

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA
FILHO”**

**FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**ANÁLISE DE FATORES E COMPONENTES PRINCIPAIS
GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE
CRESCIMENTO, CARÇAÇA E QUALIDADE DA CARNE
EM MACHOS DA RAÇA NELORE**

Lucas Henrique Brito Sales

Zootecnista

2017

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA
FILHO” FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E
VETERINÁRIAS CAMPUS DE JABOTICABAL**

**ANÁLISE DE FATORES E COMPONENTES PRINCIPAIS
GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE
CRESCIMENTO, CARÇAÇA E QUALIDADE DA CARNE
EM MACHOS DA RAÇA NELORE**

Lucas Henrique Brito Sales

Orientadora: Profa. Dra. Lucia Galvão de Albuquerque

Co-orientador: Dr. Daniel Gustavo Mansan Gordo

Dissertação apresentada à Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp,
Câmpus de Jaboticabal como parte das
exigências para obtenção do título de
Mestre em Zootecnia

2017

Sales, Lucas Henrique Brito
S163a Análise de fatores e componentes principais genéticos para características de crescimento, carcaça e qualidade da carne em machos da raça Nelore / Lucas Henrique Brito Sales. -- Jaboticabal, 2017
v, 51 p. : il. ; 29 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2017
Orientadora: Lucia Galvão de Albuquerque
Banca examinadora: Arione Augusti Boligon, Fernando Sebastian Baldi Rey
Bibliografia

1. Melhoramento genético animal. 2. Análise multivariada. 3. Bovinos de corte. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.2:636.082

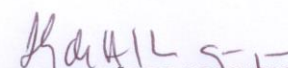
Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Diretoria Técnica de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

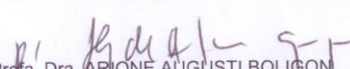
CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

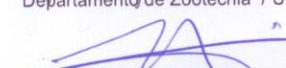
TÍTULO: ANÁLISE DE FATORES E COMPONENTES PRINCIPAIS GENÉTICOS PARA
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO, CARÇAÇA E QUALIDADE DA CARNE EM
MACHOS DA RAÇA NELORE

AUTOR: LUCAS HENRIQUE BRITO SALES
ORIENTADORA: LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE
COORIENTADOR: DANIEL GUSTAVO MANSAN GORDO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em ZOOTECNIA,
pela Comissão Examinadora:


Profa. Dra. LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE
Departamento de Zootecnia / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Profa. Dra. ARIONE AUGUSTI BOLIÇON
Departamento de Zootecnia / UFPel / Pelotas/RS


Prof. Dr. FERNANDO SEBASTIAN BALDI REY
Departamento de Zootecnia / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Jaboticabal, 14 de junho de 2017.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Lucas Henrique Brito Sales, nascido em Montes Claros - MG, em 22 de maio de 1993, iniciou o curso de Zootecnia em Março de 2010 no Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Minas Gerais - Montes Claros, obtendo o grau de Zootecnista em 12 de dezembro de 2014, no mesmo ano, o autor realizou estágio curricular na empresa Brasilcomz, em Jaboticabal - SP. Em março de 2015, ingressou no curso de pós-graduação em Zootecnia, com ênfase em genética e melhoramento animal, sob orientação da Professora Lucia Galvão de Albuquerque, como bolsista CNPq, com previsão de término em Julho de 2017.

“...Há muita gente que espera que o sonho se realize por magia. Mas toda magia é ilusão. E ilusão não tira ninguém do lugar onde está. Ilusão é o combustível de perdedores.”

Roberto Shinyashiki

A todos aqueles que de alguma forma
contribuíram para minha formação
pessoal e profissional.

Dedico

Agradecimentos

Á Deus, por ter guiado os meus passos até aqui, por me conceder sabedoria, bênçãos e capacitação diária e por cumprir a sua vontade em minha vida. A ele toda honra e toda glória!

Aos meus pais, por mesmo de longe ter me dado apoio incondicional, em especial a minha mãe por sempre colocar minha vida em suas orações.

Ás minhas irmãs, motivadoras do meu crescimento pessoal e profissional, as quais sempre quero ser exemplo de vida.

Á Ana Paula, pelo companheirismo, apoio, carinho e amor.

Aos amigos e colegas do grupo GMA, pelos os momentos de trabalhos que juntos foram mais fáceis, pelas viagens de abate, que tornaram os caminhos mais curtos e o cansaço tolerável, pelos os momentos de distração no café, aprendi muito com cada um. Em especial ao Lucio e a Ana Cristina, meus contemporâneos, os quais tive o prazer de dividir grande parte dessa fase.

Ao programa de Zootecnia, pela oportunidade.

A minha orientadora, Lucia Galvão de Albuquerque, pelos ensinamentos e grandiosos conselhos de vida, e acima de tudo, pelo o profissionalismo.

Ao co-orientador, pelos ensinamentos, paciência, atenção e amizade.

Aos programas de Melhoramento Genético, DeltaGen, CRV Paint, Qualitas e Cia de Melhoramento, bem como os pecuaristas participantes do projeto, pela colaboração na obtenção dos dados.

Aos frigoríficos JBS, Marfrig, Minerva e Fribarreiras por nos permitirem o acesso às instalações e à obtenção das amostras.

Ao CNPq - Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pelo apoio financeiro (n° 184428-1).

A FAPESP - Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, pelo apoio financeiro (# 2009/16118-5).

À todos os meus professores, que compartilharam comigo seus conhecimentos, tornando possível a minha formação.

Á todos aqueles que tiveram presente nessa caminhada, dividindo os momentos bons e ruins, mas que foram essenciais para minha formação pessoal e profissional até aqui.

Meu muito obrigado! Que Deus os abençoe.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	ii
LISTAS DE FIGURAS	iii
CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais	1
1. Introdução	1
2. Objetivos	2
3. Revisão de Literatura	2
3.1 Análises de componentes principais e fatores	2
3.2 Estimativas de herdabilidades para característica de peso ao sobreano, carcaça e carne	5
2.4 Estimativas de correlação genética entre características de crescimento e qualidade de carcaça e carne	8
4. Referências Bibliográficas	9
CAPÍTULO 2 – ANÁLISE DE FATORES E COMPONENTES PRINCIPAIS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO, CARCAÇA E QUALIDADE DA CARNE EM BOVINOS DA RAÇA NELORE	18
1. INTRODUÇÃO	18
2. MATERIAL E MÉTODOS	19
2.1. Dados e definição das características	19
2.2. Análises	21
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	23
3.1 Parametrização dos modelos	23
3.2 Estimativas de herdabilidade	26
3.3 Estimativas de correlações genéticas e fenotípicas	28
5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	33

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Características com os respectivos Números de observações (N^o), médias, desvios-padrão (DP), Número de touros, Número de vacas e o Número de GC21

Tabela 2. Modelos, número de parâmetros (NP) do modelo, função de verossimilhança (log L), critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) e proporção acumulada da variância genética aditiva explicada pelos três primeiros autovalores para os diferentes modelos estudados.....24

Tabela 3. Estimativas de herdabilidade obtidas com os modelos multi-características (MV), 3 (PC3) e 4 (PC4) componentes principais e os respectivos erros-padrão27

Tabela 4. Estimativas de correlações genéticas obtidas usando o modelo multi-características (acima da diagonal)e ajustando para os três (PC3) e quatro (PC4)primeiros componentes principais (abaixo de diagonal).28

LISTAS DE FIGURAS

Figura 1. Variâncias estimadas pelo modelo multi-características (MV) e ajustado para os 3(PC3) e 4 (PC4) primeiros componentes principais para peso da carcaça quente (PCQ), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), maciez (SF), escore de marmorização (MARM), lipídeos (LP) e peso ao sobreano (PS).....	26
--	----

ANÁLISE DE FATORES E COMPONENTES PRINCIPAIS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO, CARÇAÇA E QUALIDADE DA CARNE EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

RESUMO - A análise de componentes principais (PCA) e análise de fatores (FA) são amplamente utilizadas no processamento de dados visando a redução da dimensionalidade. No entanto, poucos são os estudos que empregou estes métodos em um conjunto de características importantes em bovinos da raça nelore com a finalidade de modelar a estrutura de (co)variância dos dados. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para as características de crescimento, carcaça e qualidade da carne em machos Nelore, utilizando diferentes modelos multi-características visando a redução da dimensionalidade dos dados. Um total de 3.865; 4.121; 4.109; 4.188; 4.213; 3.320 e 16.575 registros de peso da carcaça quente (PCQ), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), escore de marmorização (MARM), maciez, mensurada pela força de cisalhamento (SF), lipídios (LP) e peso ao sobreano (PS), respectivamente, foram usados. As análises foram realizadas por meio de cinco modelos: multi-característica padrão, três modelos de posto reduzido ajustando os primeiros três (PC3), quatro (PC4) e cinco (PC5) componentes principais genéticos e um modelo utilizando análise de fatores com três (FA3) fatores. Os modelos foram comparados pelo Critério de Informação de Akaike (AIC) e Critério Bayesiano de Schwarz (BIC), levando em consideração o número de parâmetros. Foram considerados para todos os modelos os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual, e os efeitos fixos do grupo de contemporâneos e o efeito linear da idade do animal ao abate como covariável, exceto para peso ao sobreano. Os modelos de análise de fatores e componentes principais genéticos selecionados por ambos os critérios de seleção foram o PC3 (BIC), PC4 (AIC) e o FA3 (AIC e BIC), com 46, 50 e 53 parâmetros, respectivamente. No entanto, o modelo que mais se aproximou do modelo multi-característica padrão foi o PC4, sendo então, o mais indicado devido a semelhança das estimativas de (co)variância. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,06 (LP) a 0,31 (AOL) com MV e 0,04 (LP) a 0,30 (AOL) com o PC4. As maiores estimativas de correlações genéticas foram entre as características PCQ x SF, PCQ x PS e MARM x LP, sendo similar nos modelos MV e PC4. As maiores estimativas de correlações fenotípicas foram entre as características de peso e AOL (PS x SF), (PS x AOL) e (SF x AOL). Em geral, foram necessários quatro componentes principais para modelar a estrutura das (co)variâncias genéticas para as características de crescimento, carcaça e qualidade da carne. O modelo de posto reduzido indicado pelo o AIC (PC4) reduziu o número de parâmetros a serem estimados em 21,4%, sem diminuir a qualidade do ajuste.

