com apenas 87% e 82%, respectivamente. Isso demonstra que os valores genéticos aditivos estimados por cada modelo se diferem suficientemente para mudar a ordem de classificação e a categoria que os animais se enquadram, como demonstrado (Tabela 7).

Apesar disso, para as características E, P e M as correlações foram bastante altas e a similaridade entre as classificações foram superiores a 94%. De maneira semelhante, Pires et al. (2010) comparando modelos linear e de limiar na predição de valores genéticos aditivos para E, P e M (top 1%), observaram redução do valor de correlação em análise bicaracterística

comparado à unicaracterística, mas ainda assim mantiveram-se caracterizadas como de magnitude elevada. Os autores afirmam que houveram mudanças na classificação mas não a ponto de mudar a categoria que os animais se enquadravam, ou seja, todos os animais top 1% em um modelo seriam top 1% no outro.

É possível observar que o escore A foi o que teve a distribuição de escores menos equilibrada (Figura 1). Os escores U, R, A e S são relativos ao padrão da raça, e não ao lote de manejo. Possivelmente o escore A tenha sido mais penalizado por isso. É possível que dados mais criteriosos para esse escore produzam resultados mais próximo ao que os outros escores visuais apresentaram no presente trabalho.

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

É possível considerar os escores visuais de estrutura corporal, precocidade, musculabilidade, umbigo, caracterização racial, aprumos e sexualidade como critérios de seleção em programas de melhoramento genético da raça Nelore.

Estrutura corporal, precocidade e musculabilidade analisadas por modelo de linear ou limiar possuem forte correlação genética favorável com características de desempenho, como peso ao sobreano (550 dias) e ganho médio diário. Entretanto, os demais escores analisados por ambos modelos apresentam correlação genética mais modesta com as características de desempenho.

É possível afirmar que o modelo de limiar é mais apropriado para avaliações genéticas de escores visuais.

REFERÊNCIAS

- ANDRIGHETTO, C.; SOARES FILHO, C. V.; FONCESCA, R. et al. Correlações entre escores visuais e características produtivas em prova de ganho de peso de bovinos da raça Nelore Mocha. *Veterinária e Zootecnia*, v.18, p.602-609, 2011.
- ARAÚJO, R. O.; RORATO, P. R. N.; WEBER, T. et al. Genetic parameters and phenotypic and genetic trends for weight at weaning and visual scores during this phase estimated for Angus-Nellore crossbred young bulls. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.39, n.11, p.2398-2408, 2010.
- BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas em bovinos Nelore usando inferência bayesiana. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.45, n.12, p.1412-1418, 2010.
- BOLIGON, A. A.; MERCADANTE, M. E. Z.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic associations of conformation, finishing precocity and muscling visual scores with mature weight in Nelore cattle. *Livestock Science*, v.135, p.238-243, 2011.
- DIBIASI, N. F.; THOLON, P.; BARROZO, D. et al. Proposta de metodologia para a conversão do escore de avaliação visual de conformação em escore de estrutura, em bovinos de corte. *ARS Veterinária*, v.26, n.2, p. 82-87, 2010.
- DONOGHUE, K. A.; REKAYA, R.; BERTRAND, J. K. Comparison of methods for handling censored records in beef fertility data: Simulation study. *Journal of Animal Science*, v.82, n.2, p.351- 356, 2004.
- ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; SILVA, P. R. Parâmetros genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.48, p.203-213, 1996
- FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U; ALBUQUERQUE, L. G. et al. Estimativas de correlações genéticas entre escores visuais e características de crescimento em bovinos da raça nelore utilizando modelos bayesianos linear-limiar. *Ciência Animal Brasileira*, v.9, n.2, p.327-340, 2008a.
- FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U; ALBUQUERQUE, L. G. et al. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.43, n.7, p.835-841, 2008b.
- FARIA, C. U.; KOURY FILHO, W.; MAGNABOSCO, C. U. et al. Bayesian inference in genetic parameter estimation of visual scores in Nellore beef-cattle. *Genetics and Molecular Biology*, v.32, p.753-760, 2009.

FERRIANI, L.; ALBUQUERQUE, L. G.; BALDI, F. S. B. et al. Parâmetros genéticos de características de carcaça e de crescimento de bovinos da raça Nelore. *Archivos de Zootecnia*, v.62, n.237, p.123-129, 2013.

