

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**INCORPORAÇÃO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA PARA  
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE PESO  
CORPORAL E ESCORES VISUAIS NA RAÇA NELORE**

**Rafael Nakamura Watanabe**

**Zootecnista**

**2018**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP**

**CÂMPUS JABOTICABAL**

**INCORPORAÇÃO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA PARA  
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE PESO  
CORPORAL E ESCORES VISUAIS NA RAÇA NELORE**

**Discente: Rafael Nakamura Watanabe**

**Orientador: Prof. Dr. Danísio Prado Munari**

**Coorientador: Prof. Dr. Guilherme Batista do Nascimento**

**Dissertação apresentada à Faculdade  
de Ciências Agrárias e Veterinárias -  
Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como  
parte das exigências para a obtenção do  
título de Mestre em Genética e  
Melhoramento Animal.**

**2018**

W324i Watanabe, Rafael Nakamura  
Incorporação de informação genômica para estimação de parâmetros genéticos de peso corporal e escores visuais na raça Nelore / Rafael Nakamura Watanabe. -- Jaboticabal, 2018  
iv, 56 p. : il. ; 29 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2018  
Orientador: Danísio Prado Munari  
Coorientador: Guilherme Batista do Nascimento  
Banca examinadora: Fernando Sebastián Balidi Rey, Raysildo Barbosa Lôbo  
Bibliografia

1. Análise de componentes principais. 2. Genômica. 3. Tendência genética. 4. *Single-step*. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.082:636.2



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Jaboticabal



**CERTIFICADO DE APROVAÇÃO**

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: INCORPORAÇÃO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE PESO CORPORAL E ESCORES VISUAIS NA RAÇA NELORE

**AUTOR: RAFAEL NAKAMURA WATANABE**

**ORIENTADOR: DANISIO PRADO MUNARI**

**COORIENTADOR: GUILHERME BATISTA DO NASCIMENTO**

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. DANISIO PRADO MUNARI  
Departamento de Ciências Exatas / FCAV / UNESP - Jaboticabal

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

Prof. Dr. RAYSILDO BARBOSA LOBO  
Associação Nacional dos Criadores e Pesquisadores / Ribeirão Preto/SP

Jaboticabal, 31 de julho de 2018

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

**Rafael Nakamura Watanabe** – Filho de Iraci Maria da Silva Watanabe e Luis Paulo Watanabe, nasceu em Jaboticabal – SP, no dia 24 de setembro de 1990. Iniciou sua graduação em Zootecnia em fevereiro de 2011, na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP - Câmpus de Jaboticabal e obteve o Título de Bacharel em Zootecnia em 2016. Durante os anos de 2014 e 2015, desenvolveu um trabalho de Iniciação Científica na mesma instituição de ensino, sob orientação do Prof. Dr. Danísio Prado Munari e Dra. Priscila Arrigucci Bernardes. Em agosto de 2016 ingressou no Curso de Mestrado do Programa de Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP - Câmpus de Jaboticabal, sob a orientação do Prof. Dr. Danísio Prado Munari e co-orientação do Prof. Dr. Guilherme Batista do Nascimento.

## AGRADECIMENTOS

Agradeço aos meus pais, Iraci e Luis Paulo, por todo amor, apoio e suporte em todas as etapas da minha vida. Nada disso seria possível sem vocês. Ao meu filho Thiago, você é a razão de todo meu esforço, você me ensinou o verdadeiro significado da palavra amor. A minha avó Helena por ser minha segunda mãe, sempre me apoiar e me amar. Meus agradecimentos a vocês não cabem em apenas palavras, serei eternamente grato a todos vocês. Amo vocês!

A minha namorada Marcela, por todo amor, carinho e companheirismo nesta etapa tão importante em minha vida. Sem você os dias teriam sido mais cinzas. Obrigado por colorir o meu mundo e por me tornar uma pessoa melhor. Te amo!

Ao meu orientador prof. Danísio, que me acolheu desde a graduação e me fez sentir em casa. É um privilégio trabalhar num ambiente tão agradável que o sr. construiu. Me sinto com sorte e feliz por estar aqui. Obrigado!

Ao meu amigo, coorientador e as vezes psicólogo, Guilherme. Obrigado pelas inúmeras conversas, sendo na mesa de um bar ou nos cafés no departamento, todas elas tiveram um efeito significativo ( $p < 0,01$ ) e que levarei para o resto da minha vida. Ao meu amigo Lucas, pelas risadas, parceria e pelas poucas vezes que tocamos guitarra juntos. A minha amiga Priscila, que mesmo não sendo mais minha coorientadora no papel, sempre está presente e me ajudando em tudo. A meus amigos Rebeka e Anderson, por sempre me ajudarem, não apenas no trabalho, mas em todos os aspectos da vida. A Rebeka por sempre inventar algo novo que eu tinha que acrescentar em meu trabalho. A todos meus amigos do departamento: Ana, Alejandro, Lê, Samla, Eliéder, Fernando, Jaque, Tati e Rô, todos vocês fizeram parte deste caminho, vocês são minha segunda família.

Aos meus amigos de longa data: Tales, Rodrigo, Murayama, Rafael, Osmir, William, João e Marcela. Vocês são essenciais e representam grande parte da minha vida. Obrigado por não deixarem o tempo ficar no caminho da nossa amizade.

Aos meus primos Loiane, Klevis, Diego, Alana, Welligton e William. Meus irmãos!

A Universidade Estadual Paulista (UNESP). A agência de fomento Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela cessão da bolsa de mestrado.

Obrigado a todos!

## Sumário

	Páginas
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS .....	1
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. OBJETIVOS.....	3
3. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
3.1. Avaliação genética a partir dos registros de pedigree, fenótipo e genótipo .....	3
3.2. Características de interesse econômico.....	4
3.2.1. Peso corporal.....	4
3.2.2. Escores visuais.....	5
3.3. Inferência bayesiana e amostragem de Gibbs .....	8
3.4. Uso de informações genômicas no melhoramento genético .....	9
4. REFERÊNCIAS .....	12
CAPÍTULO 2 – ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS, TENDÊNCIA GENÉTICA E ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS DE PESO CORPORAL E ESCORES VISUAIS EM NELORE COM BASE EM INFORMAÇÕES GENÔMICAS .....	17
1. INTRODUÇÃO .....	17
2. MATERIAL E MÉTODOS .....	19
2.1. Descrição dos dados.....	19
2.2. Edição dos dados.....	20
2.3. Controle de qualidade dos genótipos .....	21
2.4. Estimativas de parâmetros genéticos.....	21
2.5. Análise de convergência .....	24
2.6. Análise de componentes principais (PCA) e tendência genética .....	25
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	25
4. CONCLUSÃO .....	37
5. REFERÊNCIAS .....	37
APÊNDICES .....	41
Apêndice 1 .....	42
Apêndice 2 .....	43
Apêndice 3 .....	43
Apêndice 4 .....	44
Apêndice 5 .....	45
Apêndice 6 .....	45



Apêndice 7 .....	46
Apêndice 8 .....	46
Apêndice 9 .....	47
Apêndice 10 .....	48
Apêndice 11 .....	49
Apêndice 12 .....	50
Apêndice 13 .....	50
Apêndice 14 .....	51
Apêndice 15 .....	52
Apêndice 16 .....	52
Apêndice 17 .....	53
Apêndice 18 .....	54
Apêndice 19 .....	55
Apêndice 20 .....	56

## INCORPORAÇÃO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE PESO CORPORAL E ESCORES VISUAIS NA RAÇA NELORE

**RESUMO** - Programas de melhoramento genético na bovinocultura de corte são importantes para o progresso genético do rebanho e conseqüentemente para a economia do país. Os avanços nas tecnologias de genotipagem permitiram estimativas de parâmetros genéticos a partir de informações genômicas por meio dos painéis de marcadores do tipo SNP (*single nucleotide polymorphism*). Estes avanços permitem estimativas de parâmetros genéticos, a partir de informações genômicas mais acuradas, acelerando o progresso genético dos rebanhos brasileiros. O objetivo deste trabalho foi a estimação de parâmetros genéticos, tendência genética e análise de componentes principais de características de peso corporal ao nascer (PN), aos 210 (P210), 365 (P365), e 450 (P450) dias de idade e escores visuais de Estrutura (ES), Precocidade (PS) e Musculosidade (MS), medidas ao sobreano. Os dados utilizados nesse estudo foram obtidos junto ao Programa Nelore Brasil, mantido pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). As estimativas foram obtidas com base em registros de pedigree de 192.483 animais, 80.114 registros fenotípicos e 8.652 registros de animais genotipados. Os valores genéticos preditos (EBV) foram estimados a partir da equação dos modelos mistos e metodologia bayesiana, enquanto os valores genéticos genômicos preditos (GEBV) foram obtidos a partir do melhor preditor genômico linear não-viesado de único estágio (*ssGBLUP*). As estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) para as características de PN, P210, P365, P450, ES, PS e MS foram respectivamente de  $0,81 \pm 0,01$ ,  $0,38 \pm 0,02$ ,  $0,34 \pm 0,02$ ,  $0,35 \pm 0,02$ ,  $0,31 \pm 0,04$ ,  $0,38 \pm 0,05$ ,  $0,39 \pm 0,05$ , com a inclusão de informações de SNPs e para estimativas apenas com informações de pedigree e fenótipos, as  $h^2$  foram de  $0,82 \pm 0,01$ ,  $0,33 \pm 0,02$ ,  $0,31 \pm 0,02$ ,  $0,32 \pm 0,02$ ,  $0,32 \pm 0,05$ ,  $0,37 \pm 0,05$ ,  $0,38 \pm 0,05$ , respectivamente. A análise de componentes principais dos EBVs e GEBVs médios evidenciaram que a utilização de informações genômicas resultou em melhor identificação de variabilidade genética das características, sendo o componente principal 1 responsável por 66,08% da variabilidade utilizando informações de SNPs, enquanto que pela metodologia bayesiana, 64,74%. As tendências genéticas das médias dos EBVs e GEBVs por ano de nascimento dos animais indicaram que houve progresso genético para todas as características deste estudo. Conclui-se que a análise de componentes principais mostrou que a variabilidade das características foi melhor identificada quando se têm as informações de genótipos dos animais. Os resultados das tendências genéticas indicaram que o rebanho estudado está respondendo de forma favorável a seleção em todas as características segundo os critérios adotados pelo programa de melhoramento genético Nelore Brasil.

**Palavras-chave:** análise de componentes principais, genômica, tendência genética, *single-step*.

## INCORPORATION OF GENOMIC INFORMATION IN GENETIC PARAMETERS ESTIMATION OF BODY WEIGHT AND VISUAL SCORES IN NELORE BREED

**ABSTRACT** - Genetic improvement programs of Brazilian beef cattle are important for herd's genetic progress and consequently for the country's economy. With the advances in sequencing and genotyping technologies, high density panels with SNP (single nucleotide polymorphism) type polymorphic markers are available on the market. These advances allow genetic parameters estimation from genomic information to be more accurate, leading to a faster genetic progress of Brazilian herds. The aim of this study was the genetic parameters estimation, genetic trend and principal components analysis for body weight measured at birth (PN), 210 (P210), 365 (P365) and 450 (P450) days of age and visual scores of Structure (ES), Precocity (PS) and Musculoskeletal (MS), measured in yearling period (from 12 to 20 months of age). The data were obtained from the Nelore Brazil breeding program maintained by the National Association of Breeders and Researchers (ANCP). The estimates were obtained on pedigree records of 192,483 animals, 80,114 phenotypic records and 8,652 records of genotyped animals. The genomic estimated breeding value (GEBV) and estimated breeding value (EBV) were obtained from the single step best genomic linear unbiased predictor (ssGBLUP), mixed models' equation and bayesian methodology, respectively. The (co)variance components were estimated from Bayesian methodology. The heritability estimates ( $h^2$ ) for PN, P210, P365, P450, ES, PS and MS were respectively  $0.81 \pm 0.01$ ,  $0.38 \pm 0.02$ ,  $0.34 \pm 0.02$ ,  $0.35 \pm 0.02$ ,  $0.31 \pm 0.04$ ,  $0.38 \pm 0.05$ ,  $0.39 \pm 0.05$ , with information from SNPs and for estimates only with pedigree and phenotypes information,  $h^2$  were  $0.82 \pm 0.01$ ,  $0.33 \pm 0.02$ ,  $0.31 \pm 0.02$ ,  $0.32 \pm 0.02$ ,  $0.32 \pm 0.05$ ,  $0.37 \pm 0.05$ ,  $0.38 \pm 0.05$ , respectively. The principal components analysis for the mean values for EBVs and GEBVs showed that the use of genomic information resulted in a greater capture of variability for the traits. The principal component 1 was responsible for 66.08% of the variability using information from SNPs, whereas for the analysis with only from pedigree and phenotype, 64.74%. The genetic trends for EBVs and GEBVs by year of birth of the animals indicated that there was genetic progress for all traits of this study. It is concluded that all the principal component analysis showed that the genotypes information provides better identification on trait's variability. Genetic trends indicated genetic progress made by the Nelore Brazil breeding program for all traits.