Palavras chave: bovinos de corte, modelo de posto reduzido, parâmetros genéticos

FACTORS AND PRINCIPAL GENETIC COMPONENTS ANALYSIS FOR GROWTH, CARCASS AND MEAT QUALITY TRAITS IN NELORE CATTLE

ABSTRACT - Principal component (PCA) and factor analysis (FA) are widely used in data processing to reduce dimensionality. However, few studies have used these methods in a set of important traits in Nelore cattle for the purpose of modeling the covariance structure data. The aim of this study was to estimate genetic parameters for growth, carcass and meat quality traits in Nelore males, using different multivariate models to reduce the dimensionality data. A total of 3.865; 4.121; 4.109; 4.188; 4.123 3.320 and 16.575 records, hot carcass weight (HCW), 12-13th rib eye area (REA), backfat thickness (BF), marbling score (MS), Warner-Braztler shear force (WBSF), lipid content (LC), and weight at 550 days (W550), respectively, were used. The analyzes were performed using five models: standard multi-characteristic, three reduced-rank models, and adjusted the first three (PC3), four (PC4) and five (PC5) genetic main components, and a model using factor analysis with three (FA3) factors. The models were compared by the Akaike Information Criterion (AIC) and Schwarz Bayesian Criterion (BIC), taking into account the parameters number. The random effects of the direct and residual additive genetic and the fixed effects of the contemporaneous group and the linear effect of animal age on slaughter were considered as covariate, except for yearling weight. The analysis models of genetic factors and main components selected by both selection criteria were PC3 (BIC), PC4 (AIC) and FA3 (AIC and BIC), with 46, 50 and 53 parameters, respectively. However, the model that most approached the standard multi-characteristic model was PC4, and is therefore most appropriate due to the similarity of covariance estimates. Estimates of heritability ranged from 0.06 (LP) to 0.31 (AOL) with MV and 0.04 (LP) to 0.30 (AOL) with PC4. The highest estimates of genetic correlations were among the characteristics PCQ x SF, PCQ x PS and MARM x LP, being similar in the MV and PC4 models. The highest estimates of phenotypic correlations were among the weight and AOL (PS x SF), (PS x AOL) and (SF x AOL) traits. In general, four main components were required to model the structure of the genetic covariances for growth, carcass and meat quality traits. The reduced rank model indicated by the AIC (PC4) reduced the parameters number to be estimated by 21.4%, without decreasing the quality of the adjustment.

Keywords: beef cattle, genetic parameters, reduced rank models

CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais

1. Introdução

A produção e consumo de produtos de origem animal, como a carne, é cada vez maior e importante na economia Brasileira (SEAB, 2016). O Produto Interno Brasileiro (PIB) fechou 2015 com valores correntes de 5,904 trilhões, e queda de 3,8% em relação ao ano anterior, sendo que a pecuária contribuiu com 400,652 bilhões, representando 6,79% (CEPEA, 2016). Nos últimos cinco anos, a produção de carne bovina cresceu 6,95%, as exportações 6,9% e a receita 17,7% (ANUALPEC, 2016). O crescimento da produção e exportação de carne bovina ocorreu em função da maior valorização do produto, disponibilidade de tecnologias e abertura do mercado externo, causado pela estabilização de crescimento dos Estados Unidos e Europa. De acordo com projeções realizadas pelo MAPA (2016), o consumo de carne bovina deverá subir 1,5% ao ano até 2026.

O Brasil segue tendo o maior rebanho comercial do mundo, com um efetivo de, aproximadamente, 196,8 milhões de cabeças (ANUALPEC, 2016). Os zebuínos, em especial a raça Nelore, representam grande parte deste efetivo (cerca de 72%). A relevância da raça Nelore no país é decorrente da adaptabilidade aos trópicos, alta fertilidade, vigor, tolerância aos endo e ectoparasitos, estrutura física que lhe proporciona facilidade de locomoção e longevidade (SANTIAGO, 1985). A qualidade da carne bovina é dependente de vários fatores intrínsecos e extrínsecos aos animais, porém, em geral a maior frequência de genes de origem zebuína diminui consideravelmente a maciez e a gordura intramuscular da carne, quando comparados a raças taurinas (FERGUSON et al., 2000; RESTLE et al., 2003 e CUNDIFF, 2004).

Dessa forma, a busca pelo avanço da produtividade é necessária e a seleção para características de crescimento, reprodução, qualidade da carne e carcaça deve ser feita de forma eficaz, maximizando o ganho genético por gerações. Segundo Razook et al. (2001), as características de crescimento são as mais utilizadas como critério de seleção nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte, principalmente, pela facilidade de coleta de dados, por apresentarem estimativas de herdabilidade de magnitudes moderadas, que proporcionam ganhos genéticos

razoáveis ao longo das gerações, e por estarem diretamente relacionadas à quantidade de carne produzida. As características de carcaça e carne tem papel importante no resultado final de um sistema de produção. Essa importância foi abordada por serem características relacionadas com a qualidade e quantidade do produto final, na busca de atender às exigências dos consumidores, principalmente, do mercado externo (MEYER 2007 e BIANCHINI et al. 2007).

No entanto, a utilização de um grande conjunto de característica em programas de melhoramento pode elevar consideravelmente os requisitos computacionais, além de dificultar a interpretação das relações existentes entre as variáveis. Dessa forma, a análise multivariada fornece um conjunto de técnicas capazes de diminuir a matriz de (co)variâncias e reduzir o número de parâmetros a serem estimados. A análise de componentes principais e análise fatorial são as mais comuns. A análise de componentes principais consiste na transformação do conjunto original de variáveis correlacionadas, em um novo conjunto de variáveis as quais são combinações lineares das variáveis originais, não são correlacionadas entre si, e explicam a máxima quantidade de variação (KIRKPATRICK & MEYER, 2004). Na análise de fatores cada variável resposta é representada por função linear de pequena quantidade de fatores comuns, os quais descrevem a correlação entre as variáveis, e de fatores específicos (MEYER, 2009).

2. Objetivos

Objetivou-se com este estudo estimar parâmetros genéticos para características de crescimento, carcaça e qualidade da carne em machos Nelore, utilizando diferentes modelos multi-características visando a redução da dimensionalidade dos dados.

3. Revisão de Literatura

3.1 Análises de componentes principais e fatores

Análise de Componentes Principais (PCA) é uma técnica estatística de análise multivariada que busca reduzir um conjunto original de variáveis a um

número menor de “fatores” independentes, arranjadas em ordem decrescente de variância, chamados de componentes principais, facilitando a análise (CAMPOS & CARVALHO, 2007; MEYER 2007). O objetivo da PCA é verificar a existência de uma menor quantidade de variáveis que estão relacionadas aos primeiros componentes principais, responsáveis por explicar uma proporção elevada da variação total associada ao conjunto original (MEYER, 2007). Portanto, cada componente principal é uma combinação linear de todas as variáveis originais, independentes entre si e estimados com o propósito de reter, em ordem decrescente, o máximo de informação em termos da variação total contida nos dados. Assim, a importância relativa de um componente é avaliada pela percentagem da variância total que ele explica (MUNIZ et al., 2014).

KIRKPATRICK & MEYER (2004) mostraram que é possível estimar componentes principais genéticos através da simples reparametrização do modelo linear misto usual. Para os autores, essa técnica é aplicável para qualquer análise multi-característica, onde os efeitos genéticos são correlacionados. Dependendo da magnitude de correlação genética, um pequeno subconjunto de componentes principais, geralmente, é suficiente para capturar a maior parte da variação genética. Para Meyer (2005), essa técnica apresenta algumas vantagens em relação ao modelo multi-característica padrão, tais como: 1) a estimativa dos m primeiros componentes principais produz um modelo mais parcimonioso, reduzindo o número de parâmetros de $q(q+1)/2$ (modelo multi-característica padrão) para $m(2q-m+1)/2$ (modelo reduzido) e 2) os requisitos computacionais são menores quando comparados com análise multi-características de posto completo. Isso pode facilitar análises de conjuntos de dados maiores, que produzem estimativas mais precisas de parâmetros genéticos.

O modelo multi-característica padrão em notação matricial pode ser representado da seguinte forma:

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

em que: y é o vetor das observações para as n características; β é o vetor de efeitos fixos; a é o vetor de efeitos aleatórios; e é o vetor de efeitos aleatórios

residuais; e X e Z são as matrizes de incidência, que relacionam os registros aos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente.

O modelo usado na análise de componentes principais pode ser obtido pela reparametrização das equações multivariadas, a qual produz um modelo equivalente, que ajusta os componentes principais ao invés das observações originais (KIRKPATRICK e MEYER, 2005).

Tal modelo, em notação matricial, é representado pela equação:

$$y = X\beta + Z^*a^* + e$$

em que: $Z^* = Z(E \otimes I)$, $a^* = (E' \otimes I)$ e $\Sigma_a = E \Lambda E'$. E é a matriz dos autovetores (v) e Λ a matriz de autovalores λ_i , e \otimes é o produto direto. Assim, a matriz de (co)variâncias genética (Σ) pode ser decomposta em termos de E e Λ , de forma que $EE' = I$. Considerando m componentes principais, a matriz E é substituída por E_m , a qual compreende as m primeiras colunas (v_1, \dots, v_m) de E , portanto, E_m é então utilizada para definir Z^* e a^* (KIRKPATRICK e MEYER, 2005).

É desejável que as características estudadas possuam a mesma unidade e escala não muito discrepante (MORRISON, 1976). Como na maioria das vezes isso não ocorre, recomenda-se utilizar as variáveis reduzidas, ou seja, variáveis padronizadas com média igual a zero e variância igual à unidade. Caso contrário, a variável com maior variância possuirá maior peso na estimação dos componentes, sendo esse peso mais em função das unidades de medida do que da estrutura básica das observações.

A análise de fatores é uma técnica estatística multivariada que, a partir da estrutura de dependência existente entre as variáveis de interesse (em geral representada pelas correlações ou (co)variâncias entre essas variáveis), permite a criação de um conjunto menor de variáveis (variáveis latentes, ou fatores) obtidas como função das variáveis originais. Além disso, é possível saber o quanto cada fator está associado a cada variável (fatores específicos) e o quanto o conjunto de fatores explica da variabilidade geral dos dados originais, ou seja, fatores comuns (REYS, 1997).

Rencher (2002) destaca alguns aspectos que diferem a PCA de FA:

- Os componentes principais são definidos como combinações lineares das variáveis originais. Na análise fatorial as variáveis originais são expressas como combinações lineares dos fatores.

- A análise de componentes principais explica uma grande parte da variância total das variáveis. A análise fatorial explica as covariâncias e as correlações entre as variáveis.

Segundo Meyer (2009), no modelo de análise de fatores, o efeito genético pode ser explicado por m fatores comuns (c) e q fatores específicos (s). Assume-se que a matriz de (co)variâncias para os efeitos genéticos é dada por $\Sigma = \Gamma\Gamma' + \Psi$, no qual: Γ é a matriz de cargas fatoriais, cuja dimensão é $m \times q$; e Ψ é a matriz das variâncias dos efeitos específicos, sendo esta uma matriz diagonal de ordem m . O modelo em questão pode ser representado em notação matricial como:

$$y = X\beta + Z^+c + Z^0s + e$$

em que: c e q representam, respectivamente, os fatores comuns e fatores específicos. Assim, tem-se: $Z^+ = Z^0(\Gamma I)$, $c = (I\Gamma'\Sigma^{-1})a$, $s = (I\Gamma'\Sigma^{-1})a$, $\text{Var}(c) = I$ e $\text{Var}(s) = \Psi$ (THOMPSON et al., 2003 e MEYER, 2009).