FRAGOMENI, B. O.; SCALEZ, D. C. B.; TORAL, F. L. B. et al. Genetic parameters and alternatives for evaluation and ranking of Nelore young bulls in pasture performance tests. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.42, n.8, 2013.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNADO, J. M.; BERGER, J. O.; DAWID, A. P. et al. (Eds). *Bayesian statistics*, 4. ed. Oxford: Oxford University, p.169-193, 1992.

GIANOLA, D.; FOULLEY, J. L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genetics Selection Evolution*, v.15, p.201-224, 1983.

GIANOLA, D.; SORENSEN, D. *Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics*. New York: Springer-Verlag, 2002. 740p.

GONCALVES, F. M.; PIRES, A. V.; PEREIRA, I. G. et al. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.63, n.1, p.158-164, 2011.

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

JORGE JUNIOR., J. *Efeitos genéticos e de ambiente sobre os escores visuais de conformação, precocidade e musculatura, no período pré-desmama, em bovinos da raça Nelore*. 2002. 76f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

JOSAHKIAN, L. A.; MACHADO, C. H. C.; KOURY FILHO, W. *Manual do programa de melhoramento genético das raças zebuínas*. Uberaba: ABCZ, 2003. 98p.

KOURY FILHO, W. *Escores visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte*. Universidade Estadual Paulista, 2005. 80f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M. et al. Genetic parameter estimates of visual score traits and their relationship with growing traits in Brazilian Nelore cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. *Proceeding...* Belo Horizonte: Instituto Prociência, 2006.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M. et al. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.38, n.12, p.2362-2367, 2009.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G.; FORNI, S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.39, n.5, p.1015-1022, 2010.

LAUREANO, M. M. M.; BOLIGON, A. A.; COSTA, R. B. et al. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.63, n.1, p.949-958, 2011.

LIMA, P. R. M.; PAIVA, S. R.; COBUCI, J. A. et al. Genetic parameters for type classification of Nelore cattle on central performance tests at pasture in Brazil, *Tropical Animal Health and Production*, v.45, p.1627-1634, 2013.

MANICARDI, F. R. *Estimativas de parâmetros genéticos e estudo comparativo de índices de seleção fenotípico e genético em provas de ganho de peso na raça Nelore*. 2011. 68f. Dissertação (Mestrado em Qualidade e Produtividade Animal) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.

MARCONDES, C. R.; PANETO, J. C. C.; SILVA, J. A. II V. et al. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.57, n.2, 2005.

MERCADANTE, M. E. Z; LÔBO, R. B; BORGES, A. R. Parâmetros genéticos para características de crescimento em cebuinos de carne. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, v.3, p.45-89, 1995

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T. et al. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. *Proceedings...* Montpellier: INRA: CIRAD, 2002.

MORAES, C. F.; FERREIRA, J. R.; BALESTRASSI, P. P. Análise crítica da aplicação de métodos estatísticos em processos definidos por dados que não apresentam distribuição normal. *Revista GEPROS*, n.1, p.7-18, 2006.

PEDROSA, V. B.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. et al. Parâmetros genéticos do peso adulto e características de desenvolvimento ponderal na raça Nelore. *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*, v.11, p.104-113, 2010.

PIRES, B. C.; FARIA, C. U.; VIU, M. A. O. et al. Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore. *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*, v.11, p.651-666, 2010.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A Language and Environment for Statistical Computing. Vienna: the R Foundation for Statistical Computing, 2014.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEMS. *SAS user's guide: statistics*. Version 9.0. Cary, NC, USA: SAS Institute Inc., 2002.

SMITH, B. J. *Bayesian Output Analysis program (BOA) version 1.1 user's manual*. 2005. 43p.

SPIEGELHALTER, D. J.; BEST, N. G; CARLIN, B. P. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B*, v.64, p.583-639, 2002.

SORENSEN, D.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D. et al. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genetics Selection Evolution*, v.27, p.229-249, 1995.

TORAL, F. L. B.; ALENCAR, M. M. Alternatives for analysis of performance data and ranking of Charolais x Nelore crossbred bulls in performance tests. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.39, n.7, 2010.

VAN TASSEL, C. P.; VAN VLECK, L. D.; GREGORY, K. E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. *Journal of Animal Science*, v.76, p.2048-2061, 1998.

YOKOO, M. J. I., ALBUQUERQUE, L. G., LÔBO, R. B. et al. Estimation of genetic parameters for hip height, weight and scrotal circumference in Nelore cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.36, p.1761-1768, 2007.

YOKOO, M. J. I.; WERNECK, J. N.; PEREIRA, M. C. et al. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.44, p.197-202, 2009.