**Key words:** genetic trend, genomic, principal component analysis, single-step

## **CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS**

### **1. INTRODUÇÃO**

O Brasil possuiu o maior rebanho bovino comercial do mundo, com o total de 221,80 milhões de cabeças e foi o segundo maior exportador mundial de carne bovina no ano de 2017 (ABIEC, 2018). Os avanços produtivos na bovinocultura de corte brasileira são consequências do progresso genético dos rebanhos, advindo de procedimentos de seleção, juntamente com melhorias na nutrição e no manejo dos animais. O progresso genético dos rebanhos depende de que bons índices zootécnicos e, principalmente os índices reprodutivos, sejam atendidos (BOLIGON e ALBUQUERQUE, 2010). Campos et al. (2013), salientaram que a bovinocultura tem importante participação no cenário econômico nacional, e isto reflete a necessidade da maximização da produção e de índices zootécnicos que assegurem o nível produtivo. Estes índices são utilizados como referência para auferir o grau de eficiência do manejo em cada fase da bovinocultura. De acordo com Alencar e Barbosa (2010), é necessário que o sistema produtivo da bovinocultura de corte apresente bom desempenho e alta eficiência para que seja possível disponibilizar produtos de qualidade a preço acessíveis. Para atingir esse objetivo, o aumento do potencial genético dos animais é necessário para se alcançar maior eficiência nestes sistemas de produção de carne.

Em programas de melhoramento genético, as estimativas de parâmetros genéticos tais como herdabilidade e correlação genética entre as características, mostra-se fundamental, pois proporciona maior conhecimento da característica a ser selecionada e melhorada. Estimativas de herdabilidade quantificam o quanto da variância observada no fenótipo pode ser transmitida para as progênie, por meio do efeito genético aditivo de seus genes. As estimativas de correlações genéticas medem o quanto uma característica está associada geneticamente à outra, permitindo respostas correlacionadas para características que possuem baixa herdabilidade, ou que são de difícil mensuração (CAETANO et al., 2013). Estas estimativas de parâmetros genéticos permitem definir quais características serão consideradas na

seleção, assim como o método de seleção a ser empregado e o tempo necessário para que a resposta desejada seja atingida.

O progresso na aplicação dos estudos de marcadores moleculares de polimorfismos de base única (SNPs) nos programas de melhoramento genético, disponibiliza informações mais acuradas para a seleção de animais, o que permite maior confiabilidade na predição de valores genéticos dos animais para as características de importância econômica. De acordo com Habier, Fernando e Dekkers (2007), a maior vantagem em se utilizar as informações obtidas por marcadores celulares é a predição do valor genético genômico dos animais com alta acurácia por várias gerações, sem a necessidade de se ter medidas de fenótipo repetidas, o que resulta em redução de custos e redução no intervalo de gerações.

Os marcadores moleculares do tipo SNP têm sua origem em mutações na cadeia de bases nitrogenadas presentes nas moléculas de DNA. A mutação mais comum para o surgimento dos SNPs é a transição de uma base do tipo purina por outra purina (A-G) ou de uma pirimidina por outra (C-T), a qual ocorre com maior frequência nos espaços entre os genes, sem função determinada, de uma molécula de DNA. De acordo com Caetano (2009), os avanços em metodologias para genotipagem dos SNPs, trouxeram maior viabilidade econômica e prática para a avaliação genética em bovinos.

A utilização de painéis com marcadores moleculares do tipo SNP com alta densidade de marcadores para avaliações genéticas, permite identificar maior proporção da variabilidade genética aditiva de determinada característica, com a estimação do valor de substituição de alelo em cada um dos *loci* envolvidos com esta característica. O valor genético de um indivíduo pode ser estimado com base nos genótipos de todos os marcadores associados com a característica, sem as informações fenotípicas do animal (MEUWISSEN et al., 2001).

Diversos trabalhos abordaram a utilização de marcadores moleculares e informações de pedigree com a finalidade de predizer parâmetros genéticos em diferentes espécies de animais e tornaram evidente a importância da inclusão da informação genômica na estimação de parâmetros genéticos (HAILE-MARIAM et al., 2012; AASMUNDSTAD et al., 2015; ELZO et al., 2015; LOBERG et al., 2015).

## 2. OBJETIVOS

Neste trabalho, os objetivos foram avaliar a inclusão de informação genômica na estimação de parâmetros genéticos e tendência genética para peso corporal padronizado ao nascer, 210, 365, e 450 dias de idade e escores visuais baseado no Sistema de Avaliação Morfológica (SAM) para Estrutura (E), Precocidade (P) e Musculosidade (M), medidos ao sobreano. Por meio da análise de componentes principais, analisar o ganho na identificação da variabilidade genética das características com a inclusão das informações de SNPs e avaliar a interação entre elas.

## 3. REVISÃO DE LITERATURA

### 3.1. Avaliação genética a partir dos registros de pedigree, fenótipo e genótipo

A disponibilidade de marcadores moleculares do tipo SNP possibilitou a introdução de modelos de seleção genômica em programas de melhoramento genético (LEGARRA; AGUILAR; MISZTAL, 2009). Com isso, procedimentos de análise de dados em duas ou três etapas podem ser seguidos. Primeiro, uma avaliação genética tradicional, utilizando informações do pedigree e fenótipo é feita e, então, na segunda etapa, fenótipos corrigidos ou valores genéticos são utilizados como variável resposta no modelo de seleção assistido por marcador (GUILLAUME et al., 2008; VANRADEN et al., 2009). Essa forma de avaliação é conhecida como multi-estágios. Segundo Legarra, Aguilar e Misztal (2009), a avaliação multi-estágios apresenta desvantagens tais como a perda de informações pelas diferentes quantidades de informações fenotípicas ou genotípicas provenientes do banco de dados original e pelo viés causado pela seleção.

Uma avaliação em um único passo, utilizando todas as informações de fenótipo, pedigree e genótipo é uma estratégia para superar as desvantagens das avaliações multi-estágio. Esta avaliação é potencialmente mais simples e mais acurada se comparada a uma avaliação genômica de multi-estágio, além de possibilitar a prevenção de viés pela seleção de animais baseada apenas em informações genômicas. Para tal, a matriz de parentesco **A** precisa ser modificada, para que se inclua as informações genômicas. Esta modificação é baseada na

transmissão de informação de animais genotipados para seus filhos, ou informações de animais genotipados para animais não-genotipados, complementando as informações do pedigree com aquelas dos marcadores moleculares (LEGARRA, AGUILAR E MISZTAL, 2009; MISZTAL et al., 2013).

Uma matriz de parentesco  $\mathbf{A}$  pode ser modificada para a matriz  $\mathbf{H}$  que inclui informações de parentesco provenientes do pedigree e diferenças entre as matrizes com as informações apenas do pedigree e a matriz baseada no parentesco genômico ( $\mathbf{A}_\Delta$ ).  $\mathbf{H} = \mathbf{A}_{11} + \mathbf{A}_\Delta$ : assim,

$$\mathbf{H} = \begin{bmatrix} \mathbf{A}_{11} & \mathbf{A}_{12} \\ \mathbf{A}_{21} & \mathbf{G} \end{bmatrix} = \mathbf{A} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{G} - \mathbf{A}_{22} \end{bmatrix}$$

na qual o subscrito 1 e 2 representam animais não-genotipados e genotipados, respectivamente e  $\mathbf{G}$  é a matriz de parentesco-genômica (AGUILAR et al., 2010). De acordo com Forni, Aguilar e Misztal (2011), além do cálculo para a estimação da matriz  $\mathbf{H}$ , não há necessidade de modificações adicionais na equação de modelos mistos usado no melhoramento animal.

A avaliação genética a partir da combinação de informações obtidas pelo pedigree, fenótipo e genótipo dos animais é denominada de melhor preditor linear genômico não viesado de passo único ou *ssGBLUP* e proporciona uma maneira simples de reunir todas essas informações. Além do ganho na acurácia, o *ssGBLUP* apresenta propriedades positivas como: inclusão de informação de todos os parentes dos animais genotipados e suas performances; ajuste simultâneo de informações genômicas e estimativas de outros efeitos (como grupo de contemporâneos). Portanto, sem perda de informações, o ganho na acurácia nos animais genotipados é transmitido para todos seus parentes havendo um ajuste mais simples para modelos mais complexos, pois qualquer modelo pode ser incluído usando matrizes de parentesco combinadas (LEGARRA et al., 2014).

## 3.2. Características de interesse econômico

### 3.2.1. Peso corporal

Características de crescimento como o peso corporal são amplamente utilizadas na seleção em programas de melhoramento genético para bovinos de corte

brasileiro (BORBA et al., 2011), pela fácil obtenção e por serem consideradas importantes para a avaliação da eficiência do rebanho em diversos sistemas de produção (MERCADANTE et al., 2004). Estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) indicam que há substancial proporção da variação genética destas características que provém da ação aditiva dos genes, portanto respondendo melhor à seleção (ZUIN et al., 2012).

Moreira et al., (2015) estimaram herdabilidades direta e materna para peso aos 120 dias de idade (P120) de 0,23 e 0,08, respectivamente e herdabilidade direta para peso aos 450 (P450) dias de idade de 0,44. Os autores concluíram que a seleção para características de crescimento pré (P120) e pós-desmame (P450) podem responder à seleção direta, com expectativa de rápido ganho genético.

Araújo et al. (2011), com 12.122 registros de pesos padronizados de animais da raça Nelore estimaram herdabilidade para P450 de 0,41. Os autores indicaram que a raça Nelore apresenta variabilidade genética suficiente para que ocorra resposta à seleção baseada nesta característica.

Buzanskas et. al. (2013), estimaram parâmetros genéticos e realizaram análise de componentes principais dos valores genéticos para características de peso corporal aos 420 dias de idade (P420) e reprodutivas de idade ao primeiro e segundo parto, além do intervalo entre partos com dados de fêmeas da raça Canchim. Na análise de componentes principais, os componentes principais um (PC1) e dois (PC2) foram responsáveis por 73,37% da variação total dos valores genéticos (EBV) (48,51% e 24,86%, respectivamente). Foi observado pelo gráfico de duas dimensões composto pelo PC1 e PC2 e a correlação linear entre os EBVs com os componentes principais que as características reprodutivas foram altamente relacionadas ao PC1 e P420 foi mais associado ao PC2. Portanto, a seleção para P420 provavelmente não afetaria as características reprodutivas.

### 3. 2. 2. *Escores visuais*

A seleção com base em características de crescimento pode levar ao aumento do peso adulto do animal e, portanto, favorecer a produção de animais grandes e tardios, o que se mostra economicamente inviável, principalmente em sistemas de produção a pasto (FARIA et al., 2008). Boligon e Albuquerque (2010), trabalhando com escores visuais e características reprodutivas, verificaram que a utilização de



escores visuais como critérios de seleção devem ser considerados, uma vez que as correlações genéticas entre estas características foram favoráveis. Estes autores salientaram que o desempenho reprodutivo dos animais é um dos fatores determinantes da eficiência total do sistema produtivo de bovinos de corte. De acordo com Costa et. al. (2008), os critérios de seleção na pecuária brasileira são majoritariamente para pesos corporais medidos à determinadas idades do animal. Esta seleção somente para peso corporal mostra-se insuficiente, pois não determina o potencial total produtivo do animal.

Long (1973), afirma que para promover a seleção indireta ligada à terminação de carcaça, desenvolveu-se uma escala de medidas que são características avaliadas visualmente por meio de pontuação por escores denominada de Sistema de Avaliação Ankony. No Brasil, a avaliação por escores visuais pelo método de Sistema de Avaliação Morfológica (SAM) foi adotada pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) por meio do trabalho de Koury Filho (2005).

As características morfológicas avaliadas pelo SAM são as de estrutura corporal (E), precocidade (P) e musculosidade (M). As avaliações SAM medidas ao sobreano, são realizadas a partir dos 12 aos 20 meses de idade e são atribuídos escores de um a seis (KOURY FILHO, 2015). A característica E indica o tamanho do animal e é avaliada pela visualização da área lateral do animal, baseado na altura e comprimento do esqueleto, considerando as pernas. Os animais com melhor valor genético para E, produzem progênies com estrutura corporal mais adequada ao sistema produtivo desejado. Os escores de 4 a 6 são indicados, de acordo com o perfil e necessidade do rebanho, e levando em consideração o sistema de produção em que os animais são criados. A característica de P é avaliada visualmente pela relação entre a profundidade das costelas e o comprimento dos membros, considerando a altura da virilha. Os animais com melhor valor genético para esta característica favorecem a redução no tempo de engorda e melhor adaptação a sistemas de produção a pasto. Os escores 5 e 6 são indicados para esta característica pois os animais com escores menores que estes tendem a ser tardios. Por fim, a característica de M é avaliada pela distribuição muscular no animal, volume e comprimento dos músculos. Os animais com melhor valor genético para M, tendem a produzir progênies

com maior rendimento de carcaça, portanto altos escores são recomendados (GORDO et al., 2016).

Koury Filho et al. (2010), em trabalho com bovinos de corte predominantemente da raça Nelore, estimaram componentes de (co)variância entre características de conformação (C), precocidade (P) e musculatura (M) medidas à desmama e sobreano e peso corporal, por máxima verossimilhança restrita. As estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) direta das características de P, M e peso à desmama foram semelhantes (0,25, 0,23 e 0,23, respectivamente), mostrando expectativas para o progresso genético semelhantes pela seleção direta para escores visuais e peso nesta fase de crescimento e menor progresso genético para seleção de C, pois sua estimativa de  $h^2$  foi menor (0,13). As  $h^2$  maternas para peso, C, P e M medidas à desmama foram de pequena magnitude (0,11, 0,05, 0,04 e 0,06, respectivamente), porém, de acordo com os autores, o efeito genético materno não pode ser desprezado no modelo utilizado para análise dessas características nas populações avaliadas que tenham estrutura para que esse efeito possa ser considerado. Para as mesmas características avaliadas ao sobreano, as herdabilidades diretas para peso, C, P e M foram maiores se comparadas com as características avaliadas à desmama (0,37, 0,24, 0,32 e 0,27, respectivamente). Os escores visuais ao sobreano sofrem pequena influência do efeito genético materno e, por isso, esse não é considerado nos modelos de análise dessa característica. As estimativas de correlação genética entre peso e os escores foram elevadas em ambas as idades (desmana e sobreano). De acordo com os autores, a seleção para uma das características avaliadas a partir de escores visuais provavelmente implicará em resposta correlacionada positiva em todas as demais, na mesma ou diferente idade.