Em alguns estudos tem se utilizado as análises de fatores para modelar a estrutura de covariância em características avaliadas em bovinos de corte. Neste sentido, Meyer (2007) utilizou análise de fatores e a análise de componentes principais para estudar 14 características de carcaça em bovinos da raça Angus, e concluíram que, no máximo, oito componentes principais são necessários para modelar a estrutura de covariância genética entre as características. Mais recentemente, Boligon et al. (2013) estudaram nove características de crescimento em bovinos Nelore, e concluíram que, no máximo, três componentes principais são necessários para modelar a estrutura de covariâncias genéticas entre as características.

3.2 Estimativas de herdabilidades para característica de peso ao sobreano, carcaça e carne

Dentre as características de crescimento, o peso ao sobreano assume grande importância por ser a medida de peso mais próximo do peso de abate, e por melhor

representar o ambiente de criação, não sendo diretamente influenciado por efeitos maternos (CARDOSO, et al., 2004).

As estimativas de herdabilidade reportadas na literatura para peso ao sobreano na raça Nelore apresentam magnitudes moderadas a altas, variando de 0,24 a 0,51 (BOLIGON et al., 2009; KOURY FILHO et al., 2009; KOURY FILHO et al., 2010; LAUREANO et al., 2011; FERRIANI et al., 2013; ARAÚJO et al., 2014). De forma geral, esses resultados indicam que deve proporcionar considerável progresso genético quando usada como critérios de seleção.

A seleção para as características de carcaça e qualidade da carne ainda é limitada, devido à dificuldade e custo de mensurá-las. A maioria dos resultados de estimativas de parâmetros genéticos presente na literatura foram obtidas em animais *Bos taurus*. Nesse sentido, as estimativas de herdabilidades para as características de carcaça em animais taurinos, tem sido reportado na literatura com magnitudes moderadas a alta, variando de 0,23 a 0,51, para peso da carcaça quente (PCQ), área de olho de lombo (AOL), e espessura de gordura subcutânea (EGS) (WILSON et al., 1993; VESETH et al., 1993; GREGORY et al., 1995).

Em animais *Bos indicus*, Riley et al. (2002) reportaram estimativas de herdabilidade de magnitudes altas, com valores de 0,55; 0,44; e 0,63 para PCQ, AOL e EGS, respectivamente, em animais da raça Brahman. Resultados semelhantes foram obtidos por Smith et al. (2007) com valores de 0,50; 0,57 e 0,36, respectivamente, também trabalhando com animais Brahman. No Brasil, Rezende et al. (2009), trabalhando com 656 animais da raça Nelore com idades de 21 a 29 meses terminados em confinamento, estimaram herdabilidades de 0,38; 0,35 e 0,52, respectivamente para PCQ, AOL e EGS, obtidas após o abate dos animais. Estimativas de herdabilidade de magnitude baixa foram reportadas mais recentemente por Gordo et al. (2016), 0,17; 0,13 e 0,07 para PCQ, AOL e EGS, respectivamente, em animais da raça Nelore. De modo geral, as estimativas de herdabilidade para as características de carcaça, apresentam alta variabilidade e devem ser incluídas em programas de melhoramento devido sua importância econômica.

As estimativas de herdabilidade para as características de qualidade da carne também são mais frequentes em animais *Bos taurus* e, em geral, apresentam baixo

número de informações, elevando o erro padrão das estimativas. Em um trabalho de revisão, Burrow et al. (2001) reportaram estimativas de herdabilidade variando de 0,26 a 0,70 para as características SF e MARM, respectivamente, em animais *Bos taurus*. Crews e Kemp (2001), trabalhando com bovinos *Bos taurus* de diferentes composições genéticas, estimaram herdabilidade de 0,55 para MARM. Estimativas semelhantes foram descritas por Crews et al. (2003) para esta mesma característica em novilhos e novilhas da raça Simental de 0,47 e 0,54, respectivamente. Entre as características de qualidade da carne, a SF é considerada a característica de maior influência para a satisfação do consumidor (SIMEONI et al., 2014). No entanto, muito se tem discutido a respeito da necessidade de seleção para essa característica em *Bos indicus*, uma vez que a mesma decresce à medida que aumenta a percentagem de genes de animais zebuínos no cruzamento (RESTLE et al. 1999). Wheeler et al. (1990), atribuíram a menor maciez da carne de zebuínos com a maior concentração de calpastatina no músculo, quando comparados com taurinos. A calpastatina é o inibidor da ação da calpaína durante o processo de proteólise post-mortem.

As estimativas de herdabilidade para a característica SF da carne em *Bos taurus*, foi reportada no trabalho de Connor et al. (1997) com valor de 0,27, resultado semelhante foi reportado no trabalho de revisão de Burrow et al. (2001), com média de 0,21 e 0,26 para *Bos taurus* e cruzados, respectivamente.

Estimativas de herdabilidade para a característica MARM em animais *Bos indicus* foram reportado por Riley et al. (2002) e Smith et al. (2007), com valores de 0,37 e 0,44, respectivamente. De forma geral, as diferenças nos resultados existentes para MARM se devem, em grande parte, ao fato de que várias formas subjetivas para a avaliação da característica são utilizadas nos trabalhos, além dos diferentes grupos genéticos estudados e as diferentes metodologias para estimação das herdabilidades (BURROW et al., 2001).

Para a característica de SF em animais zebuínos, especificamente na raça Brahman, Riley et al. (2003) encontraram estimativas de herdabilidade de 0,14, 0,14 e 0,06 após 7, 14 e 21 dias de maturação, respectivamente. Também na raça Brahman, Smith et al. (2007) reportaram herdabilidade de 0,29 e 0,20 após 7 e 14 dias de maturação, respectivamente. Castro et al. (2014) trabalhando com a raça Nelore, encontraram estimativas de herdabilidade para a maciez da carne de $0,11 \pm$

0,02, indicando que a resposta à seleção para essa característica em zebuínos deve ter progresso lento. Ainda são poucos os trabalhos com parâmetros genéticos para a característica Lipídeos na literatura, recentemente Feitosa et al. (2016) reportaram estimativas de herdabilidade de magnitude baixa (0,07) em animais Nelore.

2.4 Estimativas de correlação genética entre características de crescimento e qualidade de carcaça e carne

O conhecimento das correlações genéticas das características numa população fornece importantes informações na montagem de programas de seleção, visando uma alta eficiência no melhoramento genético das características. Com a estimativa da correlação genética e da variação genética aditiva é possível a previsão da resposta correlacionada. Para que as características de carcaça e carne possam ser utilizadas como critério de seleção, é importante ter estimativas confiáveis das correlações genéticas destas características com as características de crescimento, normalmente utilizadas nos programas de melhoramento de gado de corte.

As estimativas de correlações genéticas entre peso ao sobreano e PCQ presentes na literatura em animais *Bos taurus* variam de 0,53 a 0,82 (MOSER et al., 1998; CREWS e KEMP, 2001; DEVITT e WILTON, 2001). Em animais *Bos indicus*, Ferriani et al. (2013) ao trabalharem com animais da raça Nelore, encontraram estimativas de correlação genética de $0,69 \pm 0,16$, entre as duas características, indicando que, ao se selecionar para maiores pesos ao sobreano, possivelmente, acarretará em um incremento no peso da carcaça.

No trabalho de Stelzleni et al. (2002), em animais *Bos taurus*, a característica de PS, também apresentou correlações genéticas positivas com as características de AOL e EGS, os autores reportaram estimativas de correlações genéticas de 0,44 e 0,42 respectivamente. Resultados semelhantes foram reportados por Meirelles et al. (2010), sendo $0,62 \pm 0,16$ e $0,57 \pm 0,23$, para PS x AOL e PS x EGS, respectivamente. Essas estimativas indicam que a seleção para aumento de peso deve também resultar em aumentos na espessura de gordura subcutânea e na área de olho de lombo e vice-versa. Ainda no trabalho de Meirelles et al. (2010) os autores reportaram estimativa de correlação genética entre EGS e AOL de $0,21 \pm$

0,24, o que indica que essas características são controladas em grande parte por diferentes conjuntos de genes de ação aditiva.

As características de carcaça e qualidade da carne também estão relacionadas geneticamente entre si, e a seleção de uma, pode influenciar de forma positiva ou negativa a resposta em outra. Nesse sentido, Riley et al. (2002), estudaram a correlação genética entre MARM e EGS em bovinos da raça Nelore e reportaram estimativa de correlação de 0,56.

A relação entre presença de gordura intramuscular (marmorização) e SF é muito discutida. Burrow et al. (2001), em um trabalho de revisão, revelaram que o aumento da maciez seria geneticamente associado ao aumento da gordura intramuscular, no entanto, os autores concluíram que essa correlação apresenta estimativas pouco acuradas e os resultados não são confiáveis. Smith et al. (2007) mostraram que não deve haver relação genética entre as duas características, com estimativas de $0,08 \pm 0,34$ e $-0,02 \pm 0,36$, para estágio de maturação de 7 e 14 dias, respectivamente. A correlação da maciez da carne também foi estudada com a AOL, e deve sofrer pouca influência, com estimativas de correlação de baixa magnitude, $-0,08$, Bonfatti et al. (2013).

4. Referências Bibliográficas

ANUALPEC. **Anuário da Pecuária Brasileira**. São Paulo: Instituto FNP, 2016.

ARAÚJO, C. V.; LÔBO, R. B.; FIGUEIREDO, L. G. G.; MOUSQUER, C. J.; LAUREANO, M. M. M.; BITTENCOURT, T. C. B. S. C.; ARAÚJO, S. I. Estimates of genetic parameters of growth traits of Nelore cattle in the Midwest region of Brazil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**. Salvador, v. 15, n. 4, p. 846-853, 2014.

BALDI, F.; ALENCAR, M. M.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim utilizando modelos de dimensão finita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 11, p. 2409-2417, 2010.

BARBOSA, L.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; GUIMARÃES, S. E. F.; TORRES, R. A. Avaliação de características de qualidade da carne de suínos por meio de

componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p. 1639-1645, 2006.

BARBOSA, L.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; GUIMARÃES, S. E. F.; TORRES, R. A. Avaliação de características de qualidade da carne de suínos por meio de componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p. 1639-1645, 2006.

BIANCHINI, W.; SILVEIRA, A.C.; JORGE, A. M. et al. Efeito do grupo genético sobre as características de carcaça e maciez da carne fresca e maturada de bovinos superprecoces. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n. 6, p. 2109-2117, 2007a (supl.).

BONFATTI, V.; ALBERA, A.; CARNIER, P. Genetic associations between daily BW gain and live fleshiness of station-tested young bulls and carcass and meat quality traits of commercial intact males in Piemontese cattle. **Journal of Animal Science**, v. 91, p. 2057–2066, 2013.

BOLIGON, A. A.; BIGNARDI, A. B.; MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Principal components and factor analytic models for birth to mature weights in Nelore cattle. **Livestock Science**, 152p. 135–142, 2013.

BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p. 2320- 2326, 2009.

BURROW, H. M.; MOORE, S. S.; JOHNSTON, D. J.; BARENDSE, W.; BINDON, B. M. Quantitative and molecular genetic influences on properties of beef: a review. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 41, p. 893-919, 2001.

CAMPOS, K. C.; CARVALHO, H. R. Análise estatística multivariada: uma aplicação na atividade agrícola irrigada do município de Guaiúba-ce. **Revista de Economia**, Anápolis, v. 3, n. 1, p. 108-124, 2007.

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.

CASTRO, L. M.; MAGNABOSCO, C. U.; SAINZ, R. D.; FARIA, C. U.; LOPES, F. B. Quantitative genetic analysis for meat tenderness trait in Polled Nellore cattle. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 2, p. 393-402, 2014.

CEPEA, Centro de Estudos em Economia Aplicada. **PIB do Agronegócio - Dados de 1995 a 2015**. Disponível em <http://cepea.esalq.usp.br/pib/>. Consulta em 15 de novembro de 2016.

CONNOR, S. F. O. et al. Genetic effects on beef tenderness in *Bos indicus* composite and *Bos taurus* cattle. **Journal of Animal Science**, v. 75, p. 1822–1830, 1997.

CUNDIFF, L.V. Breeds and Genedintics. In: POND, W.G.; BELL, A.W. (Ed.) **Encyclopedia of Animal Science**. Ithaca: Cornell, 2004. 800 p.

CREWS, D. H. JR.; KEMP, R. A. Genetic parameters for ultrasound and carcass measures of yield and quality among replacement and laughter beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 79, p. 3008-3020, 2001.

CREWS, D. H. JR.; POLLAK, E. J.; WEABER, R. L.; QUASS, R. L.; LIPSEY, R.J. Genetic parameters for carcass traits and their live animal indicators in Simmental cattle. **Journal of Animal Science**, v. 81, p.1427-1433, 2003.

DEVITT, C. J. B. and WILTON, J. W. Genetic correlation estimates between ultrasound measurements on yearling bulls and carcass measurements on finished steers. **Journal of Animal Science**, v. 79, p. 2790-2797, 2001.

FEIJÓ, G. L. D.; MULLER, L. Estudo dos efeitos das desossa a quente e maturação na qualidade da carne de bovinos. **Ciências Rural**, Santa Maria, v. 24, n. 3, p. 617-622, 1994.

FERGUSON, D. M. et al. Effect of electrical stimulation on protease activity and tenderness of *M. longissimus* from cattle with different proportions of *Bos indicus* content. **Meat Science**, v. 55, n. 3, p. 265–72, 2000.

FERRAZ, J. B. S.; FELÍCIO, P. E. D. Production systems - an example from Brazil. **Meat Science**, Barking, v.84, n.2, p. 238-243, 2010.

FERRIANI, L. ALBUQUERQUE, L. G.; BALDI, F. S. B.; VENTURINI, G. C.; BIGNARDI, A. B.; SILVA, J. A II. V.; CHUD, T. C. S.; MUNARI, D. P.; OLIVEIRA, J. A. 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.

GIANNOTTI, J. G.; PACKER, I. U.; MERCADANTE, M. E. Z. Meta-Análise para Estimativas de Herdabilidade para Características de Crescimento em Bovinos de Corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 4, p. 1173-1180, 2005.

GORDO, D. G. M.; ESPIGOLAN, R.; TONUSSI, R. L.; JÚNIOR, G. A. F. BRESOLIN, T.; MAGALHÃES, A. F. B.; FEITOSA, F. L.; BALDI, F.; CARVALHEIRO, R.; TONHATI H.; OLIVEIRA, H. N.; CHARDULO, L. A. L.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic parameter estimates for carcass traits and visual scores include genomic information. **Journal of Animal Science**, v. 94, p. 1821-1826, 2016.

GREGORY, K. E.; CUNDIFF, L. V.; KOCH, R. M. Genetic and phenotypic(co)variances for growth and carcass traits of purebred and composite populations of beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 73, p. 1920–1926, 1995.

JACKSON, J. E. Principal components and factor analysis: part I: principal components. *Journal of Quality Technology*.v.12, n.4, p.201-213, Oct. 1980.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**.[S.l.]: Prentice-Hall, 1992.

KARSBURG, J. H. H. FERRAZ, J. B. S.; MOURÃO, G. B. FIGUEIREDO, L. G. G.; MATTOS, E. C.; ELER, J. P. Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaças medidas por ultra-sonografia e de desenvolvimento ponderal em bovinos da raça Santa Gertrudis. In: SIMPÓSIO SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., Pirassununga, SP. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004. 1 CD-ROOM.

KIRKPATRICK, M.; MEYER, K. Direct estimation of genetic principal components: simplified analysis of complex phenotypes. **Genetics**. v. 168, p. 2295–2306, 2004.

KIRKPATRICK, M.; MEYER, K. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**.v.21, p. 1-30, 2005.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G; FORNI, S. SILVA, J. A. V.; YOKOO, M. J.; ALENCAR, M. M. Estimativas de parâmetros genéticos para os 11 escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 1015-1022, 2010.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G; ALENCAR, M. M.; FORNI, S. SILVA, SILVA, J. A. V.; LÔBO, R. B. 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.

LAUREANO, M. M. M.; BOLIGON, A. A.; COSTA, R. B.; FORNI, S.; SEVERO, J. L. P.; ALBUQUERQUE, L. G. 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, p. 143-152, 2011.

LUCHIARI FILHO, A. **Pecuária da carne bovina**, São Paulo. 2000. 134p.

MAGOLSKI, J. D. et al. Relationship between commercially available DNA analysis and phenotypic observations on beef quality and tenderness. **Meat Science**, v. 95, n. 3, p. 480–5, 2013.

MAPA. **Ministério da Pecuária e Abastecimento**. Projeções do Agronegócio. 2016.

MARQUES, E. G.; MAGNABOSCO, C. U.; LOPES, F.B. Índices de seleção para bovinos da raça Nelore participantes de prova de ganho em peso em confinamento. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v. 13, n. 3, p. 669-681, 2012.

MARSHALL, D. M. Breed differences and genetic parameters for body composition traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 72, p. 2745– 2755, 1994.

MASCIOLI, A. S.; EL FARO, L.; ALENCAR, M. M. FRIES, L. A.; BARBOSA, P. F. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e análise de componentes principais para características de crescimento da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 6, p. 1654- 1660, 2000.

MEIRELLES, S. L.; ALENCAR, M. M.; OLIVEIRA, H. N.; REGITANO, L. C. A. Efeitos de ambiente e estimativas de parâmetros genéticos para características de carcaça em bovinos da raça Canchim criados em pastagem. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 7, p. 1437-1442, 2010.

MEYER, K. Factor-analytic models for genotype x environment type problems and structured covariance matrices, **Genetics Selection Evolution**. v. 41, p. 1-11, 2009.
MEYER, K. Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor-analytic models, **Journal of Animal Breeding and Genetics**. v. 124, p. 50-64, 2007.

MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, vol.37, p.473-500, 2005.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte: UFMG, 2005. 297p.

MORRISON, D. F. **Multivariate statistical methods**. 2.ed., New York, McGraw Hill, 1976. 415p.

MOSER, D. W.; BERTRAND, J. K.; MISZTAL, I.; KRIESE, L. A. and BENYSHEK, L. L. Genetic parameter estimates for carcass and yearling ultrasound measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Science**, v. 76, p. 2542-2548. 1998.

MÜLLER, L. **Normas para avaliação de carcaças e concurso de carcaça de novilhos**. 2.ed. Santa Maria: Universidade Federal de Santa Maria, 1987. 31p.

MUNIZ, C. A. S. D.; QUEIROZ, S. A.; MASCIOLI, A. S.; ZADRA, L. E. F. Análise de componentes principais para características de crescimento em bovinos de corte. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 35, n. 3, p. 1569-1576, 2014.

PAIVA, A. L. C.; TEIXEIRA, R. B.; YAMAKI, M.; MENEZES, G. R. O.; LEITE, C. D. S.; TORRES, R. A. Análise de componentes principais em características de produção de aves de postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 2, p. 285-288, 2010.

PANETO J. C. .C.; LEMOS D. C.; BEZERRA LAF, FILHO R. M., LÔBO R. B. Estudo de características quantitativas de crescimento dos 120 aos 550 dias de idade em gado Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, p. 668-674, 2002.

PRINGLE, T. D.; WILLIAMS S. E.; LAMB, B. S.; JOHNSON, D.D.; WEST, R. L. Carcass characteristics, the calpain proteinase system, and aged tenderness of Angus and Brahman crossbred steers. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 75, p. 2955-2961, 1997.

RAZOOK, A. G.; FIGUEIREDO, L. A.; NARDON, R. F.; CYRILLO, J. N. S. G.; RUGGIERI, A. C. Efeitos de Raça e da Seleção para Peso Pós-Desmame sobre Características de Confinamento e de Carcaça da 15ª Progenie dos Rebanhos Zebu e Caracu de Sertãozinho (SP), **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, p. 15-124, 2001.

RENCHER, C. A. **Methods of multivariate analysis**. New York: J. Wiley, 2002. 708p.

RESTLE, J.; VAZ, F. N.; BERNARDES, R. A. L. C. et al. Características de carcaça e da carne de vacas de descarte de diferentes genótipos Charolês x Nelore, terminadas em confinamento. **Ciência Rural**, v.33, n.2, p.345-350, 2003.

RESTLE, J.; VAZ, F. N.; QUADROS, A. R. B.; MULLER, L. Características de carcaça e da carne de novilhos de diferentes genótipos de Hereford x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, p. 1245-1251, 1999.

REVERTER, A. A.; JOHNSTON, D. J.; PERRY, D.; GODDARD, M. E.; BURROW, H. M. Genetic and phenotypic characterisation of animal, carcass , and meat quality traits from temperate and tropically adapted beef breeds. 4. Correlations among animal , carcass , and meat quality traits. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 54, p. 149–158, 2003.

REYS, E. **Estatística multivariada aplicada**. Lisboa: Edições Silabo, p.343, 1997.
RILEY, D.; CHASE, JR. C. C.; HAMMOND, A. C.; WEST, R. L.; JOHNSON, D. D.; OLSON, T. A.; COLEMAN, S. W. Estimated genetic parameters for carcass traits of Brahman cattle. **Journal of Animal Science**, v. 80, p. 955–962, 2002.

RILEY, D. G.; CHASE JR, C. C.; HAMMOND , A. C.; WEST, R. L.; JOHNSON, D. D.; OLSON, T. A.; COLEMAN, S. W. Estimated genetic parameters for palatability traits of steaks from Brahman cattle. **Journal of Animal Science**, v. 81, p. 54-60, 2003.

SANTIAGO, A.A. O Zebu na Índia, no Brasil e no mundo. Campinas: Instituto Campineiro de Ensino Agrícola, 1985, 706p.

SEAB – **Secretaria de Estado da Agricultura e do Abastecimento**: Pecuária de Corte, 2016.

SIMEONI, C. P.; FRUET, A. P. B.; MENEZES, M. F. C.; KIRINUS, J. K.; TEIXEIRA, C.; RITT, L. A. Fatores pós - abate que contribuem para a maciez da carne. **Revista Eletrônica em Gestão Educação e Tecnologia Ambiental**, v. 18, p. 18-24, Ed. Especial, 2014.

SMITH, A.B.; CULLIS, B.R.; THOMPSON R., Analysing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trends, 2117, 2007a (supl.). **Biometrics**, v. 57, p. 1138–1147, 2001.