Costa et al. (2008), avaliaram escores visuais de C, P e M e ganho médio de peso (GND) do nascimento a desmama de bovinos formadores da raça Brangus, para estimação de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos. As estimativas de  $h^2$  direta para C, P, M e GND foram semelhantes (0,17, 0,16, 0,15 e 0,18, respectivamente). A partir destes resultados foi evidenciado que escores visuais são tão herdáveis quanto o ganho em peso até a desmama. Portanto, os escores visuais disponibilizam suficiente variação genética aditiva para a seleção e consequente progresso genético. Segundo os autores, as correlações genéticas entre GND e os

escore variaram de 0,61 a 0,81, indicando forte associação genética entre os escores visuais e GND. A característica P apresentou a menor estimativa de correlação genética com GND (0,61). Os autores atribuem esse resultado ao fato de animais a desmama não apresentarem acabamento de carcaça, ou seja, acúmulo de gordura nas regiões corporais do animal, pois encontram-se na fase de desenvolvimento muscular. Os autores concluíram que os escores visuais de C, P e M e GND podem ser considerados como critérios de seleção e a seleção indireta para GND por meio dos escores visuais pode ser considerada.

### 3.3. Inferência bayesiana e amostragem de Gibbs

A metodologia bayesiana diferencia-se da frequentista quanto a incerteza sobre os parâmetros desconhecidos, que são associados a uma distribuição de probabilidade. Enquanto que na metodologia frequentista os parâmetros não se alteram, na metodologia bayesiana os parâmetros são variáveis aleatórias caracterizadas pela distribuição *a priori* (GIOANOLA e FERNANDO, 1986; BLASCO, 2001). Esta distribuição *a priori* é a informação prévia oriunda de considerações teóricas ou análises prévias obtidas em experimentos posteriores com o mesmo objetivo (RESENDE, 2000) e é conhecida como probabilidade subjetiva, ou seja, a probabilidade de determinado evento ocorrer, atribuída por um indivíduo e baseada em informações prévias disponíveis.

O teorema de Bayes apresenta-se como:

$$p(\theta | Y) \propto p(\theta) * p(Y | \theta)$$

em que  $p(\theta)$  é a densidade de probabilidade *a priori* de  $\theta$  e reflete o grau de conhecimento acumulado sobre os possíveis valores de  $\theta$ , antes da obtenção de informações contidas em  $Y$ ;  $p(Y | \theta)$  é a densidade de probabilidade posterior de  $\theta$ , a qual inclui o grau de conhecimento prévio sobre  $\theta$  “atualizado por informações adicionais” contidas em  $Y$ ;  $\propto$  é o operador *proporcional a*.

A introdução de métodos de Monte Carlo baseados em cadeias de Markov, denominados MCMC (*Markov Chain Monte Carlo*), viabilizou a implementação do paradigma bayesiano (SORENSEN, 1996). O amostrador de Gibbs é uma técnica que gera variáveis aleatórias de uma distribuição marginal indireta, sem a necessidade de se calcular a densidade (CASELLA e GEORGE, 1992). Este consiste na integração

numérica, usado na estimação das distribuições conjunta e marginal de todos os parâmetros considerados no modelo, pela reamostragem de todas as distribuições condicionais da cadeia de Markov. Esta técnica permite obter indiretamente as variáveis aleatórias de determinada distribuição marginal, sem a necessidade do cálculo de sua densidade de probabilidade (BLASCO, 2001). De acordo com Gilks et al. (1993), o amostrador de Gibbs reduz a dificuldade de lidar com grande quantidade de parâmetros desconhecidos e dados perdidos de maneira mais simples, tratando um parâmetro desconhecido por vez, amostrando cada parâmetro com sua distribuição condicional completa.

### **3.4. Uso de informações genômicas no melhoramento genético**

Os benefícios da seleção por meio de informações genômicas é aumentar a acurácia dos valores genéticos estimados e reduzir o intervalo de gerações (HAILE-MARIAM et al., 2012), além de favorecer a intensidade de seleção. O uso das informações genômicas para construção da matriz de parentesco a torna mais precisa, melhorando as informações da relação entre os animais, reduzindo o viés das predições dos valores genéticos (PSZCZOLA et al., 2012). Se comparada com a matriz de parentesco baseada apenas no pedigree, a matriz genômica torna-se mais precisa quanto ao parentesco dos animais, pois mostra que a relação real entre indivíduos pode se diferenciar da amostragem Mendeliana. Portanto, as estimativas de componentes de variância genéticos podem ser mais acuradas, auxiliando programas de melhoramento genético, principalmente em casos em que há escassez de dados fenotípicos (VEERKAMP et al., 2011).

A acurácia das informações obtidas a partir de animais genotipados irá depender da extensão e densidade dos painéis utilizados para esta finalidade, a disponibilidade de informação fenotípica e da integridade do pedigree (ELZO et al., 2015). Os autores estimaram a herdabilidade direta e materna de características de crescimento em animais Angus-Brahman. A  $h^2$  foi estimada a partir de diferentes fontes de registros de dados: (1) todas as informações disponíveis de pedigree, fenotípica e genotípica (GPM1); (2) todas as informações fenotípicas, genotípicas e pedigree apenas de animais não genotipados (GPM2); (3) todas as informações genotípicas e fenotípicas, mas sem informação de pedigree (GPM3) e (4) todas as

informações fenotípicas e de pedigree, porém sem informações genotípicas (PM). Os autores concluíram que a melhor estimativa foi obtida a partir de PM, pois os efeitos fixos e aleatórios foram considerados neste modelo, além das informações fenotípicas e de pedigree. GPM1 mostrou estimativas semelhantes à PM, considerando os efeitos fixos e aleatórios, mostrando a melhor estimativa com as informações consideradas neste modelo. Esta semelhança indica que os genótipos forneceram pouca informação adicional na variabilidade genética aditiva, além das informações fornecidas pelo pedigree. Os demais modelos (GPM2 e GPM3) mostraram-se próximos as estimações a partir de GPM1. GPM2 não levou em consideração as informações de pedigree de animais não genotipados e este fato não apresentou grande impacto na estimação dos parâmetros genéticos. Ignorar todas as relações de pedigree teve maior impacto na estimação dos parâmetros genéticos, subestimando-os (GMP3), se comparado aos demais.

Loberg et al. (2015) verificaram como as variâncias genéticas e a variância do mérito genético são afetadas usando a matriz de parentesco genômica e as matrizes baseadas no pedigree, em seis populações de gado Pardo Suíço, em 34 características. Os autores utilizaram informações de SNPs de 8.864 touros, com painéis de diferentes densidades. O total de 8.580 touros foi genotipado com dois painéis de média densidade (54.001 e 54.609 SNPs), 243 touros genotipados com painel de baixa densidade (6.909 SNPs) e 41 touros genotipados com painel de alta densidade (777.962 SNPs). Os animais não foram imputados para a maior quantidade de SNPs. As estimativas de variância genética a partir da matriz de parentesco genômica foram sempre menores (10%) se comparadas com as estimativas a partir das matrizes baseadas no pedigree (60%). A razão entre a variância genética estimada a partir das informações genômicas e da variância genética estimada a partir das informações de pedigree aumentou quando a herdabilidade de determinada característica e o tamanho da população também aumentaram, sendo menores as diferenças entre estas estimativas para características de alta herdabilidade em grandes populações. A variância do valor genético estimada a partir das informações genômicas foram maiores do que a predita a partir de registros de pedigree em quase todas as características. As estimativas chegaram a ser 1,5 vezes maiores quando as informações genômicas foram usadas. Os autores afirmaram que estes resultados

são importantes para o melhoramento genético, pois melhores estimativas conduzem a maior resposta à seleção.

Veerkamp et. al. (2011), estimaram componentes de variância para características de rendimento de leite (RL), consumo alimentar e peso corporal (PC), em pequeno banco de dados com 639 novilhas da raça Holandesa, a fim de se comparar estas estimativas utilizando a matriz genômica (**G**), apenas do pedigree (matriz **A**) e a combinação destas duas (matriz **H**). Destes animais, 603 foram genotipados com painel Illumina 50K e após o controle de qualidade, restaram 517 animais, com total de 43.011 SNPs, com informações de genótipos e fenótipos para todas as características. As estimativas de  $h^2$  obtidas a partir da matriz **A** foram maiores que as encontradas pela matriz **G**, porém menores valores de erro-padrão foram encontrados na matriz **G**. Isto pode ter ocorrido pela homogeneidade dos grupos e manejo consolidado, resultando em menores estimativas de variância residual, portanto maior  $h^2$ . Além disso, a estrutura de pedigree baseada em irmãos completos poder ter inflacionado as estimativas de  $h^2$ . As estimativas de  $h^2$  foram menores utilizando a matriz **G**, podendo ser explicadas pela melhor desassociação dos efeitos não-genéticos com as relações de pedigree, o qual não foram mais incluídas nas estimativas de variâncias genéticas. Além da diferença existente nas estruturas e na soma dos autovalores das duas matrizes. Estas diferenças podem ser explicadas pelo parentesco entre os indivíduos na matriz **A**, considerado por descendência (definido pela probabilidade de dois alelos serem idênticos herdados de um ancestral comum) e na matriz **G**, o parentesco é considerado por probabilidade de estado (probabilidade de dois alelos serem iguais naquele genótipo). As acurácias nas estimativas das  $h^2$  a partir da matriz **G** foram maiores se comparadas com as da matriz **A** e as da matriz **H** foram maiores que as outras duas, como esperado pelos autores, pela junção das informações de genótipo, fenótipo e pedigree. Os autores concluíram que o uso do parentesco genômico melhorou a precisão das estimativas dos parâmetros genéticos e que animais genotipados podem ser incluídos nas análises, juntando o parentesco genômico e de pedigree.

#### 4. REFERÊNCIAS

Aguilar I, Misztal I, Johnson DL, Legarra A, Tsuruta S, Lawlor TJ (2010) A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science** 93:743-752.

Alencar MM, Barbosa PF (2010) Melhoramento genético de gado de corte no Brasil. In: VIII SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL. **Anais...**Maringá: p. 9.

ANCP - Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores. **Sumário de Touros 2016**. Ribeirão Preto, SP, 95p.

ANUALPEC: anuário estatístico da pecuária de corte (2016). São Paulo: FNP Consultoria e Comércio Ltda.

ABIEC - Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes. **Perfil da Pecuária no Brasil – Relatório Anual (2018)**. São Paulo, SP, 49p.

Blasco A (2001) The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science** 79:2023-2046.

Boligon AA, Albuquerque LG (2010) Correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas em bovinos Nelore usando inferência bayesiana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 45:1412-1418.

Borba LHF, Rey FSB, Silva LOC, Boligon AA, Alencar MM (2011) Parâmetros genéticos para características de crescimento e reprodução de bovinos da raça Canchim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 46:1570-1578.

Caetano AR (2009) Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. **Revista Brasileira de Zootecnia** 38:64-71.

Caetano SL, Savegnago RP, Boligon AA, Ramos SB, Chud TCS, Lôbo RB, Munari DP (2013) Estimates of genetics parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nelore cattle. **Livestock science** 155:1-7.

Campos AM, Leão KM, Cabral JF, Carvalho TS, Brasil RB, Garcia JC (2013) Índices zootécnicos da fase de cria de uma propriedade de gado de corte tecnificada. **Revista Trópica – Ciências Agrária e Biológicas** 7:82-88.

Cassela G, George WI (1992) Explaining the Gibbs Sampler. **The American Statistician** 46:167-174.

Costa GZ, Queiroz SA, Oliveira JA, Fries LA (2008) Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de escores visuais e de ganho médio de peso do nascimento a desmama de bovinos formadores da raça Brangus. **ARS veterinária** 24:172-176.

Eler JP, Bignardi AB, Ferraz JBS, Santana Jr ML (2014) Genetic relationships among traits related to reproduction and growth of Nelore females. **Theriogenology** 82:708-714.

Elzo MA, Thomas MG, Johnson DD, Martinez CA, Lamb GC, Rae D.O, Wasdin JG, Driver JD (2015) Genetic Parameters and predictions for direct and maternal growth traits in a multibreed Angus-Brahman cattle population using genomicpolygenic and polygenic models. **Livestock Science** 178:43-51.

Faria CU, Andrade WBF, Pereira CF, Silva RP, Lôbo RB (2015) Análise bayesiana para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia de bovinos da raça Nelore Mocho, criados em bioma Cerrado. **Ciência Rural** 45:317-322.

Faria CU, Magnabosco CU, Albuquerque LG, Reyes A, Bezerra LAF, Lôbo RB (2008) Estimativas de correlações genéticas entre escores visuais e características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando modelos bayesianos linear-limiar. **Ciência Animal Brasileira** 9:327-340.

Gianola D, Fernando RL (1986) Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science** 63:217-244.

Gilks WR, Clayton DG, Spiegelhalter DJ, Best NG, Mcneil AJ, Sharples LD, Kirby AJ (1993) Modelling complexity. **Journal of the Royal Statistical Society** 55:3952.

Gressler SL, Gressler MGM, Bergmann JAG (2014) Fatores ambientais e estimativas de parâmetros genéticos do perímetro escrotal da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia** 66:986-994.

Guillaume F, Fritz S, Boichard D, Druet T (2008) Short communication: correlations of marker-assisted breeding values with progeny-test breeding values for eight hundred ninety-nine French Holstein bulls. **Journal of Dairy Science** 1:2520–2522.