SMITH, T.; DOMINGUE, J. D.; PASCHAL, J. C.; FRANKE, D. E.; BIDNER, T. D.; WHIPPLE, G. Genetic parameters for growth and carcass traits of Brahman steers. **Journal of Animal Science**, v. 85, p. 1377-1384, 2007.

SPEARMAN, C. “**General Intelligence**”, **Objectively Determined and Measured**. American Journal of Psychology, USA, 1904.

STELZLENI, A. M.; PERKINS, T. L.; BROWN JR., A. H.; POHLMAN, F. W.; JOHNSON, Z. B.; SANDELIN, B. A. Genetic parameter estimates of yearling live animal ultrasonic measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Science**, v. 80, p.3150-3153, 2002.

THOMPSON, R.; CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; GILMOUR, A. R. A sparse implementation of the Average Information algorithm for factor analytic and reduced rank variance models. **Australian and New Zealand Journal of Statistics**, v. 45 p. 445–459, 2003.

VESETH, D. A.; REYNOLDS, W. L.; URICK, J. J.; NELSON, T. C.; SHORT, R.E.; KRESS, D. D. Paternal half-sib heritabilities and genetic, environmental, and phenotypic correlation estimates from randomly selected Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v. 71, p. 1730-1736, 1993.

WHEELER, T. L.; SAVELL, J. W.; CROOS, H. R.; LUNT, D. K.; SMITH, S. B. Mechanisms associated with the variation in tenderness of meat from Brahman and hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v. 68, n.12, p.4206- 4220, 1990.

WILSON, D. E.; WILLHAM R. L.; NORTHCUTT S. L.; ROUSE, G. H. Genetic parameters for carcass traits estimated from Angus field records. **Journal of Animal Science**, v. 68, p. 2365-2369, 1993.

CAPÍTULO 2 – ANÁLISE DE FATORES E COMPONENTES PRINCIPAIS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO, CARÇAÇA E QUALIDADE DA CARNE EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

1. INTRODUÇÃO

Estudos com características de carcaça e carne têm se tornado importante diante da crescente exigência do mercado por qualidade, sendo esse aspecto um ponto fundamental para a expansão do mercado da carne (ALVES et al., 2005). No entanto, ao contrário das características de crescimento, as características de carcaça e carne ainda são poucas exploradas no Brasil, devido à expressão tardia e complexidade de avaliá-las, sendo que para as características de carne, somente é possível analisar depois do abate. Porém, em alguns nicho de mercado internacional, tais características são umas das mais valorizadas (SOSNICKI; NEWMAN, 2010), ressaltando a importância de incluí-las em programas de melhoramento genético.

A questão é que muitas características, como as de crescimento e reprodução já são avaliadas e utilizadas como critério de seleção em programas de melhoramento, elevando os requisitos computacionais, sendo que algumas podem contribuir pouco para discriminação entre os indivíduos. Nesse sentido, a análise multi-característica fornece um conjunto de técnicas estatísticas capazes de modelar a matriz de covariâncias e reduzir o número de parâmetros a serem estimados. Dentre elas, a análise de componentes principais e análise fatorial são as mais empregadas com esse objetivo, além de poder reduzir substancialmente os requisitos computacionais da análise do modelo misto em comparação com modelos multi-característica padrão (Meyer, 2009).

A utilização dessa técnica de análise multivariada a nível genético foi sugerido por Kirkpatrick e Meyer (2004), que mostraram a eficiência da mesma para reduzir o número de valores genéticos a serem estimados e o número de parâmetros para modelar a estrutura de covariâncias genéticas. De acordo com Kirkpatrick e Meyer (2004) e Meyer (2007), a análise de componentes principais consiste na transformação do conjunto original de variáveis correlacionadas em um

novo conjunto de variáveis que, por sua vez, são combinações lineares das variáveis originais e explicam a maior parte da variação genética. Em comparação à análise de componentes principais, a análise de fatores baseia-se na identificação das relações existentes entre diferentes variáveis por meio de (co)variância. Nesta análise, cada resposta é representada por uma função linear de um pequeno número de fatores não comuns e de fatores específicos (MEYER, 2009).

O objetivo deste estudo foi comparar diferentes metodologias de análises multicaracterísticas, na estimação de parâmetros genéticos, visando à redução da dimensionalidade dos dados, para características de crescimento, carcaça e qualidade da carne em bovinos da raça Nelore.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Dados e definição das características

Os dados foram obtidos de animais machos da raça Nelore não castrados, participantes de quatro programas de melhoramento – DeltaGen, CRV Paint, Qualitas e Cia de Melhoramento. Foram analisados um total de 40.391 registros de 16.994 animais, sendo 5.738 com paternidade desconhecida, nascidos entre 2008 a 2014, provenientes de 8 rebanhos localizados nas regiões sudeste, centro-oeste e nordeste. Os animais foram criados em sistema de pastejo, sendo confinados apenas na fase de terminação, por volta de 90 dias. O abate ocorreu quando os animais estavam com idade média de 23,44 meses.

As características de carcaça avaliadas foram: peso da carcaça quente (PCQ), 12-13th área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS). O PCQ foi medido após a sangria, esfolação, evisceração, remoção da cabeça, patas, rabada, órgãos genitais externos, gordura peri-renal e inguinal, ferida de sangria, medula espinhal e diafragma. A AOL e EGS foram obtidas nas amostras do músculo *Longissimus dorsi*, retiradas entre a 12^a e a 13^a costela. A AOL foi medida pelo método do quadrante de pontos (em que cada quadrado corresponde a um cm²), o qual foi colocado sobre a amostra para contagem dos quadrados e a soma de todos os quadrados corresponde à área de olho de lombo do animal. Para determinar a EGS foi utilizado um paquímetro na camada de gordura subcutânea

localizada a um ângulo de 45 graus a partir do centro geométrico da amostra. Os valores de EGS foram obtidos em milímetros.

As características de carne avaliadas foram: maciez, mensurada pela força de cisalhamento (SF); escore de marmorização (MARM) e lipídeos (LP). A maciez foi medida pelo procedimento padronizado e proposto por Wheeler et al. (1996), no qual as amostras de 1 polegada de espessura são retiradas das peças previamente colhidas nos frigoríficos, descongeladas e assadas até atingirem a temperatura interna de 71 °C. A medição da temperatura interna foi feita com o auxílio de um termopar instalado no centro geométrico da peça. Assim, as amostras foram resfriadas em temperatura ambiente e refrigeradas por volta de 1°C por um período de 24 hr, quando então foram retirados de 6 a 8 cilindros de meia polegada de diâmetro. Estes cilindros foram submetidos ao cisalhamento utilizando o equipamento Salter Warner – Bratzler Shear Force mecânico, com capacidade de 25kgf e velocidade de seccionamento de 20 cm/minuto. A média aritmética da força de cisalhamento dos 6 a 8 cilindros foi utilizada como medida da maciez, expressa em kgf.

As análises de MARM foram realizadas utilizando como referência o padrão do United States Department of Agriculture - USDA *Quality grade* (1999). Com escala de graduação visual variando de zero (marmorização da carne ausente) até seis (marmorização da carne moderada).

A extração de LP seguiu a metodologia descrita por Bligh e Dyer (1959), a qual demonstra eficácia na extração de todos os grupos de LP encontrados em amostras frescas de alimentos (com grande quantidade de água na composição).

Para característica de crescimento, foi avaliado o PS, considerando os animais pertencentes aos GC em comum aos animais que tinha observações de carcaça e carne.

Os GC para as características de carcaça e carne foram definidos considerando efeitos de safra ao nascimento, fazenda ao sobreano e grupo de manejo ao sobreano. Para a característica de peso ao sobreano, houve acréscimo dos efeitos de grupo de manejo à desmama e fazenda à desmama. Para evitar o efeito das escalas de avaliação, todas as características, exceto MARM foram padronizadas, subtraindo do valor de cada variável a sua média e dividindo o

resultado pelo o desvio-padrão da característica. A estrutura geral dos dados observados é apresentado na Tabela 1.

Tabela 1. Características com os respectivos Números de observações (N°), médias, desvios-padrão (DP), Número de touros, Número de vacas e o Número de GC

Caract.	N°	Média	DP	N° de touro	N° de vacas	N° de GC
PS (Kg)	16,575	281,71	47,17	1409	47737	7400
PCQ (Kg)	4,023	277,49	27,47	389	3795	150
AOL(cm2)	4,121	68,06	8,90	427	3883	161
EGS (mm)	4,109	4,68	2,30	427	3873	161
MARM	4,188	2,74	0,41	430	3953	162
SF (Kgf)	4,213	6,08	1,75	430	3976	162
LP (%)	3,320	0,78	0,37	398	3166	136

peso ao sobreano (PS), peso da carcaça quente (PCQ), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) maciez (SF), escore de marmorização (MARM) e lipídeos (LP)

2.2. Análises

As análises foram realizadas por meio de cinco modelos: multi-característica padrão (MV), três modelos de posto reduzido ajustando os primeiros três, quatro e cinco componentes principais genéticos (PCA) e um modelo utilizando análise de fatores (FA) com três fatores. Para todos os modelos foram considerados os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual, e os efeitos fixos do GC e o efeito linear da idade ao abate (características de carcaça e carne) e idade do peso ao sobreano (PS). Foram realizadas análises uni e bicaracterísticas prévias para obtenção das estimativas dos componentes de variâncias usadas posteriormente nas análises multi-características.

O modelo multi-características (MV) utilizado pode ser representado em notação matricial como:

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

em que: y representa o vetor das observações para as sete características (PS, carcaça e qualidade da carne), β é o vetor de soluções para os efeitos fixos; $u =$

é o vetor de soluções para os efeitos aleatórios genéticos aditivos; X e Z são as matrizes de incidência, para os efeitos fixos e aleatório de animal, respectivamente, e é o vetor do efeito aleatório residual, A o numerador da matriz de parentesco, com $Var(u) = \Sigma \otimes A$ em que Σ é a matriz de (co)variâncias.

Foram assumidas as seguintes pressuposições: $E(y) = X\beta$, $E(a)=0$ e $E(e)=0$

O modelo usado na análise de componentes principais pode ser obtido pela reparametrização das equações multivariadas, a qual produz um modelo equivalente, que ajusta os componentes principais ao invés das observações originais.

Tal modelo, em notação matricial, é representado pela equação:

$$y = X\beta + Z^*u^* + e$$

em que $Z^* = Z(E \otimes I)$, $u^* = (E \otimes I)$, $Var(u^*) = (I \otimes A)$ e $\Sigma = E\Lambda E'$. Nestas definições, E correspondendo a matriz dos autovetores (v) e Λ a matriz diagonal dos autovalores λ_i . Assim, a matriz de (co)variâncias genética (Σ) pode ser decomposta em termos de E e Λ , de forma que $EE' = I$. Considerando m componentes principais, a matriz E é substituída por E_m , a qual compreende as m primeiras colunas (v_1, \dots, v_m) de E , portanto, E_m é então utilizada para definir Z^* e u^* (KIRKPATRICK e MEYER, 2005).

No modelo de análise de fatores, o efeito genético pode ser explicado por m fatores comuns (c) e q fatores específicos (s). Assume-se que a matriz de (co)variâncias dos efeitos genéticos é dada por $\Sigma = \Gamma\Gamma' + \Psi$, no qual: Γ é a matriz de cargas fatoriais, cuja dimensão é $m \times q$; e Ψ é a matriz das variâncias dos efeitos específicos, sendo esta uma matriz diagonal de ordem m . O modelo em questão pode ser representado em notação matricial como:

$$y = X\beta + Z^+c + Z^0s + e$$

em que: c e q representam, respectivamente, os fatores comuns e fatores específicos. Assim, tem-se: $Z^+ = Z^0(\Gamma \otimes I)$, $c = (I \otimes \Gamma' \Sigma^{-1})u$, $s = (I \otimes \Gamma' \Sigma^{-1})u$, $Var(c) = I$ e $Var(s) = \Psi \otimes I$ (THOMPSON et al., 2003, MEYER, 2009).

Para todos os modelos, foram considerados os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual (MV, PCA e FA), assumindo posto completo somente para a matriz de (co) variâncias residuais. Os componentes de (co)variâncias e os

parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando o pacote Wombat (MEYER, 2006).

A comparação entre os modelos foi efetuada pelos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) (WOLFINGER, 1993). Os critérios AIC e BIC permitem uma comparação entre os modelos não aninhados e penalizam aqueles com maior número de parâmetros, sendo que o BIC atribui uma penalidade mais rigorosa.

Os critérios de informação podem ser representados como:

$$AIC = -2\log L + 2p$$

$$BIC = -2\log L + p\log(N-r),$$

Em que: p é o número de parâmetros do modelo, N o número total de observações, r é o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos no modelo e $\log L$ o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita. Menores valores para AIC e BIC indicam melhor ajuste.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Parametrização dos modelos

Nos modelos estudados, os valores do logaritmo da função deverossimilhança ($\log L$) diminuíram com o aumento do número de parâmetros. De acordo com os dois critérios de seleção, o modelo com maior número de parâmetros promoveu o pior ajuste (Tabela 2). Entre os modelos reduzidos, o melhor, segundo o critério de seleção BIC foi PC3 e, de acordo o AIC o que teve o melhor ajuste foi o PC4. Estes modelos têm 46 e 50 parâmetros, respectivamente, valores menores quando comparado ao modelo de posto completo (MV), com 56 parâmetros.

O modelo mais parcimonioso para descrever a estrutura de (co)variâncias entre as sete características de crescimento, carcaça e qualidade da carne, foi o PC3 (BIC), apresentando maior redução no número de parâmetros, reduzindo assim os requisitos computacionais, comparado ao modelo MV. Entretanto, o modelo que obteve as estimativas de (co)variâncias mais similares, quando comparado ao modelo multi-característica foi o PC4 (AIC), que também apresentou expressiva redução no número de parâmetros. Meyer (2005) ao trabalhar também com

características de carcaça medidas por ultrassonografia, mostrou que apenas cinco componentes principais foram suficientes para modelar a estrutura de (co)variâncias genéticas entre as 8 características estudadas.

Tabela 2. Modelos, número de parâmetros (NP) do modelo, função de verossimilhança (log L), critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) e proporção acumulada da variância genética aditiva explicada pelos três primeiros autovalores para os diferentes modelos estudados.

Modelos ^a	NP	Log L	AIC	BIC	λ_1 (%)	λ_2 (%)	λ_3 (%)
PC3	46	-19352	38797,0	39191,3	52,26	81,42	100
PC4	50	-19346	38792,6	39221,2	46,67	73,99	92,00
PC5	53	-19343	38793,1	39247,4	42,89	68,37	85,68
MV	56	-19342	38797,6	39277,6	42,19	67,37	84,32
FA3	53	-19343	38793,2	39247,5	55,43	89,12	100

Valores em negrito indicam o melhor modelo de acordo o AIC e BIC, ^aPCn= análise contendo n componentes principais; MV= modelo multi-característica; FAn= análise contendo n fatores.

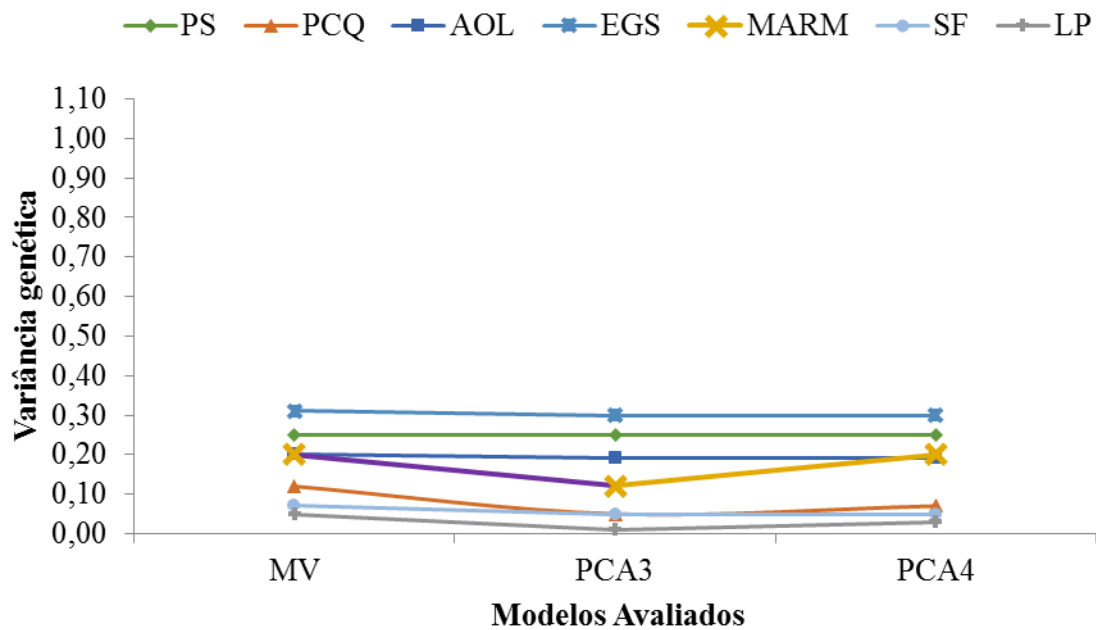
Assim como no presente estudo, MEYER (2007) utilizando modelo de análise multi-características, análise de fatores e análise de componentes principais, para estudar 14 características de carcaça em bovinos Angus, e Boligon et al. (2013), estudando nove características de crescimento em bovinos Nelore, observaram que oito e três componentes principais, respectivamente, promoveram um melhor ajuste na estrutura de (co)variâncias genéticas em comparação com as demais abordagens. No entanto, vale ressaltar que, as características estudadas por estes autores apresentam grau de correlação elevado, quando comparado ao presente estudo, e por isso, um número menor de componentes principais são suficientes para modelar a matriz de (co)variâncias.

Os três primeiros autovalores da matriz de (co)variâncias genética aditiva direta do modelo de posto completo explicaram 84,32% da variação genética aditiva total, e o primeiro autovalor foi responsável por 42,19% desta variação, enquanto

que no modelo de posto reduzido (PC4), os três primeiros autovalores explicaram 92% da variação genética aditiva total (Tabela 2).

As variâncias genéticas aditiva direta e fenotípica, para os modelos MV, PC3 e PC4, estão apresentadas na Figura 1. Os modelos de componentes principais, em especial o modelo PC4, forneceram estimativas de variâncias genética aditiva direta similares ao modelo multi-característica padrão.

Esses resultados se assemelham em parte aos encontrados no trabalho de Boligon et al. (2013), no qual poucos fatores ou componentes principais estimaram adequadamente a variação dos efeitos genéticos direto para as características de crescimento altamente correlacionadas.



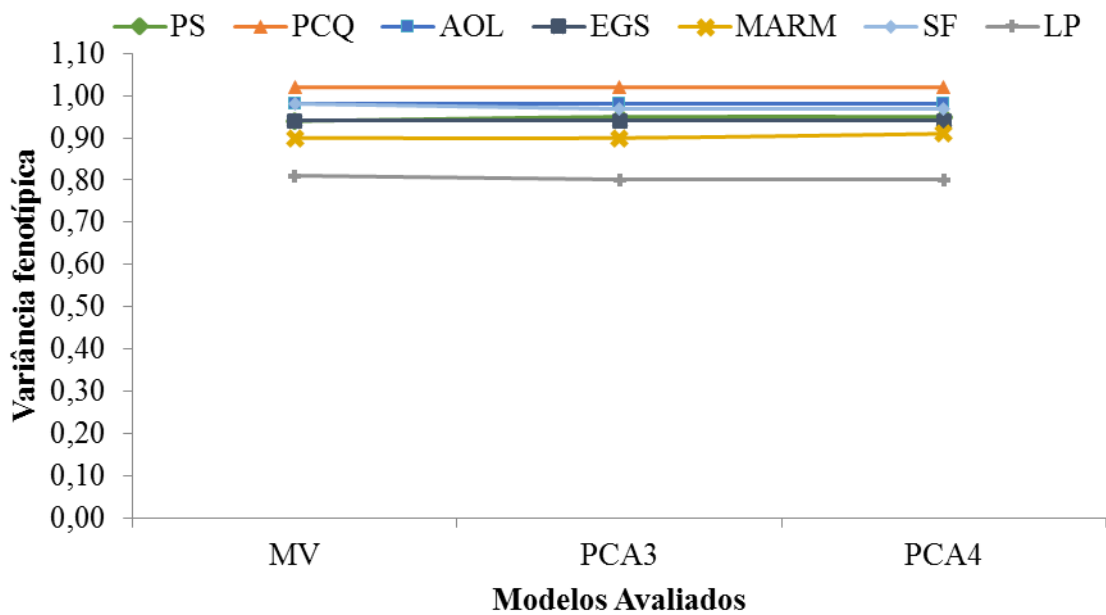


Figura 1. Variâncias estimadas pelo modelo multi-características (MV) e ajustado para os 3(PC3) e 4 (PC4) primeiros componentes principais para peso da carcaça quente (PCQ), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), maciez (SF), escore de marmorização (MARM), lipídeos (LP) e peso ao sobreano (PS).

As variâncias estimadas com o modelo FA3 (não apresentadas) diferiram das obtidas com os outros modelos. Provavelmente, isso aconteceu devido ao fato de que a análise de fatores considera as variâncias comuns entre as variáveis e, por serem características com baixa correlação genética, ou seja, de pequena variância comum, os fatores não conseguiram ajustar adequadamente as variâncias.

3.2 Estimativas de herdabilidade

As estimativas de herdabilidades para as características de crescimento, carcaça e qualidade da carne obtidos com os modelos MV, PC3 e PC4 estão apresentadas na Tabela 3. As estimativas de herdabilidades obtidas por meio de análises uni, bicaracterística e multi-características foram similares (resultados não apresentados). As estimativas obtidas com os modelos de componentes principais foram próximas entre si, exceto para a característica MARM, que diferiu no modelo PC3, comparado aos demais modelos. A maior diferença nas estimativas de herdabilidades entre os modelos MV e PC4 foi obtido na característica EGS, sendo ainda a mais próxima entre os dois modelos de posto reduzido apresentado.