Gordo DGM, Espigolan R, Tonussi RL, Júnior GAF, Bresolin T, Magalhães, AFB, Feitosa FL, Baldi F, Carvalheiro R, Tonhati H, Oliveira HN, Chardulo LAL, Albuquerque LG (2016) Genetic parameter estimates for carcass traits and visual scores including or not genomic information. **Journal of Animal Science** 94:1821-1826.

Habier D, Fernando RL, Dekkers CM (2007) The Impact of Genetic Relationship Information on Genome-Assisted Breeding Values. **Genetics** 177:2389-2397.



Haile-Mariam M, Nieuwhof GJ, Beard KT, Konstatinov KV, Hayes BJ (2012) Comparison of heritabilities of dairy traits in Australian Holstein-Friesian cattle from genomic and pedigree data and implications for genomic evaluations. **Journal of Animal Breeding and Genetics** 130:20-31.

Koury Filho W, Albuquerque LG, Forni S, Silva JAIV, Yokoo MJ, Alencar MM (2010) Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia** 39:1015-1022.

Koury Filho W (2005) **Escore visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte**. Tese (Tese em Zootecnia) – UNESP. Jaboticabal, p. 98.

Koury Filho W (2015) Integração entre avaliações visuais e de ultrassonografia em programas de melhoramento genético de zebuínos. In: BRASIL COM Z. Disponível em: <<http://www.brasilcomz.com/enviados/20157313273.pdf>>. Acesso em: outubro de 2017.

Legarra A, Aguilar I, Misztal I (2009) A relationship matrix including full pedigree and genomic information. **Journal of Dairy Science** 92:4656-4663.

Legarra A, Christensen OF, Aguilar I, Misztal I (2014) Single Step, a general approach for genomic selection. **Livestock Science** 166:54-65.

Loberg A, Deurr JW, Fikse WF, Jorjani H, Crooks L (2015) Estimates of genetic variance and variance of predicted genetic merits using pedigree or genomic relationship matrices in six Brown Swiss cattle populations for different traits. **Journal of Animal Breeding and Genetics** 132:376-385.

Long RL (1973) El sistema de evaluación de Ankony y su aplicación en la mejora del ganado. Colorado. Ankony Corporation, 20p.

Magnabosco CU, Sainz RD et al. (2006) Avaliação genética e critérios de seleção para características de carcaça em zebuínos: relevância econômica para mercados globalizados. In: SIMPÓSIO DE PRODUÇÃO DE GADO DE CORTE, 5.; SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE PRODUÇÃO DE GADO DE CORTE, 1., Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa, p.239-272.

Meyer K (2007) WOMBAT. A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science B** 8:815-821.

Meirelles SL, Espasandin AC, Mattar M, Queiroz SA (2009) Genetic and environmental effects on sexual precocity traits in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia** 38:1488-1493.

Meuwissen THE, Hayes BJ, Goddard ME (2001) Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. **Genetics** 157:1818-1829.

Moreira HL, Buzanskas ME, Munari DP, Conova EB, Lôbo RB, Paz CCP (2015) Reproductive traits selection in Nelore beef cattle. **Ciências Agrotécnicas** 39:355-362.

Peters SO, Kizilkaya K, Garrick DJ, Fernando RL, Pollak EJ, Enns RM, De Donato M, Ajayi OO, Imumorin IG (2014) Use of robust multivariate linear mixed models for estimation of genetic parameters for carcass traits in beef cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics** 131:504-512.

Pimental SM, Silva EA (2010) Correlação entre perímetro escrotal e características reprodutivas da progênie. **FAZU em revista** 1:177 – 185.

Prado CS, Pádua JT, Corrêa MPC, Ferraz JBS, Miyagi ES, Resende LS (2004) Comparação de diferentes métodos de avaliação da área de olho de lombo e cobertura de gordura em bovinos de corte. **Ciência Animal Brasileira** 5:141149.

Pszczola M, Strabel T, Van Arendonk JAM, Calus MPL (2012) The impact of genotyping different groups of animals on accuracy when moving from traditional to genomic selection. **Journal of Dairy Science** 95:5412-5421.

Resende MDV (2000) V. Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes. Colombo: **Embrapa Florestas (Documentos 46)**.

Silva JAIV, Formigoni IB, Eller JP, Ferraz JBS (2006) Genetic relationship among stayability, scrotal circumference, and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock science** 99:51-59.

Silva JAIV, Melis MAV, Eller JP, Ferraz JBS (2003) Estimação de Parâmetros Genéticos para Probabilidade de Prenhez aos 14 Meses e Altura na Garupa em Bovinos da Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia** 32:1114-1146.

Sorensen D (1996) Gibbs Sampling in quantitative genetics. **Intern Report**, nº 82, Danish Institute of Animal. Department of Breeding and Genetics, Denmark.

Vanraden PM, Van Tassel CP, Wiggans GR, Sonstegard TS, Wiggans GR, Sonstegard TS, Schnabel RD, Taylor JF, Schenkel FS (2009) Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. **Journal Dairy Science** 1:16-24.

Veerkamp RF, Mulder HA, Thompson R, Calus MPL (2011) Genomic and pedigree-based genetic parameters for scarcely recorded traits when some animals are genotyped. **Journal Dairy Science** 94:4189–4197.

Vozzi PA, Oliveira HN, Siqueira RG, Paz CC, Assagra WLO, Bezerra LAF, Lôbo RB (2008) Probabilidade de Parto Precoce como critério de seleção para precocidade sexual em bovinos da raça Nelore. In: VII SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL. **Anais...**São Carlos, 2008.

Zuin RG, Buzankas ME, Caetano SL, Venturini GC, Guidolin DGF, Grossi DA, Chud TCS, Paz CCP, Lôbo RB, Munari DP (2012) Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. **Meat Science** 91:352-357.

Yokoo MJ, Werneck JN, Pereira MC, Albuquerque LG, Koury Filho W, Sainz RD, Lôbo RB, Araújo FRC (2009) Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

(EMBRAPA). **Informação Tecnológica Pesquisa Agropecuária Brasileira** 44:197-202.

## **CAPÍTULO 2 – ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS, TENDÊNCIA GENÉTICA E ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS DE PESO CORPORAL E ESCORES VISUAIS EM NELORE COM BASE EM INFORMAÇÕES GENÔMICAS**

### **1. INTRODUÇÃO**

De acordo com Meuwissen, Hayes e Goddard (2016), uma das razões para o uso da informação genômica nas avaliações de animais de produção é que esta irá possibilitar a obtenção de ganho genético de maneira mais rápida, se comparado com o uso de informações obtidas apenas por meio dos registros fenotípicos. Os benefícios na utilização de informações genômicas no melhoramento genético são o ganho na acurácia dos valores genéticos dos candidatos à seleção e a redução no intervalo de geração que possibilitará a seleção de animais mais precoces. Porém, para estes animais precoces, as informações fenotípicas ou de progênie podem não estar disponíveis por serem animais mais jovens. Portanto, a maneira mais acurada para estimar seus valores genéticos é a combinação das informações genômicas, de pedigree e fenótipos, utilizando o melhor preditor linear não-viesado de único estágio (*ssGBLUP*) (HAILE-MARIAM et. al., 2013).

A inclusão de informações genômicas pode contribuir na avaliação de características de interesse econômico, como o peso corporal. A seleção para esta característica de crescimento possui vantagens pois é de fácil mensuração, com avaliação acurada em diversas idades (MOREIRA et. al., 2015). De acordo com Zuin et al. (2012), os pesos corporais mensurados durante a fase de desenvolvimento inicial do animal são importantes para determinar a eficiência econômica de qualquer sistema pecuário de gado de corte. As estimativas de herdabilidade para esta característica indicam que há alta proporção da variância fenotípica atribuídas a variância genética aditiva e, portanto, esta responde de maneira satisfatória à seleção. De maneira geral, o peso corporal é de grande interesse para os programas de melhoramento genético que os utilizam como critério de seleção pela sua correlação genética favorável com várias características de interesse econômico (ARAÚJO et al., 2014).

A avaliação dos bovinos de corte por meio de escores visuais mostra-se importante na seleção para produção de carne e assim como para a característica de peso corporal, a sua obtenção é relativamente simples e de baixo custo. Os escores visuais permitem identificar animais com maior desenvolvimento ponderal e melhor conformação morfológica, indicando aqueles animais com maior precocidade e acabamento (KOURY et. al., 2010). Portanto, a estimação da associação genética de peso corporal com os escores visuais pode mostrar a eficiência na utilização destas avaliações visuais em programas de melhoramento genético.

As análises de componentes principais e estimação de tendência genética podem auxiliar na interpretação dos resultados de seleção obtidos em programas de melhoramento genético. A análise de componentes principais (PCA) é uma técnica multivariada que possibilita a utilização de um conjunto de características para construir um novo conjunto de variáveis, com menor quantidade de informações que o original e que sintetiza adequadamente a informação das variáveis originais (PEARSON, 1901). Esta técnica permite principalmente reduzir a dimensão das informações originais e explorar a relação entre as características em um banco de dados (HAIR et. al., 2009). Para o melhoramento genético, esta análise permite verificar a relação entre os valores genéticos estimados dos animais para cada característica (BUZANSKAS et. al., 2013). A regressão linear dos valores genéticos em relação aos anos de nascimento dos animais descreve a tendência genética. Esta é definida pela mudança no desempenho do animal por unidade de tempo, devido às mudanças nos valores genéticos. O conhecimento da tendência genética obtida para características de importância econômica auxilia na tomada de decisão e definição de objetivos nos programas de melhoramento genético e quando avaliada periodicamente, permite verificar a eficiência dos programas de melhoramento genético (MISSANJO et. al., 2012).

Sendo assim, este trabalho teve como objetivo avaliar a inclusão de informação genômica na estimação de parâmetros genéticos e tendência genética para peso corporal padronizado ao nascer, 240, 365, e 455 dias de idade e escores visuais para Estrutura (E), Precocidade (P) e Musculosidade (M), medidos ao sobreano em bovinos Nelore.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. Descrição dos dados

Dados de pedigree de 192.483 animais da raça Nelore nascidos entre os anos de 1934 e 2016, assim como 80.114 registros fenotípicos e 8.652 registros genotípicos, foram obtidos junto ao programa Nelore Brasil mantido pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). As características estudadas foram: peso padronizado ao nascer (PN), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade, além de escores visuais baseados no Sistema de Avaliação Morfológica (SAM) para Estrutura (ES), Precocidade (PS) e Musculosidade (MS), medidos ao sobreano.

Os animais foram criados em regime de pastagem, desmamados entre 6 e 8 meses de idade. O manejo reprodutivo consiste no uso de estação de monta de 60 a 120 dias, utilizando inseminação artificial ou monta natural controlada. Os grupos de contemporâneos para todas as características foram formados a partir dos efeitos de sexo, ano de nascimento, fazenda de origem, grupo de manejo e trimestre de nascimento. A análise descritiva para as características de peso corporal está demonstrada na Tabela 1 e para as características de escore visual na Tabela 2.

**Tabela 1.** Número de animais, touros, vacas, grupos de contemporâneos (GC), médias de valores fenotípicos, desvios-padrão (DP), valores máximos (Máx), valores mínimos (Min) e coeficiente de variação (CV) para características de peso corporal em bovinos da raça Nelore.

Peso (kg)	Número				Média	DP	Máx	Min	CV (%)
	Animais	Touros	Vacas	GC					
PN	49.800	1.988	32.607	492	33,93	4,45	49,00	19,00	13,11
P210	38.932	1.990	29.761	1.045	201,60	28,21	295,00	81,00	14,00
P365	31.322	1.724	24.011	908	262,10	43,35	409,00	110,00	16,53
P450	26.493	1.557	20.834	846	304,50	52,18	481,00	130,00	17,14

PN = peso ao nascer; P210 = peso aos 210 dias de idade; P365 = peso aos 365 dias de idade; P450 = peso aos 450 dias de idade.

**Tabela 2.** Número de animais e proporção (entre parênteses) por escore, número de animais, touros, vacas e grupos de contemporâneos (GC) dos valores de escores visuais medidos ao sobreano em bovinos da raça Nelore.

Característica	Número de animais por escore (proporção)					
	1	2	3	4	5	6
Escores visuais						
ES	273(0,04)	841(0,13)	1.355(0,21)	1.858(0,28)	1.538(0,24)	629(0,10)
PS	213(0,03)	826(0,13)	1.434(0,22)	1.731(0,27)	1.524(0,23)	766(0,12)
MS	334(0,05)	973(0,15)	1.561(0,24)	1.598(0,25)	1.330(0,20)	698(0,11)

Característica	Número			
	Animais	Touros	Vacas	GC
ES/ PS/ MS	6.494	525	5.214	102

ES = estrutura; PS = precocidade; MS = musculosidade

## 2.2. Edição dos dados

Para as análises, os grupos de contemporâneos que continham menos de cinco animais foram desconsiderados. A análise de conectabilidade entre os grupos para cada característica foi realizado pelo *software* AMC (ROSO e SCHENKEL, 2006), a fim de se verificar grupos desconexos do conjunto de dados e desconsiderá-los das análises. Foram verificados 5, 14, 15 grupos de contemporâneos desconectados para as características de P210, P365, P450 e 6 grupos para as características ES, PS, e MS, respectivamente.

A definição dos efeitos fixos para os modelos considerados nas análises foi realizada pelo método dos quadrados mínimos, por meio da função GLM presente no pacote *stats* do *software R* 3.4.1 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017). Para todas as características estudadas, o efeito fixo de grupo de contemporâneo foi significativo ( $p < 0,05$ ) e, portanto, foi incluído no modelo. Para todos os pesos estudados e o escore corporal de estrutura, foi incluído o efeito linear-quadrático da co-variável idade da vaca ao parto, pois este foi significativo ( $p < 0,05$ ) nas análises dessas características. Para os demais escores (P e M), apenas o efeito linear da idade da vaca ao parto foi significativo ( $p < 0,05$ ) e considerado nos modelos. Em todos os modelos deste trabalho, não foi considerado o efeito genético materno e efeito de ambiente permanente materno devido à estrutura do pedigree, em que 78,68% das mães possuíram apenas um filho. As pressuposições para a análise de variância de normalidade do resíduo e homogeneidade da variância foram atendidas para as

características. Os resíduos das observações acima de 3,0 e abaixo de -3,0 desvios-padrão foram excluídos.

### **2.3. Controle de qualidade dos genótipos**

O conjunto de dados de animais genotipados foi composto por 8.652 animais (machos e fêmeas), sendo 960 touros genotipados com painel de alta densidade (HD) (Illumina Bovine HD BeadChip), 1.000 animais genotipados com o painel de média densidade (50k) (Illumina BovineSNP50 BeadChip) e posteriormente imputados para o painel de alta densidade. Além disso, 6.692 animais foram genotipados com painel de baixa densidade (12k) (Clarifide Nelore 2.0) e posteriormente imputados para o painel de 50k e em seguida para HD.

Os 8.652 registros genotípicos dos animais avaliados foram submetidos ao controle de qualidade, o qual consistiu na remoção de marcadores SNP com alelos de menor frequência (MAF) que 5% e *call rate* menor que 95%. Para as amostras, foi considerado *call rate* de 93%. Após este controle de qualidade, restaram 456.241 SNPs e 8.652 genótipos.

### **2.4. Estimativas de parâmetros genéticos**

As estimativas dos valores genéticos preditos (EBV) foram obtidas a partir da equação dos modelos mistos e metodologia bayesiana e os valores genéticos genômicos (GEBV) para as características estudadas nesse trabalho foram estimados pelo melhor preditor genômico linear não-viesado de único estágio (*ssGBLUP*). Os componentes de variância foram estimados a partir de inferência bayesiana e amostragem de Gibbs. As estimativas de (co)variâncias assim como os EBVs e GEBVs, foram estimadas por meio do *software* GIBBS2F90 (MISZTAL, 2004) em características lineares para modelos unicaracterística e THRGIBBS1F90 (TSURUTA e MISZTAL, 2006) para as características categóricas e lineares em modelos uni e multicaracterística. Nos modelos multicaracterística foram considerados valores iniciais de variância obtidos nos modelos unicaracterística. As análises multicaracterística foram realizadas considerando a combinação de cada peso corporal com os três escores visuais. As estimativas *a posteriori* dos componentes de



variâncias foram obtidas a partir do *software* POSTGIBBSF90 (MISZTAL, 2004). O modelo geral pode ser representado como:

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

em que  $y$  é o vetor dos fenótipos,  $\beta$  é o vetor do efeito fixo de grupo de contemporâneo,  $a$  é o vetor de efeito aleatório genético aditivo de cada animal,  $e$  o vetor de efeitos aleatórios residuais e  $X$  e  $Z$  são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos e efeitos aleatórios, respectivamente.

Foi considerado que  $E[y]=X\beta$ ;  $Var(a)=A\otimes G$  e  $Var(e)=I\otimes R$ , em que  $G$  é a matriz de (co)variâncias genéticas aditivas;  $R$  é a matriz de (co)variância residual;  $A$  é a matriz do numerador de relações genético aditivas;  $I$  é a matriz identidade; e  $\otimes$  é o produto direto ou de Kronecker entre matrizes.

A estrutura geral das matrizes de variância e covariância dos efeitos aleatórios nos modelos foi:

$$\begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} \sim N(0, V); V = \begin{bmatrix} G\otimes A & 0 \\ 0 & R\otimes I \end{bmatrix}$$

em que  $G$  é a matriz das (co)variâncias dos efeitos genéticos aditivos diretos,  $A$  a matriz de parentesco ( $H$  quando foi utilizado o *ssGBLUP*),  $R$  matriz de (co)variâncias residuais,  $I$  é a matriz identidade e  $\otimes$  produto direto das matrizes.

Para os componentes de variância estimados a partir da amostragem de Gibbs, foi utilizado o seguinte modelo:

$$y|\beta, a, \sigma^2 \sim N[X\beta + Z_1a, I_n \sigma^2]$$

o qual  $\beta$  é um vetor ( $k \times 1$ ) de efeitos fixos representado, por um ponto de vista Bayesiano, um vetor de efeitos aleatórios sem informação uniforme *a priori*. A matriz  $X$  possui uma coluna de posto completo.  $Z_1$  é uma matriz de incidência que relaciona  $y$  ao efeito genético aditivo.  $\sigma^2$  é a variância dos efeitos residuais.

Para o modelo multicaracterística, assumiu-se que, a partir da abordagem Bayesiana, a distribuição inicial dos efeitos genéticos aleatórios é uma distribuição multivariada normal como:

$$p\left(\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \end{bmatrix} \mid G\right) \sim N\left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, G = G_0 \otimes A\right) p \sim N(0, I\sigma_p^2)$$

$$a \sim N(0, I\sigma_a^2) \quad p\left(\begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \end{bmatrix} \mid R\right) \sim N\left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, R = R_0 \otimes I\right)$$

em que  $G_0$  é a matriz de (co)variância genética,  $R_0$  é a matriz de variâncias residuais,  $\otimes$  produto direto das matrizes,  $A$  a matriz de parentesco ( $H$  quando foi utilizado o *ssGBLUP*) e  $I$  é a matriz identidade.

As acurácias ( $ac$ ) dos EBVs e GEBVs foram calculadas pela seguinte equação:

$$ac = 1 - \sqrt{\frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}} \quad (\text{BIF, 2018})$$

em que  $\sigma_e^2$  é a variância predita do erro das estimativas de valor genético e  $\sigma_a^2$  é a variância genética aditiva.

As características foram analisadas individualmente (análise unicaracterística) com intuito de se obter as estimativas iniciais de componentes de variância para posterior análise multicaracterística. Na implementação da Amostragem de Gibbs (AG), a partir das sequências de Monte Carlo e Markov (MCMC), foi utilizado uma cadeia inicial de 500.000 iterações, sendo que os primeiros 50.000 ciclos foram descartados (*burn in*) e amostras foram retiradas a cada 100 ciclos (*thin*), totalizando 4.500 amostras. As estimativas das herdabilidades, correlações genéticas, fenotípicas e ambientais foram obtidas pela média dos valores das respectivas amostras *a posteriori*.

Afim de se verificar o viés nas estimativas de valores genéticos, foi realizada regressão linear entre os EBVs estimados a partir da metodologia bayesiana e os GEBVs estimados a partir da metodologia *ssGBLUP* (YOSHIDA et al., 2018).

A correlação de Spearman foi calculada entre as posições dos 20 primeiros animais do pedigree que tinham os maiores EBVs e maiores GEBVs a fim de se determinar se estes animais foram classificados de maneira diferente ao incluir as informações de genótipos dos animais nas análises. Esta correlação mede a dependência entre a classificação de duas variáveis, ou seja, leva em consideração a posição em que as variáveis estão ordenadas (SIEGEL, 1975).

## 2.5. Análise de convergência

Para a análise de convergência foram considerados os critérios de avaliação de convergência propostos por Heidelberg e Welch (1983) e Geweke (1992). A convergência das cadeias foi verificada por meio do programa computacional *R* 3.4.1 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017), utilizando o pacote BOA, descrito por Smith (2005), no qual foram gerados diagnósticos de convergência de Geweke e teste de *Heidelberg e Welch*.

O diagnóstico de convergência proposto por Heidelberg e Welch (1983) utiliza o critério estatístico de Cramer-Von-Mises (CRÁMER, 1928) para testar a hipótese de nulidade ( $H_0$ ) de que os valores das amostras provêm de uma distribuição estacionária. Este teste é aplicado primeiramente em toda a cadeia de tamanho  $N$  iterações e, posteriormente, descartando 10%, 20% e assim, sucessivamente, da cadeia, até que a hipótese de nulidade não seja rejeitada ou quando 50% da cadeia for descartada. Caso o teste ainda rejeite  $H_0$ , necessita-se de um número maior de iterações. Juntamente com o teste de *Heidelberg e Welch*, também é calculado o teste de meia-amplitude que calcula um intervalo de credibilidade de 95% para a média, usando o fragmento da cadeia que passou no teste estacionário, mencionado anteriormente. A metade do segmento deste intervalo é comparada com a estimativa da média. Se a razão entre esta metade e a média for menor que determinado valor (0,1), o teste de meia-amplitude é positivo, ou seja, atingiu-se a convergência. Caso contrário, o tamanho da amostra deve ser ampliado para que a estimativa da média seja suficientemente acurada.

O diagnóstico de convergência de Geweke (1992) é baseado em um teste para a igualdade das médias da primeira e última porção da cadeia de Markov. Para as análises deste trabalho utilizou-se 10% das amostras iniciais e as 50% últimas amostras. Este teste compara a localização do parâmetro amostrado na última metade da cadeia, o qual assume-se que este atingiu a convergência, com a menor amostra do início da cadeia. Caso os valores das médias dos parâmetros nos dois intervalos forem relativamente iguais, assume-se que as duas partes distintas da cadeia possuem posições similares no espaço determinado. Portanto, admite-se que as duas amostras provêm de uma mesma distribuição. O diagnóstico de convergência de Geweke utiliza a estimação de densidade espectral (padronizada em 0), a qual é

utilizada para detectar variações periódicas nas análises. Os erros-padrão encontrados na densidade espectral são utilizados em um teste  $Z$  (que consiste na diferença entre as duas médias amostrais, dividido pelo erro-padrão estimado a partir da densidade espectral), calculado sob a suposição que as duas partes da cadeia são independentes e assintóticas, ou seja, a soma da primeira com a segunda porção deve ser estritamente menor que um.

## 2.6. Análise de componentes principais (PCA) e tendência genética

A PCA foi realizada utilizando a função *prcomp* do pacote *stats* no software *R* 3.4.1 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017), considerando as médias das estimativas de EBVs e GEBVs para as características estudadas, estimadas a partir das análises multicaracterística. Esta análise foi realizada afim de se verificar a interação entre as características como também a porção da variabilidade explicada pela PCA ao se incluir as informações de SNPs dos animais na estimação do GEBV.

As tendências genéticas foram estimadas a partir da regressão linear dos EBVs e GEBVs em função dos anos de nascimento dos animais, realizadas pela função *lm* do pacote *stats* do software *R* 3.4.1 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017). A significância do coeficiente de regressão  $b$  foi testado pelo teste  $t$ . As tendências genéticas foram realizadas afim de se verificar se houve progresso genético para as características estudadas.

## 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A convergência das análises para este trabalho foi atendida quando as estimativas de componentes de variância atenderam os critérios e pelo menos a um dos testes mencionados. Os gráficos para densidade e *trace plot* das cadeias das estimativas dos componentes de variância estão apresentados nos apêndices de 1 a 20. Os gráficos de densidade mostram distribuições *a posteriori* das cadeias que se aproximam de uma distribuição normal, enquanto os gráficos de *trace plot* mostram a estabilização das cadeias, evidenciando que o valor considerado para *burn-in* foi confiável e permitiu a convergência das mesmas.

As estimativas encontradas de herdabilidade ( $h^2$ ) para as características avaliadas a partir das duas metodologias propostas indicam que todas estas podem responder ao processo de seleção, pois houve suficiente variação fenotípica atribuída aos efeitos genéticos aditivos (tabela 3). Araújo et al. (2014), estimaram componentes de variância e parâmetros genéticos em bovinos Nelore, utilizando registros de pedigree e fenótipo, para características de peso ao nascimento, 210, e 365 dias de idade. As estimativas de herdabilidade no presente trabalho foram próximas as encontradas pelos autores ( $0,36 \pm 0,03$  e  $0,31 \pm 0,01$  para P210 e P365). Maior diferença na herdabilidade pode ser observada para peso ao nascimento ( $0,37 \pm 0,02$ ). Isso provavelmente pela não inclusão do efeito genético materno devido a estrutura do pedigree do presente trabalho. Os pesos iniciais podem sofrer maior influência do efeito genético materno, podendo inflacionar as estimativas de herdabilidade para esta característica quando não são consideradas nas análises (CLÉMENT et al., 2001).

A magnitude das estimativas de  $h^2$  para os escores visuais foram maiores do que aquelas encontradas na literatura para as mesmas características (VAN MELIS et al., 2003; ARAÚJO et al., 2010). No trabalho de Koury filho et al. (2010), foram estimados parâmetros genéticos e componentes de (co)variâncias para escores visuais medidos ao sobreano em animais da raça Nelore, de conformação (C), musculatura (M) e precocidade (P) e o efeito genético materno não foi considerado, apenas de ambiente permanente materno. Estimativas de herdabilidade obtidas no presente trabalho foram similares com as estimativas observadas por estes autores (0,24, 0,32 e 0,27 para C, P e M, respectivamente).

Zuin et al., (2012), em trabalho cuja base de dados é parte da mesma base de dados utilizada no presente trabalho, estimaram parâmetros genéticos para pesos aos 210 (P210) e 365 (P365) dias de idade. Ao delinear os modelos estatísticos, os autores não levaram em consideração o efeito de ambiente permanente materno para P210, pois a convergência necessária não foi alcançada. Os autores atribuíram esta ausência de convergência à estrutura dos dados, os quais continham 49% de mães com apenas um filho. A maior proporção de mães com apenas um filho neste trabalho (78,68% em média) é devido a maior quantidade de informação no pedigree se comparado com o pedigree utilizado pelos autores. As estimativas de herdabilidades obtidas no presente trabalho (utilizando-se a metodologia bayesiana) para P210 e

P365 foram relativamente semelhantes as estimativas de herdabilidade para P210 e P365 observadas pelos autores, com valores de  $0,25 \pm 0,02$  e  $0,29 \pm 0,02$ , respectivamente.