A menor estimativas de herdabilidades obtidas com os modelos indicados pelos critérios de escolha foi observada para a característica LP (0,02). Feitosa et al. (2016), trabalhando com parte do banco de dados do presente estudo, também reportaram baixa estimativa de herdabilidade para LP (0,07), valor próximo foi estimado no modelo MV. Esta menor variabilidade genética pode ser atribuída, em parte, ao fato da raça Nelore ser conhecida pelo baixo teor de gordura intramuscular em relação a animais *Bos taurus* (ROSSATO et al. 2010), o que pode dificultar a identificação de diferenças entre os animais.

Tabela 3. Estimativas de herdabilidade obtidas com os modelos multi-características (MV), 3 (PC3) e 4 (PC4) componentes principais e os respectivos erros-padrão

Características	MV	PC3	PC4
PS	0,27(±0,03)	0,26(±0,02)	0,26(±0,02)
PCQ	0,19(±0,04)	0,18(±0,04)	0,19(±0,04)
AOL	0,31(±0,06)	0,30(±0,06)	0,30(±0,06)
EGS	0,13(±0,05)	0,05(±0,02)	0,07(±0,03)
MARM	0,22(±0,06)	0,13(±0,04)	0,22(±0,06)
SF	0,07(±0,03)	0,05(±0,02)	0,06(±0,02)
LP	0,06(±0,04)	0,02(±0,01)	0,04(±0,03)

peso ao sobreano (PS), peso da carcaça quente (PCQ), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) maciez (SF), escore de marmorização (MARM) e lipídeos (LP)

As estimativas de herdabilidades obtidas no presente estudo foram semelhantes em parte a trabalhos que estudaram as características de crescimento e carcaça em modelo multi-características padrão também na raça Nelore. Nesse sentido, Ferriani et al. (2013) obtiveram estimativas de herdabilidades de 0,34 e 0,20, para peso ao sobreano e peso da carcaça, respectivamente. Enquanto que neste estudo, foram obtidos 0,27 e 0,19, respectivamente, em análise MV. Fernandes Júnior et al. (2016) e Gordo et al. (2016), trabalhando com parte do banco de dados do presente estudo, reportaram estimativas de 0,17; 0,13; 0,07 e

0,17; 0,20; 0,08 para PCQ, AOL e EGS, respectivamente, para os dois estudos. As estimativas do presente estudo diferiram para a características AOL nos três modelos apresentados e para EGS no modelo MV, sendo semelhante no modelo PC4.

Com exceção do MARM, as estimativas de herdabilidade para as características de carne foram de baixa magnitude (Tabela 3). Estimativas superiores às do presente estudo para MARM e SF, foram reportadas por Smith et al. (2007) em animais da raça Brahman, com valores de 0,37 para MARM e 0,29 e 0,20 para SF com 7 e 14 dias de maturação, respectivamente. Para as características de SF e LP, os resultados do presente estudo foram semelhantes ao de Feitosa et al. (2016), com estimativas de 0,06 e 0,07, respectivamente. Estimativas próximas também ao estudo de Magalhães et al. (2016) para a característica de SF (0,12), ambos os trabalhos com parte do banco de dados do presente estudo.

3.3 Estimativas de correlações genéticas e fenotípicas

As estimativas de correlações genéticas e fenotípicas para as características de crescimento, carcaça e qualidade da carne no modelo de posto completo (MV) e nos modelos de posto reduzido (PC3 e PC4) estão apresentadas na Tabela 4.

Tabela 4. Estimativas de correlações genéticas obtidas usando o modelo multi-características (acima da diagonal) e ajustando para os três (PC3) e quatro (PC4) primeiros componentes principais (abaixo de diagonal).

Modelos	Características	PCQ	AOL	EGS	MARM	SF	LP
Peso ao Sobreano							
MV		0,77 (±0,08)	0,22 (±0,12)	0,18 (±0,18)	0,00 (±0,14)	-0,32 (±0,21)	0,29 (±0,26)
PC3		0,83 (±0,06)	0,22 (±0,12)	0,62 (±0,16)	-0,09 (±0,16)	-0,41 (±0,20)	0,43 (±0,24)
PC4		0,84 (±0,06)	0,21 (±0,12)	0,40 (±0,19)	0,02 (±0,14)	-0,42 (±0,19)	0,43 (±0,24)
Peso da Carcaça Quente							
MV		-	0,40 (±0,14)	0,04 (±0,21)	0,25 (±0,18)	-0,68 (±0,21)	0,18 (±0,30)
PC3		-	0,41 (±0,13)	0,12 (±0,23)	-0,44 (±0,16)	-0,84 (±0,12)	0,25 (±0,39)
PC4		-	0,41 (±0,13)	0,05 (±0,23)	-0,28 (±0,17)	-0,84 (±0,11)	0,23 (±0,29)
Área de Olho de Lombo							
MV			-	-0,00 (±0,21)	0,22 (±0,17)	-0,31 (±0,23)	0,29 (±0,31)
PC3				0,09 (±0,24)	0,35 (±0,17)	-0,44 (±0,20)	0,70 (±0,30)
PC4				0,09 (±0,23)	0,23 (±0,17)	-0,43 (±0,21)	0,44 (±0,29)
Espessura de Gordura Subcutânea							
MV				-	0,09 (±0,24)	0,02 (±0,32)	0,31 (±0,36)
PC3					0,63 (±0,17)	0,41 (±0,26)	0,75 (±0,29)
PC4					0,44 (±0,29)	0,40 (±0,26)	-0,01 (±0,38)
Marmoreio							
MV					-	0,39 (±0,27)	0,77 (±0,26)
PC3						0,67 (±0,18)	0,74 (±0,27)
PC4						0,44 (±0,24)	0,86 (±0,14)
Maciez							
MV						-	-0,20 (±0,44)
PC3							0,08 (±0,46)
PC4							-0,02 (±0,37)

As estimativas de correlações genéticas entre características de crescimento, carcaça e carne foram positivas nos modelos de posto reduzido e MV. Estes resultados indicam que parte dos mesmos genes afetam essas características no mesmo sentido, em especial PCQ e PS, indicando que a seleção para maiores pesos ao sobreano implicará em maior peso da carcaça e, conseqüentemente, maior remuneração ao produtor.

O resultado do presente estudo foi semelhante ao de Moser et al. (1998) que estimaram correlações genéticas entre características de carcaça e peso ao sobreano em bovinos da raça Brangus, com estimativas de correlações de 0,61 (PCQ x PS) e 0,60 (AOL x PS). Entretanto, diferentemente deste estudo, Moser et al. (1998) estimaram correlação genética negativa e baixa (-0,19) entre EGS e PS.

As estimativas de correlações genéticas obtidas entre a AOL e as características de peso, AOL x PCQ e AOL x PS, foram moderadas e positivas nos três modelos apresentados, indicando que seleção para peso ao sobreano deve levar, por resposta correlacionada, a um aumento da AOL. Esses resultados se assemelham aos de Gordo et al. (2012), 0,55 (AOL x PCQ) e Ferriani et al. (2013), 0,45 (AOL x PS), ambos em animais da raça Nelore.

As estimativas de correlações genéticas entre as características de qualidade da carne e PS foram positivas e de magnitude baixa a moderada, semelhantes nos três modelos (MV, PC3 e PC4). No entanto, embora PS esteja associado de forma desejável com a SF e LP, a seleção para o PS não deve promover mudanças genéticas importantes nestas duas características, uma vez que as mesmas apresentaram baixa herdabilidade. A correlação genética estimada entre PS e SF, próximas entre os três modelos, difere (0,55) do valor estimado no trabalho de Wheeler et al. (2005) em animais *Bos taurus*. A correlação nula obtida nos dois modelos entre PS e MARM, indica que a utilização deste peso como critério de seleção não levaria a mudanças genéticas em MARM, resultado semelhante ao de Wheeler et al. (2005).

As estimativas de correlações genéticas entre características de carcaça e carne variaram de -0,84 a 0,44 no modelo PC4 e -0,68 a 0,77 no modelo MV. Estimativa de magnitude alta e negativa foi observada entre as características PCQ e SF, indicando que animais mais pesados teriam maior maciez da carne. A maior

maciez da carne em animais de maior PCQ, pode ser explicado pelo o fato de que animais com maior ganho de peso dentro do seu GC são mais precoces, conseqüentemente, deposita gordura subcutânea em menor idade. Vale ressaltar, porém, que não se pode esperar resposta correlacionada importante nesta característica por seleção para PCQ, devido à baixa herdabilidade do SF. Reverter et al. (2003) também encontraram associação genética negativa entre as características de PCQ e SF, embora de menor magnitude (-0,21) que no presente trabalho.

Apesar da correlação genética moderada obtida entre AOL e LP nos modelos PC4 e MV, a baixa herdabilidade de LP indica que também não se pode esperar resposta correlacionada importante entre estas características.

A estimativa de correlação genética entre o MARM e LP foi alta e positiva nos dois modelos (PC4 e MV), e indica que grande parte dos genes que controlam o MARM influencia também a expressão do LP. Este resultado é esperado, uma vez que o escore de marmorização avalia, de forma subjetiva, a quantidade de gordura entremeada na carne, enquanto que a gordura intramuscular mensura de forma objetiva esta característica.

As estimativas de correlações genéticas entre SF e MARM foram positivas e de magnitude moderada nos modelos apresentados, e indica que a seleção para MARM diminui a maciez da carne, porém, também nesse caso não deve esperar grandes mudanças genéticas, devido a baixa herdabilidade de SF, o mesmo acontece com a estimativas negativas e de baixa magnitude obtida entre as características SF e LP, as duas com as menores herdabilidades nos quatro modelos estudados (MV, PC3, PC4 e FA3).

A correlação entre MARM e SF não apresentam conclusão concreta na literatura, com o erro padrão das estimativas elevada (BURROW et al. 2001 e SMITH et al, 2007). E portanto, necessita de mais estudo nesse sentido para explicar a relação entre tais características.

De modo geral, as estimativas de correlações fenotípicas entre PS e as características de carcaça foram positivas e moderadas nos modelos apresentados, indicando que animais mais pesados terão maior PCQ e maior AOL. Entretanto, as estimativas de correlações fenotípicas entre o PS e as características de qualidade

da carne foram próximas de zero, e indicam que, o maior PS não é um bom indicativo de qualidade da carne.

As maiores coincidências da seleção dos animais para maiores valores genéticos ocorreram entre o modelo MV e o PC4 (Tabela 5). A média dos três grupos de seleção (2, 5 e 10% para maiores valores genéticos), mostra que 165 animais a mais coincidiram entre o modelo PC4 e o MV, comparado ao modelo PC3 (Tabela 5).