**Tabela 3.** Médias das estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ), variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ) e variância genética residual ( $\sigma^2_e$ ) e estimativas de maior densidade posterior (95% HPD) para características de peso corporal e escores visuais ao sobreano em bovinos da raça Nelore, utilizando informações genômicas (ssGBLUP) e apenas informações de pedigree e fenótipo (Bayesiana)

<i>ssGBLUP</i>					
Característica	$h^2 \pm DP$	$\sigma^2_a$	95% HPD	$\sigma^2_e$	95% HPD
PN (kg)	0,81 $\pm$ 0,01	4,70	4,27 – 5,16	7,40	7,08 – 7,71
P210 (kg)	0,38 $\pm$ 0,02	179,31	159,90 – 198,50	295,21	281,80 – 309,90
P365 (kg)	0,34 $\pm$ 0,02	226,20	201,10 – 251,20	432,48	413,20 – 450,90
P450 (kg)	0,35 $\pm$ 0,02	280,10	245,60 – 312,30	509,64	484,40 – 532,80
ES	0,31 $\pm$ 0,04	0,60	0,44 – 0,76	1,06	0,94 – 1,18
PS	0,38 $\pm$ 0,05	0,64	0,47 – 0,82	1,05	0,91 – 1,18
MS	0,39 $\pm$ 0,05	0,71	0,51 – 0,90	1,09	0,94 – 1,22
<i>Bayesiana</i>					
Característica	$h^2 \pm DP$	$\sigma^2_a$	95% HPD	$\sigma^2_e$	95% HPD
PN (kg)	0,82 $\pm$ 0,01	4,67	4,25 – 5,12	7,41	7,10 – 7,73
P210 (kg)	0,33 $\pm$ 0,02	156,80	137,40 – 176,70	312,14	296,50 – 326,20
P365 (kg)	0,31 $\pm$ 0,02	88,46	176,90 – 227,60	450,78	430,30 – 469,80
P450 (kg)	0,32 $\pm$ 0,02	252,29	220,40 – 287,20	530,72	505,30 – 556,50
ES	0,32 $\pm$ 0,05	0,54	0,37 – 0,70	1,11	0,98 – 1,23
PS	0,37 $\pm$ 0,05	0,64	0,45 – 0,81	1,05	0,91 – 1,19
MS	0,38 $\pm$ 0,05	0,70	0,50 – 0,90	1,10	0,94 – 1,24

PN = peso ao nascer; P210 = peso aos 210 dias de idade; P365 = peso aos 365 dias de idade; P450 = peso aos 450 dias de idade; ES = estrutura; PS = precocidade; MS = musculosidade.

Quando as informações genômicas foram consideradas na construção da matriz de parentesco **H**, pode-se observar ganho nas estimativas de  $h^2$  e  $\sigma^2_a$  e decréscimo na  $\sigma^2_e$ . Estes resultados são condizentes com as estimativas encontradas por Veerkamp et al., (2011), que estimaram parâmetros genéticos em novilhas da raça Holandesa e compararam a utilização de diferentes matrizes de parentesco. As matrizes de parentesco foram construídas utilizando informações apenas do pedigree (**A**), apenas informações de SNPs (**G**) e a junção das duas matrizes (**H**). Os autores observaram que a combinação das informações de fenótipo, genótipo e pedigree na estimativas de herdabilidade para peso corporal (PC), rendimento de leite (RL) e

consumo alimentar (CA), medidos nas primeiras 15 semanas de lactação, foram mais precisas, com erros-padrão menores (0,12, 0,11 e 0,12 para RL, CA e PC, respectivamente), utilizando a matriz **A** e 0,09, 0,08 e 0,09 para RL, CA e PC, respectivamente, utilizando a matriz **H**. No presente trabalho, as diferenças nas estimativas de  $h^2$  e dos respectivos erros-padrão para as características estudadas entre as duas metodologias foram maiores nas análises unicaracterística (resultados não apresentados) de que nas análises multicaracterísticas.

O ganho nas estimativas de  $\sigma^2_a$  e o decréscimo na  $\sigma^2_e$  para as estimativas ao se utilizar a matriz **H** indica que, com a utilização desta matriz, foi possível identificar maior proporção de variabilidade genética da população em estudo. Essa maior variabilidade também pode ser observada na análise de componentes principais (Tabela 4 e Figura 1). Na análise de componentes principais apenas aqueles com autovalores maiores que um explicam a proporção mais relevante da variância dos dados (KAISER, 1960). Neste trabalho, ao se utilizar a matriz **H**, o componente principal 1 (PC1) foi capaz de explicar 66,1% da variabilidade dos dados e o componente principal 2 (PC2), 16,7% (Figura 1 b). Por sua vez, ao se utilizar a matriz **A**, a PCA foi capaz de identificar 64,7% e 17,7% da variabilidade dos dados pelo PC1 e PC2, respectivamente. Portanto, ao se utilizar a matriz **H**, pode-se identificar maior proporção da variabilidade nos dados pois ao se utilizar as informações de SNPs, há a possibilidade de se identificar melhor as diferenças genéticas entre os animais.

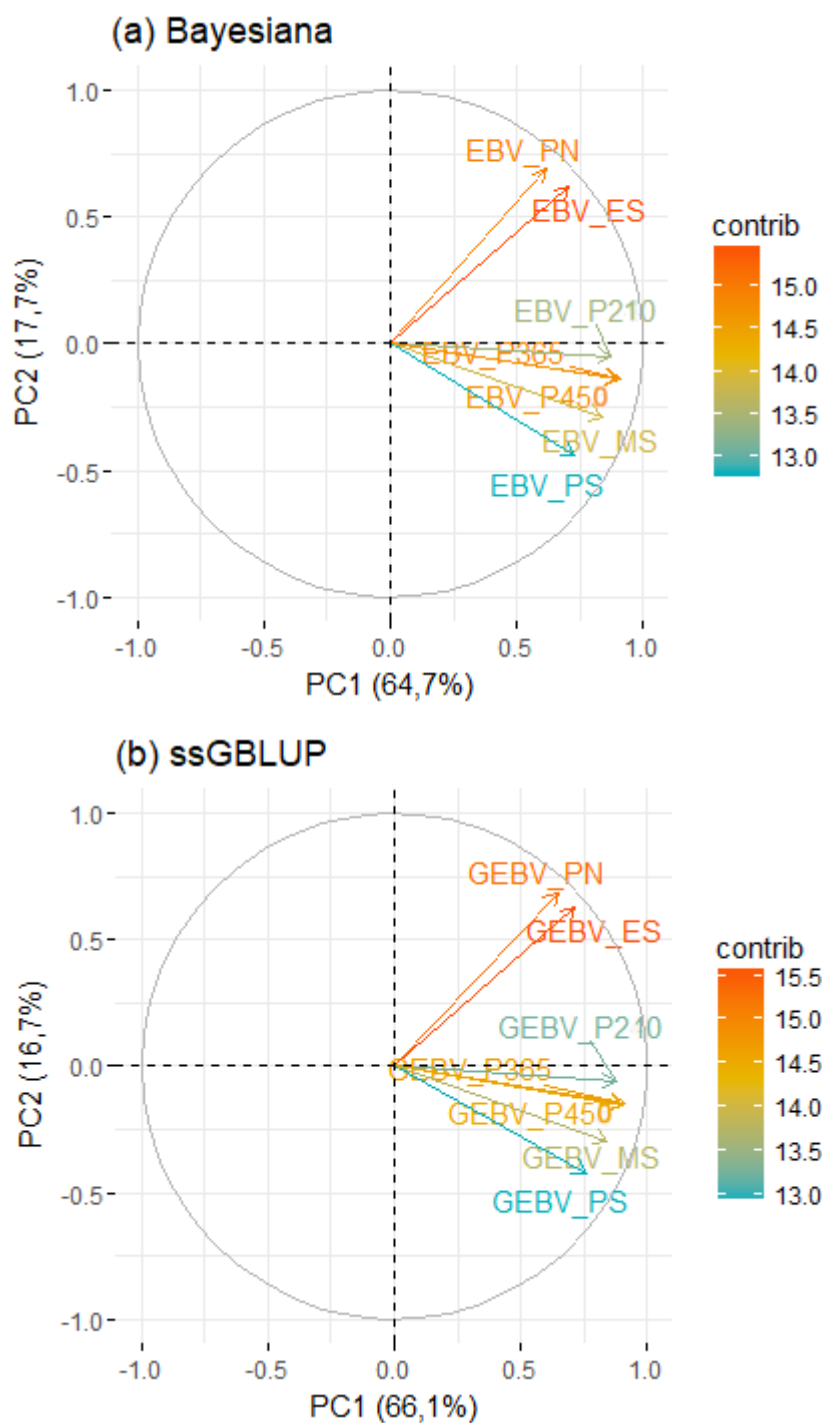
A maior variabilidade identificada quando se utilizou as informações dos SNPs neste trabalho condiz com os resultados observados no trabalho de Elzo et al, (2015). Estes autores estimaram componentes de (co)variância em animais Angus-Brahman para características de peso corporal ao nascer, à desmama e ganho pós-desmama. Os autores observaram maiores estimativas da  $\sigma^2_a$  nas características quando utilizado o modelo multicaracterística com toda a informação de genótipo, fenótipo e pedigree disponível a partir da metodologia do *single step*, se comparado ao modelo utilizando apenas informações de pedigree e fenótipo (diferença média nas estimativas de  $\sigma^2_a$  de 3,25 Kg<sup>2</sup> para as características estudadas). De acordo com os autores, para se obter os benefícios de se genotipar apenas uma fração do rebanho, os produtores devem manter registros completos de pedigree e fenotípicos, assim como é observado no banco de dados deste trabalho.

Na Figura 1 pode-se observar maior proximidade entre os vetores das médias dos valores genéticos de PN e ES, corroborando com as estimativas de correlações genéticas (Tabela 5). A estimativa de correlação genética entre PN e ES foi maior se comparada com as estimativas entre os outros escores visuais. As proximidades dos vetores das médias dos valores genéticos para os demais pesos e os escores visuais de PS e MS também pode ser observado na Tabela 5, em que as estimativas de correlações genéticas entre essas características foram altas.

**Tabela 4.** Autovalores para cada componente principal e proporção e proporção acumulada da variância genética aditiva total, para as análises feitas a partir do *ssGBLUP* e metodologia Bayesiana.

<b>Bayesiana</b>			
<b>Componentes principais</b>	<b>Autovalor</b>	<b>Proporção da variância genética aditiva total (%)</b>	<b>Proporção acumulada da variância genética aditiva total (%)</b>
PC1	4,5318	64,74%	64,74%
PC2	1,1801	16,86%	81,60%
PC3	0,7455	10,65%	92,25%
PC4	0,2149	3,07%	95,32%
PC5	0,1802	2,58%	97,83%
PC6	0,1007	1,44%	99,33%
PC7	0,0467	0,67%	100,00%
<b>ssGBLUP</b>			
<b>Componentes principais</b>	<b>Autovalor</b>	<b>Proporção da variância genética aditiva total (%)</b>	<b>Proporção acumulada da variância genética aditiva total (%)</b>
PC1	4,6255	66,08%	66,08%
PC2	1,1721	16,74%	82,82%
PC3	0,7396	10,56%	93,39%
PC4	0,1784	2,55%	95,94%
PC5	0,1598	2,28%	98,22%
PC6	0,0799	1,14%	99,36%
PC7	0,0445	0,64%	100,00%





**Figura 1.** Gráfico de duas dimensões de componentes principais do componente principal 1 e 2 (PC1 e PC2) das médias dos valores genéticos estimados (EBV) a partir da metodologia Bayesiana e valores genéticos genômicos estimados (GEBV) a partir da metodologia *ssGBLUP* para as características de peso corporal ao nascer (PN), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) e escores visuais medidos ao sobreano de estrutura (ES), precocidade (PS) e musculosidade (MS), além das contribuições (contrib) de cada valor genético para a PCA.

**Tabela 5.** Correlações genéticas obtidas pela metodologia Bayesiana (acima da diagonal) e *ssGBLUP* (abaixo da diagonal) para características de peso corporal e escores visuais ao sobreano em bovinos da raça Nelore.

Característica	PN	P210	P365	P450	ES	PS	MS
<b>PN</b>	–				0,52±0,09	0,20±0,09	0,21±0,09
<b>P210</b>		–			0,72±0,06	0,68±0,06	0,69±0,06
<b>P365</b>			–		0,72±0,05	0,67±0,06	0,73±0,05
<b>P450</b>				–	0,74±0,04	0,74±0,05	0,78±0,04
<b>ES</b>	0,60±0,07	0,79±0,04	0,78±0,04	0,80±0,03	–	0,37±0,09	0,47±0,08
<b>PS</b>	0,24±0,10	0,73±0,04	0,70±0,05	0,74±0,05	0,42±0,07	–	0,88±0,02
<b>MS</b>	0,29±0,09	0,73±0,05	0,76±0,05	0,79±0,04	0,51±0,07	0,89±0,02	–

PN = peso ao nascer; P210 = peso aos 210 dias de idade; P365 = peso aos 365 dias de idade; P450 = peso aos 450 dias de idade; ES = estrutura; PS = precocidade; MS = musculosidade.