Tabela 5. Coincidência dos 2, 5 e 10% melhores animais com base nos valores genéticos preditos com o modelo multi-característica (MV) e os modelos ajustados para os três (PC3) e quatro (PC4) primeiros componentes principais

MV	2% - 710		5% - 1773		10% - 3545	
	PC3	PC4	PC3	PC4	PC3	PC4
PS	678	681	1689	1712	3415	3461
PCQ	622	617	1602	1593	3269	3259
AOL	675	678	1686	1714	3367	3448
EGS	196	328	619	1051	1535	2033
MARM	460	659	1234	1633	2464	3205
SF	428	478	1069	1189	2286	2506
LP	404	436	1007	1155	1887	2216

peso ao sobreano (PS), peso da carcaça quente (PCQ), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) maciez (SF), escore de marmorização (MARM) e lipídeos (LP).

As correlações dos valores genéticos entre o modelo MV e os modelos PC3 e PC4 variaram de 0,69 a 0,99 (Tabela 6). Em geral as correlações foram altas e semelhantes entre os modelos de posto reduzido. No entanto, nas correlações para as características EGS, MARM e LP é possível observar que o modelo PC4 obteve resultados mais próximo do modelo MV, quando comparado com o modelo PC3.

Tabela 6. Correlação dos valores genéticos entre o modelo multi-característica (MV) e os modelos ajustados para os três (PC3) e quatro (PC4) primeiros componentes principais

Características	MV	
	PC3	PC4
PS	0,99	0,99
PCQ	0,98	0,98
AOL	0,99	0,99
EGS	0,69	0,82
MARM	0,85	0,97
SF	0,91	0,92
LP	0,76	0,88

peso ao sobreano (PS), peso da carcaça quente (PCQ), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) maciez (SF), escore de marmorização (MARM) e lipídeos (LP).

O modelo mais parcimonioso, ou seja, o que mais reduziu o número de parâmetros (35,7%) foi o PC3 selecionado pelo o BIC (Tabela 2), comparado ao modelo MV. No entanto, o modelo PC4 selecionado pelo o AIC é o mais indicado para descrever as estruturas de (co)variâncias entre as sete características estudadas, pois também apresentou expressiva redução no número de parâmetros (21,4%) e obteve estimativas mais similar ao modelo multi-característica padrão, além disso, apresentou maior coincidência dos melhores animais com base no valor genético e maior correlação entre os valores genéticos.

CONCLUSÃO

No máximo quatro componentes principais são suficientes para modelar a estrutura de (co)variâncias genéticas entre as características estudadas, pois diminui consideravelmente o número de parâmetros, sem reduzir a qualidade de ajuste. Para este conjunto de características estudadas, a análise de fatores não foi eficaz para a redução do número de parâmetros, e por isso não é vantajoso sua utilização.

5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BIGNARDI, A. B.; FARO, L. EL.; ROSA, G. J. M.; CARDOSO, V .L.; MACHADO, P. F.; ALBUQUERQUE L. G. Short communication: Principal components and factor analytic models for test-day milk yield in Brazilian Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 95, n. 4, p. 2157-2164, 2012.

BLIGH, E. G.; DYER, W. J. A rapid method of total lipid extraction and purification. **Canadian Journal of Biochemistry and Physiology**, v. 37, p. 911- 917, 1959.

BOLIGON, A. A.; BIGNARDI, A. B.; MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Principal components and factor analytic models for birth to mature weights in Nelore cattle. **Livestock Science**, 152 p.135–142, 2013.

BURROW, H. M.; MOORE, S. S.; JOHNSTON, D. J.; BARENDSE, W.; BINDON, B. M. Quantitative and molecular genetic influences on properties of beef: a review. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 41, p. 893-919, 2001.

CASTRO, L. M.; MAGNABOSCO, C. U.; SAINZ, R. D.; FARIA, C. U.; LOPES, F. B. Quantitative genetic analysis for meat tenderness trait in Polled Nelore cattle. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 2, p. 393-402, 2014.

CREWS, D. H. JR.; KEMP, R. A. Genetic parameters for ultrasound and carcass measures of yield and quality among replacement and slaughter beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 79, p. 3008-3020, 2001.

DEVITT, C. J. B. and WILTON, J. W. Genetic correlation estimates between ultrasound measurements on yearling bulls and carcass measurements on finished steers. **Journal of Animal Science**, v. 79, p. 2790-2797, 2001.

FEITOSA, F. L. B.; OLIVIERI, B. F.; ABOUJAOUDE, C.; PEREIRA, A. S. C.; LEMOS, M. V. A.; CHIAIA, H. L. J.; BERTON, M. P.; PERIPOLLI, E.; FERRINHO, A. F.; MUELLER, L. F.; MAZALLI, M. R.; ALBUQUERQUE, L. A.; OLIVEIRA, H. N.; TONHATI, H.; ESPIGOLAN, R.; TONUSSI, R. L.; SILVA, R. M. O.; GORDO, D. G. M.; MAGALHÃES, A. F. B.; AGUILAR, I.; BALDI, F. Genetic correlation estimates between beef fatty acid profile with meat and carcass traits in Nelore cattle finished in feedlot. **Journal of Applied Genetics**, p. 1-10, 2016.

FERNANDES JÚNIOR, G. A.; ROSA, G. J. M. ; VALENTE, B. D.; CARVALHEIRO, R.; BALDI, F.; GARCIA, D. A.; GORDO, D. G. M.; ESPIGOLAN, R.

TAKADA, LUCIANA; TONUSSI, R. L.; ANDRADE, W. B. F.; MAGALHÃES, A. F. B.; CHARDULO, L. A. L.; TONHATI, HUMBERTO; ALBUQUERQUE, L. G. Genomic prediction of breeding values for carcass traits in Nelore cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 48, n. 7, p. 1-8, 2016.

FERRIANI, L. ALBUQUERQUE, L. G.; BALDI, F. S. B.; VENTURINI, G. C.; BIGNARDI, A. B.; SILVA, J. A. II. V.; CHUD, T. C. S.; MUNARI, D. P.; OLIVEIRA, J. A. 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.

GORDO, D. G. M.; BALDI, F.; LÔBO, R. B.; KOURY FILHO,; SAINZ W. R. D.; ALBUQUERQUE L. G. Genetic association between body composition measured by ultrasound and visual scores in Brazilian Nelore cattle. **Journal of Animal Science** v. 90, p. 4223–4229, 2012.

GORDO, D. G. M.; ESPIGOLAN, R.; TONUSSI, R. L.; JÚNIOR, G. A. F. BRESOLIN, T.; MAGALHÃES, A. F. B.; FEITOSA, F. L.; BALDI, F.; CARVALHEIRO, R.; TONHATI H.; OLIVEIRA, H. N.; CHARDULO, L. A. L.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic parameter estimates for carcass traits and visual scores include in gor not genomic information. **Journal of Animal Science**, v. 94, p. 1821-1826, 2016.

KIRKPATRICK, M. and MEYER, K. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v. 21, p. 1–30, 2005.

KIRKPATRICK, M. and MEYER, K. Simplified analysis of complex phenotypes: direct estimation of genetic principal components, **Genetics** 168: 2295–2306, 2004.

MAGALHÃES, A. F. B.; CAMARGO, G. M. F.; FERNANDES, JUNIOR, G. A.; GORDO, D. G. M.; TONUSSI, R. L.; COSTA, R. B. B.; ESPIGOLAN, R.; SILVA, R. M. O.; BRESOLIN, T.; ANDRADE, W. B. F.; TAKADA, L.; FEITOSA, F. L. B.; BALDI, F.; CARVALHEIRO, R.; CHARDULO, L. A. L.; ALBUQUERQUE, L. G. Genome-Wide Association Study of Meat Quality Traits in Nelore Cattle. **PLOS ONE**. v. 11, n. 6, p. 1-12, 2016.

MEYER, K. Factor-analytic models for genotype x environment type problems and structured covariance matrices, **Genetics Selection Evolution**. v. 41, p. 1-11, 2009.

MEYER, K. Genetic principal components for live ultrasound scan traits of Angus cattle. **Animal Science**, v. 81, p.337-345, 2005.

MEYER, K. Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor-analytic models, **Journal of Animal Breeding and Genetics**.v.124, p. 50-64, 2007.

MEYER, K. WOMBAT: a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML), **Journal of Zhejiang University Science**, v. 8, p. 815-21, 2006.

MOSER, D. W.; BERTRAND, J. K.; MISZTAL, I.; KRIESE, L. A. and BENYSHEK, L. L. Genetic parameter estimates for carcass and yearling ultrasound measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Science**, v. 76, p. 2542-2548. 1998.

PAZ, C. C. P; LUCHIARI FILHO, A. Melhoramento genético e diferenças de raças com relação à qualidade da carne bovina. **Pecuária de corte**, n.101, p. 58-63, 2000.

RESTLE, J.; VAZ, F.N.; BERNARDES, R.A.L.C. et al. Características de carcaça e da carne de vacas de descarte de diferentes genótipos Charolês x Nelore, terminadas em confinamento. **Ciência Rural**, v.33, n.2, p.345-350, 2003.

REVERTER, A. A.; JOHNSTON, D. J.; PERRY, D.; GODDARD, M. E.; BURROW, H. M. Genetic and phenotypic characterisation of animal, carcass , and meat quality traits from temperate and tropically adapted beef breeds. 4. Correlations among animal , carcass , and meat quality traits. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 54, p. 149–158, 2003.

ROSSATO LV, BRESSAN MC, RODRIGUES EC, GAMA LT, BESSA RJB, ALVES SPA. (2010) Parâmetros físico-químicos e perfil de ácidos graxos da carne de bovinos Angus e Nelore terminados em pastagem. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 39(5): 1127-1134.

SMITH, T.; DOMINGUE, J. D.; PASCHAL, J. C.; FRANKE, D. E.; BIDNER, T. D.; WHIPPLE, G. Genetic parameters for growth and carcass traits of Brahman steers. **Journal of Animal Science**, v. 85, p. 1377-1384, 2007.

SOSNICKI, A. A; NEWMAN, S. The support of meat value chains by genetic technologies. **Meat Science**, v. 86, n. 1, p. 129–37, 2010.

STELZLENI, A. M.; PERKINS, T. L.; BROWN JR., A. H.; POHLMAN, F. W.; JOHNSON, Z. B.; SANDELIN, B. A. Genetic parameter estimates of yearling live animal ultrasonic measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Science**, v. 80, p.3150-3153, 2002.

THOMPSON, R.; CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; GILMOUR, A. R. A sparse implementation of the Average Information algorithm for factor analytic and reduced rank variance models. **Australian and New Zealand Journal of Statistics**, v. 45 p. 445–459, 2003.

WHEELER, L., CUNDIFF, R., KOCH, J. D. C. Characterization of Biological Types of Cattle (Cycle IV): Carcass Traits and Longissimus Palatability. *Journal of Animal Science*, v. 74, p. 1023–1035, 1996.

WHEELER, T. L., CUNDIFF, L.V., SHACKELFORD, S. D., KOOHMARAIE, M. Characterization of biological types of cattle (Cycle VII): Carcass, yield, and longissimus palatability traits. *Journal of Animal Science*, v. 83, p. 196-207, 2005.

WOLFINGER, R. D. Covariance structure selection in general mixed models. **Communications in Statistics–Simulation and Computing**, v. 22, p.1079–1106, 1993.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA. Official United States Standards for grades of carcass beef. **Agriculture Marketing Services - United States Department of agriculture**. Washington, D. C., 1999.