Paterno et al. (2017), trabalhando com bovinos Nelore, cuja base de dados é parte dos dados utilizados neste trabalho, estimaram correlações genéticas para escores visuais de E, P e M medidos ao sobreano com pesos corporais medidos aos 210 (P120) e 450 (P450) dias de idade. Os autores verificaram menor estimativa de correlação genética do escore visual de E com os pesos corporais, se comparada com as estimativas de correlação genética de P e M com os pesos. Os resultados encontrados neste trabalho (Tabela 5) condizem com os resultados estimados pelos autores. As estimativas de correlações genéticas mostraram que há substancial proporção de genes de ação aditiva influenciando estas características no mesmo sentido, ou seja, as estimativas positivas indicam que a seleção para uma característica irá influenciar outra característica na mesma direção da seleção. A seleção direta para as características de escore visual medidos ao sobreano pode promover a seleção indireta para peso corporal. Estes resultados condizem com os resultados encontrados na literatura (FARIA, et al., 2008; KOURY FILHO, et al. 2010, PATERNO, et al, 2017).

Nota-se que, de maneira geral, houveram maiores estimativas para os GEBVs em relação aos EBVs para todas as características (Tabela 6). As diferenças entre os GEBVs e EBVs aumentou conforme a idade dos animais nas mensurações dos pesos corporais aumentou. A inclusão de informações genômicas foi capaz de auxiliar os modelos estatísticos a estimar os valores genéticos de forma mais acurada mediante a melhor identificação da variação genética, principalmente nas características mais tardias, que são mais influenciadas por fatores ambientais (TORAL et al., 2004). Os

desvios-padrão das estimativas das médias dos valores genéticos apresentaram grande variação e altas estimativas, este fato pode ter ocorrido pois estas estimativas são provenientes dos animais de todo pedigree, ou seja, são animais nascidos entre 1934 e 2016, e o Programa Nelore Brasil da ANCP foi iniciado em 1988.

**Tabela 6.** Estimativas médias dos valores genéticos (EBV) e valores genéticos genômicos (GEBV) e seus respectivos desvios-padrão para características de peso corporal e escores visuais medidos ao sobreano em bovinos da raça Nelore.

<b>Característica</b>	<b>GEBV</b>
PN (kg)	0,79±1,06
P210 (kg)	6,40±7,80
P365 (kg)	7,62±9,17
P450 (kg)	9,05±9,96
ES	0,23±0,31
PS	0,14±0,30
MS	0,21±0,33
<b>Característica</b>	<b>EBV</b>
PN (kg)	0,70±1,03
P210 (kg)	4,17±7,00
P365 (kg)	5,36±8,37
P450 (kg)	6,56±9,10
ES	0,22±0,28
PS	0,06±0,27
MS	0,17±0,30

PN = peso ao nascer; P210 = peso aos 210 dias de idade; P365 = peso aos 365 dias de idade; P450 = peso aos 450 dias de idade; ES = estrutura; PS = precocidade; MS = musculosidade.

Nota-se maior proporção de animais com acurácia dos valores genéticos na classe que compreende valores maiores ou iguais a zero e menores que 0,4 (Tabela 7). Com a utilização do método *ssGLBUP*, podemos verificar aumento na proporção dos animais com estimativas de acurácias maiores ou iguais a 0,4 e redução da proporção de animais com acurácias menores que zero se comparado com as estimativas de acurácia dos valores genéticos pela metodologia bayesiana. A inclusão das informações de genótipos dos animais permitiu estimativas mais acuradas dos valores genéticos dos animais, possibilitando maior confiabilidade em suas estimativas. A proporção de animais na classe de acurácia menor que zero foi maior para as características de escores visuais, provavelmente pelo número reduzido de observações e por estarem mais sujeitas ao viés, pois dependem da avaliação visual de um avaliador.

**Tabela 7.** Proporção (%) de animais por classes de acurácia para as características de peso corporal e escores visuais em bovinos da raça Nelore.

<b>ssGBLUP</b>					
Característica/intervalo	<b>&lt;0</b>	<b>0 - 0,4</b>	<b>0,4 - 0,6</b>	<b>0,6 - 0,8</b>	<b>&gt;0,8</b>
PN (kg)	5,96	93,51	0,39	0,12	0,02
P210 (kg)	5,57	94,04	0,30	0,08	0,01
P365 (kg)	6,39	93,34	0,20	0,06	0,01
P450 (kg)	6,64	93,13	0,17	0,06	0,00
ES	8,15	91,78	0,05	0,01	0,00
PS	12,01	87,93	0,05	0,01	0,00
MS	11,28	88,65	0,05	0,01	0,00
<b>Bayesiana</b>					
Característica/intervalo	<b>&lt;0</b>	<b>0 - 0,4</b>	<b>0,4 - 0,6</b>	<b>0,6 - 0,8</b>	<b>&gt;0,8</b>
PN (kg)	6,74	92,79	0,34	0,12	0,02
P210 (kg)	6,29	93,43	0,20	0,07	0,01
P365 (kg)	7,10	92,69	0,15	0,05	0,01
P450 (kg)	7,53	92,28	0,13	0,05	0,01
ES	9,33	90,62	0,04	0,01	0,00
PS	12,81	87,14	0,04	0,01	0,00
MS	12,35	87,59	0,04	0,01	0,00

PN = peso ao nascer; P210 = peso aos 210 dias de idade; P365 = peso aos 365 dias de idade; P450 = peso aos 450 dias de idade; ES = estrutura; PS = precocidade; MS = musculosidade.

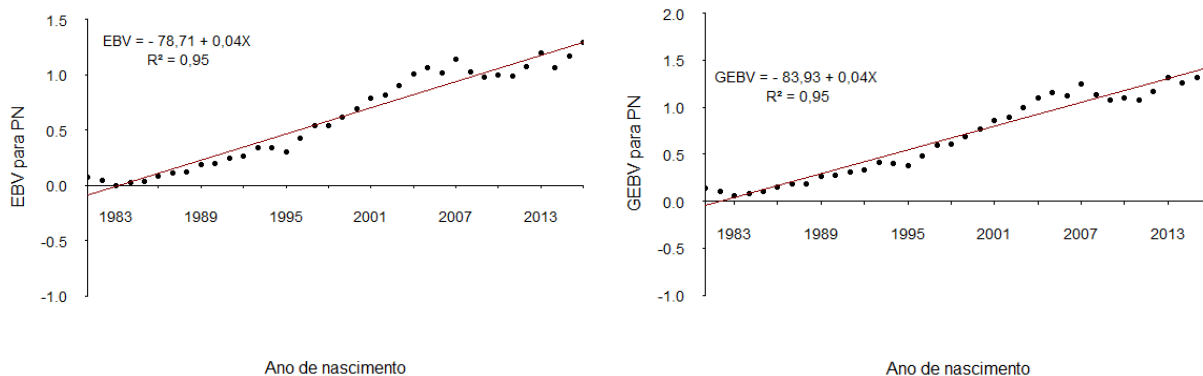
De acordo com Yoshida et al. (2018), para que não ocorra viés de predição dos valores genéticos, o coeficiente angular do modelo estatístico de regressão linear do GEBV em função do EBV deve ser igual a um. Valores acima de um indicam estimativas inflacionadas e valores abaixo de um, estimativas deflacionadas (NEVES et al., 2014). Neste trabalho, todos os valores do coeficiente angular foram próximos a um (Tabela 8), indicando pouco viés nas estimativas de valores genéticos.

**Tabela 8.** Valores das estimativas de coeficiente angular (**b**) para características de peso corporal e escores visuais em bovinos da raça Nelore.

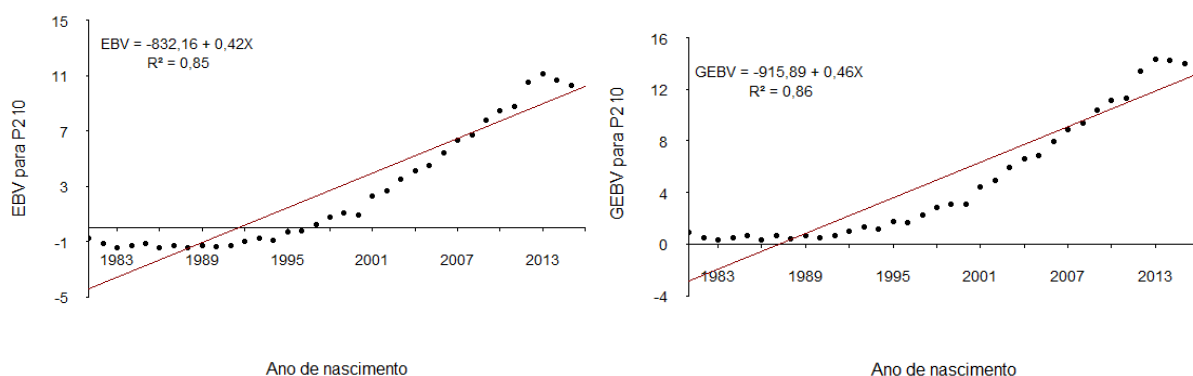
<b>Característica</b>	<b>b</b>
PN (kg)	1,02
P210 (kg)	1,11
P365 (kg)	1,09
P455 (kg)	1,09
ES	1,09
PS	1,12
MS	1,09

PN = peso ao nascer; P210 = peso aos 210 dias de idade; P365 = peso aos 365 dias de idade; P450 = peso aos 450 dias de idade; ES = estrutura; PS = precocidade; MS = musculosidade. Coeficiente angular significativamente ( $p < 0,05$ ) diferente de zero pelo teste t.

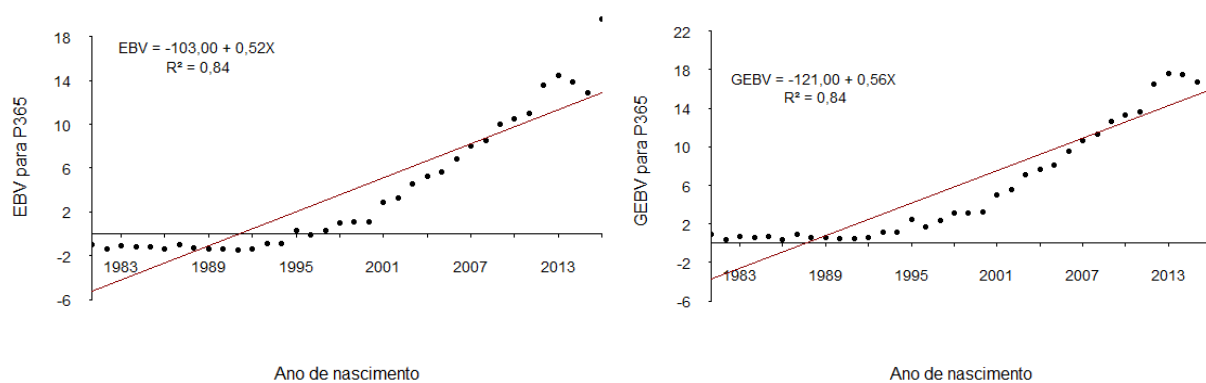
O coeficiente angular das médias dos valores genéticos por ano de nascimento foi significativo ( $p < 0,05$ ) para todas as características. Evidencia-se progresso genético para as mesmas, tanto para os valores genéticos genômicos preditos (GEBV) como para os valores genéticos preditos (EBV) (Figuras de 2 a 8).



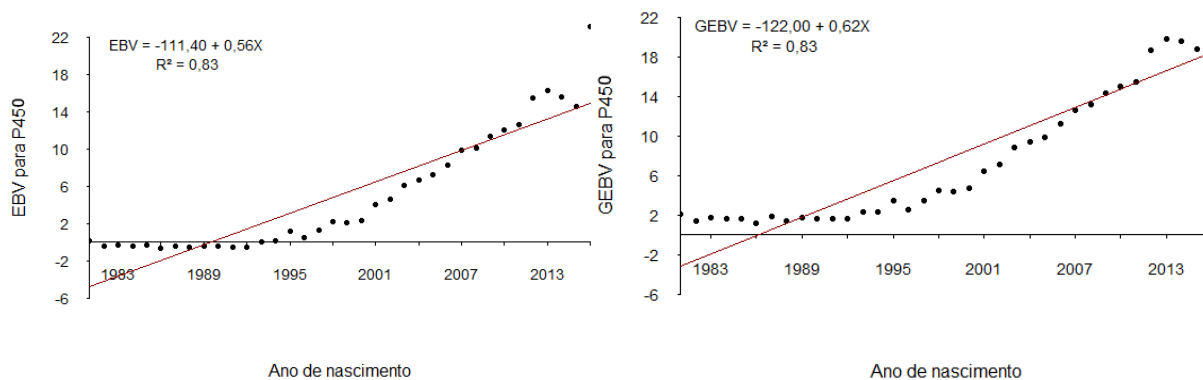
**Figura 2.** Gráficos de regressão linear das médias dos GEBVs e EBVs por ano de nascimento para a característica de peso corporal ao nascer (PN). Coeficiente angular significativamente ( $p < 0,05$ ) diferente de zero pelo teste t.



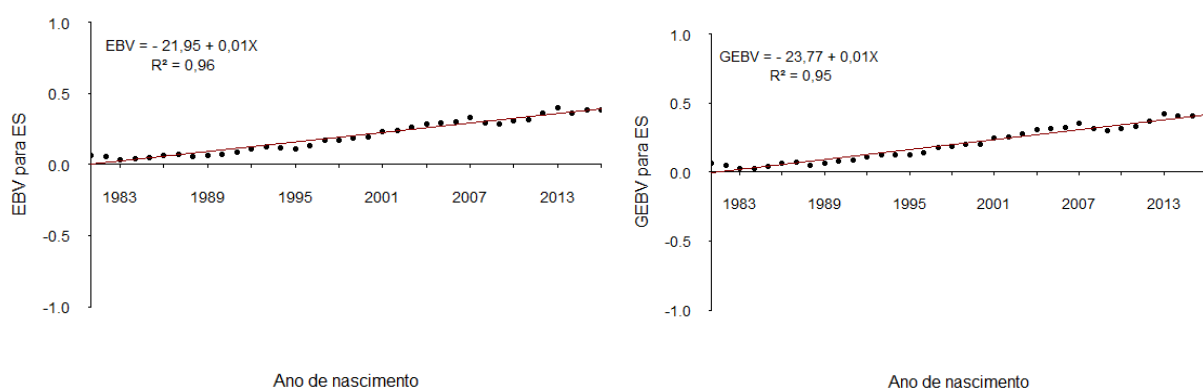
**Figura 3.** Gráficos de regressão linear dos valores médios dos GEBVs e EBVs por ano de nascimento para a característica de peso corporal aos 210 dias de idade (P210). Coeficiente angular significativamente ( $p < 0,05$ ) diferente de zero pelo teste t.



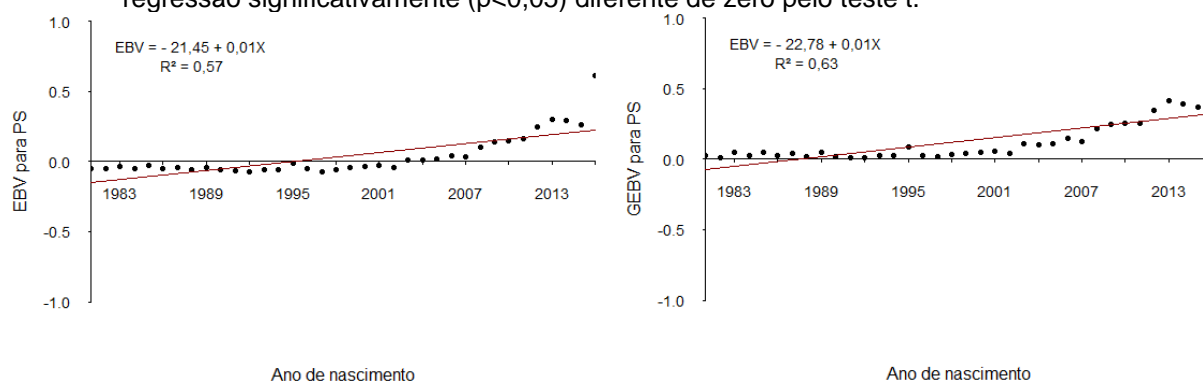
**Figura 4.** Gráficos de regressão linear dos valores médios dos GEBVs e EBVs por ano de nascimento para a característica de peso corporal aos 365 dias de idade (P365). Coeficiente de regressão significativamente ( $p < 0,05$ ) diferente de zero pelo teste t.



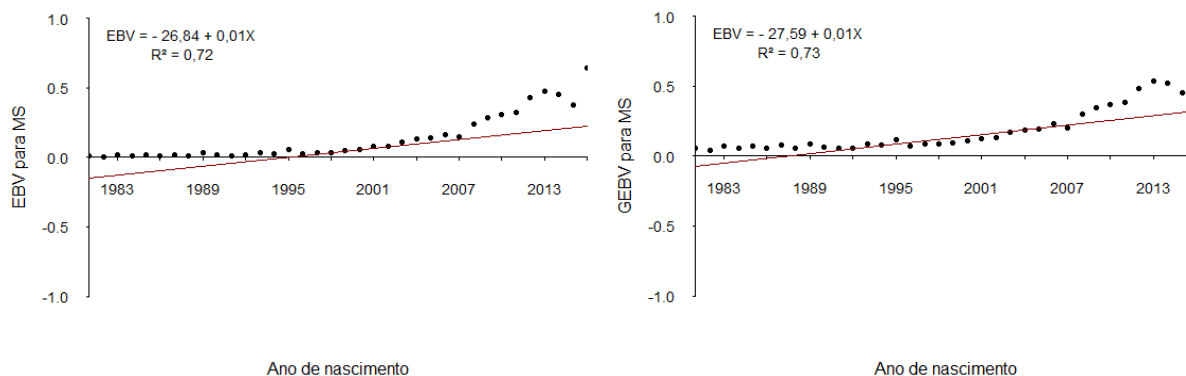
**Figura 5.** Gráficos de regressão linear dos valores médios dos GEBVs e EBVs por ano de nascimento para a característica de peso corporal aos 450 dias de idade (P450). Coeficiente de regressão significativamente ( $p < 0,05$ ) diferente de zero pelo teste t.



**Figura 6.** Gráficos de regressão linear dos valores médios dos GEBVs e EBVs por ano de nascimento para a característica de escore corporal de estrutura (ES) média ao sobreano. Coeficiente de regressão significativamente ( $p < 0,05$ ) diferente de zero pelo teste t.



**Figura 7.** Gráficos de regressão linear dos valores médios GEBVs e EBVs por ano de nascimento para as características de escore corporal de precocidade (PS) medida ao sobreano. Coeficiente de regressão significativamente ( $p < 0,05$ ) diferente de zero pelo teste t.



**Figura 8.** Gráficos de regressão linear dos valores médios dos GEBVs e EBVs por ano de nascimento para as características de escore corporal de musculatura (MS) medida ao sobreano. Coeficiente de regressão significativamente ( $p < 0,05$ ) diferente de zero pelo teste t.

Para todas as tendências genéticas o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) evidenciou que o modelo utilizado foi adequado para explicar a variação dos valores genéticos em função do ano de nascimento. Para os escores visuais medidos ao sobreano, os gráficos de tendência genética mostraram ganho genético ao passar dos anos, tanto para os valores de GEBV como para os valores de EBV. Tais resultados condizem com os resultados encontrados por Forni, Federici e Albuquerque (2007), que ao avaliarem 56.076 registros de escores visuais medidos à desmama de conformação (C), precocidade (P) e musculatura (M) em bovinos Nelore, observaram ganhos genéticos variando de -0,05 a 0,2 ao longo de oito anos e, assim como este trabalho, os autores evidenciaram progresso genético para estas características. Os resultados encontrados neste trabalho são condizentes com os encontrados por Araújo et al. (2010). Os autores avaliaram as características de escores visuais de C e P, e observaram pequeno, porém relevante, ganho genético para estas características.

Os  $R^2$  para os EBVs médios tiveram maior variação (0,57 para OS a 0,95 para PN) se comparados com os valores obtidos pela regressão do GEBV pelo ano de nascimento. Como em todos os resultados apresentados anteriormente, o uso de informações de SNPs nas análises pode identificar maior variabilidade genética proveniente da população.

As tendências genéticas para todos os pesos corporais representaram progresso genético devido à seleção, principalmente a partir dos anos de 1990. Portanto, após a implementação do programa de melhoramento genético na raça Nelore pela ANCP foi observado contínuo progresso genético para todas as

características avaliadas evidenciando que houve seleção favorável para estas características. Estes resultados corroboram com os resultados encontrados na literatura, para diferentes pesos corporais em bovinos da raça Nelore (LAUREANO et al., 2011; SANTOS et al., 2012; SILVA, et al., 2013) e para bovinos de outras raças (FERRAZ FILHO, et al. 2002; MUCARI e OLIVEIRA, 2003).

A correlação de Spearman entre a posição dos 20 primeiros animais que apresentaram os maiores valores de EBV e GEBV não foi significativa ( $p > 0,05$ ) para nenhuma das características estudadas. Este resultado mostra que com a inclusão das informações genômicas, podemos classificar de maneira diferente os animais com maiores estimativas de valores genéticos.

#### 4. CONCLUSÃO

A análise de componentes principais e estimativa de acurácia dos valores genéticos mostraram que a inclusão de informações dos SNPs contribuiu para melhor estimativa da variabilidade genética das características.

A correlação de Spearman entre a posição dos 20 primeiros animais que apresentaram maiores estimativas de EBVs e GEBVs mostrou que a inclusão das informações genômicas nas análises permite classificar os animais de maneira diferente se comparada com as análises com apenas informações de pedigree e fenótipo.

#### 5. REFERÊNCIAS

Araújo RO, Rorato PRN, Weber T, Everling DM, Lopes JS, Dornelles MA (2010) 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** 39:2398-2408.

Araújo CV, Lôbo RB, Figueiredo LGG, Mosquer CJ, Laureano MMM, Bittencourt TCBSC, Araújo SI (2014) Estimates of genetic parameters of growth traits of Nellore cattle in the Midwest region of Brazil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal** 15:846-853.

BEEF IMPROVEMENT FEDERATION - BIF (2018). Guidelines for uniform improvement programs. Raleigh, NC. 185p.



Boligon AA, Baldi F, Mercadante MEZ, Lôbo RB, Pereira RJ, Albuquerque LG (2001) Breeding value accuracy estimates for growth traits using random regression and multi-trait models in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research** 10:1227-1236.

Buzankas ME, Savegnago RP, Grossi DA, Venturi GC, Queiroz SA, Silva LOC, Torres Júnior RAA, Munari DP, Alencar MM (2013) Genetic parameter estimates and principal component analysis of breeding values of reproduction and growth traits in female Canchim cattle. **Reproduction, Fertility and Development** 25:775-781.

Clément V, Bibé B, Verrier E, Elsen JM, Manfredi E, Bouix J, Hanocq E (2001) Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. **Genetics Selection Evolution** 33:369-395.

Cramér H (1928) On the Composition of Elementary Errors. **Scandinavian Actuarial Journal** 1:13-74.

Elzo MA, Thomas MG, Johnson DD, Martinez CA, Lamb GC, Rae DO, Wasdin JG, Driver JD (2015) Genetic Parameters and predictions for direct and maternal growth traits in a multibreed Angus-Brahman cattle population using genomicpolygenic and polygenic models. **Livestock Science** 178:43-51.

Ferraz Filho PB, Ramos AA, Silva LOC, Souza JC, Alencar MM, Malhado CHM (2002) Tendência Genética dos Efeitos Direto e Materno sobre os Pesos à Desmama e Pós-Desmama de Bovinos da Raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia** 31:635-640.

Forni S, Federici JF, Albuquerque LG (2007) Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura à desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia** 36:572-577.

Geweke J (1992) **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments**. Oxford University Press, New York, 1992.

Hair JF, Anderson RE, Tatham RL, Black W (2005) **Análise Multivariada de dados**. Porto Alegre. RS, 5ª ed.

Heidelberger P, Welch P (1983) Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations Research* 31:1109-1144.

Laureano MMM, Boligon AA, Costa RB, Forni S, Severo JLP, Albuquerque LG (2011) Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia** 63:143-152.

Meuwissen THE, Hayes BJ, Goddard ME (2016) Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. **Animal Frontiers** 6:6-14.

Missanjo EM, Imbayarwo-Chikosi VE, Halimani TE (2012) Genetic trends production and somatic cell count for Jersey cattle in Zimbabwe born from 1994 to 2005. **Tropical Animal Health and Production** 44:1921-1925.

Misztal I GIBBS2F90 manual. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/blupf90.pdf>>. [2004] Acesso em: outubro de 2017.

Misztal I. POSTGIBBSF90 manual. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/blupf90.pdf>>. [2004] Acesso em: outubro de 2017.

Mucari T, Oliveira JA (2003) Análise Genético-Quantitativa de Pesos aos 8, 12, 18 e 24 Meses de Idade em um Rebanho da Raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia** 32:1604-1613.

Tsuruta S, Misztal I (2006) THRGIBBS1F90 for estimation of variance components with threshold-linear model. In: 8TH WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION. Belo Horizonte, MG, Brasil.

Moreira HL, Buzanskas ME, Munari DP, Canova EB, Lôbo RB, Paz CCP (2015) Reproductive traits selection in nelore beef cattle. **Ciência e Agrotecnologia** 39:355-362.

Neves HHR, Carvalheiro R, O'brien AMP, Utsunomiya YT, Carmo AS, Schenkel FS, Solkner J, McEwan JC, Van Tassel CP, Cole JB, Silva MVGB, Queiroz SA, Sonstegard TS, Garcia JF (2014) Accuracy of genomic predictions in *Bos indicus* (Nelore) cattle. **Genetics Selection Evolution** 46:1-17.

Kaiser HF (1960) The application of electronic computers to factor analysis. **Educational and Psychological Measurement** 20:141-151.

Koury Filho W, Albuquerque LG, Forni S, Silva JAIV, Yokoo MJ, Alencar MM (2010) Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia** 39:1015-1022.

Paterno FM, Buzanskas ME, Koury Filho W, Lôbo RB, Queiroz SA (2017) Evaluation of body weight and visual scores for genetic improvement of Nelore cattle. **Tropical Animal Health and Production** 49:467-473.

Pearson K (1901) On lines and planes of closest fit to systems of points in space. **Philosophical Magazine**, Series 6, 2, p.559-572.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2017. Disponível em: <<https://www.R-project.org>>. Acesso em: 15 jun. 2017.

Roso VM, Schenkel FS (2006) AMC – a computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. **8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**. Belo Horizonte, MG. V. 34. 2006.

Santos GCJ, Lopes FB, Marques EG, Silva MC, Cavalcante TV, Ferreira JL (2012) Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos Nelore da região norte do Brasil. **Acta Scientiarum. Animal Sciences** 34:97-101.

Smith BJ (2005) Bayesian Output Analysis program (BOA) version 1.1 user's manual. 43p. Disponível em: <[http://www. publichealth.uiowa.edu/boa/BOA.pdf](http://www.publichealth.uiowa.edu/boa/BOA.pdf)> Acesso em: 08 dez. 2017.

Siegel S (1975) **Estatística não-paramétrica para ciências do comportamento**. São Paulo: McGraw-Hill do Brasil.

Silva RM, Souza JC, Silva LOC, Silveira MV, Freitas JA, Marçal MF (2013) Parâmetros e tendências genéticas para pesos de várias idades em bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal** 14:21-28.

Toral FLB, Silva LOC, Martins EN, Gondo A, Simonelli SM (2004) Interação Genótipo x Ambiente em Características de Crescimento de Bovinos da Raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia** 33:1445-1455.

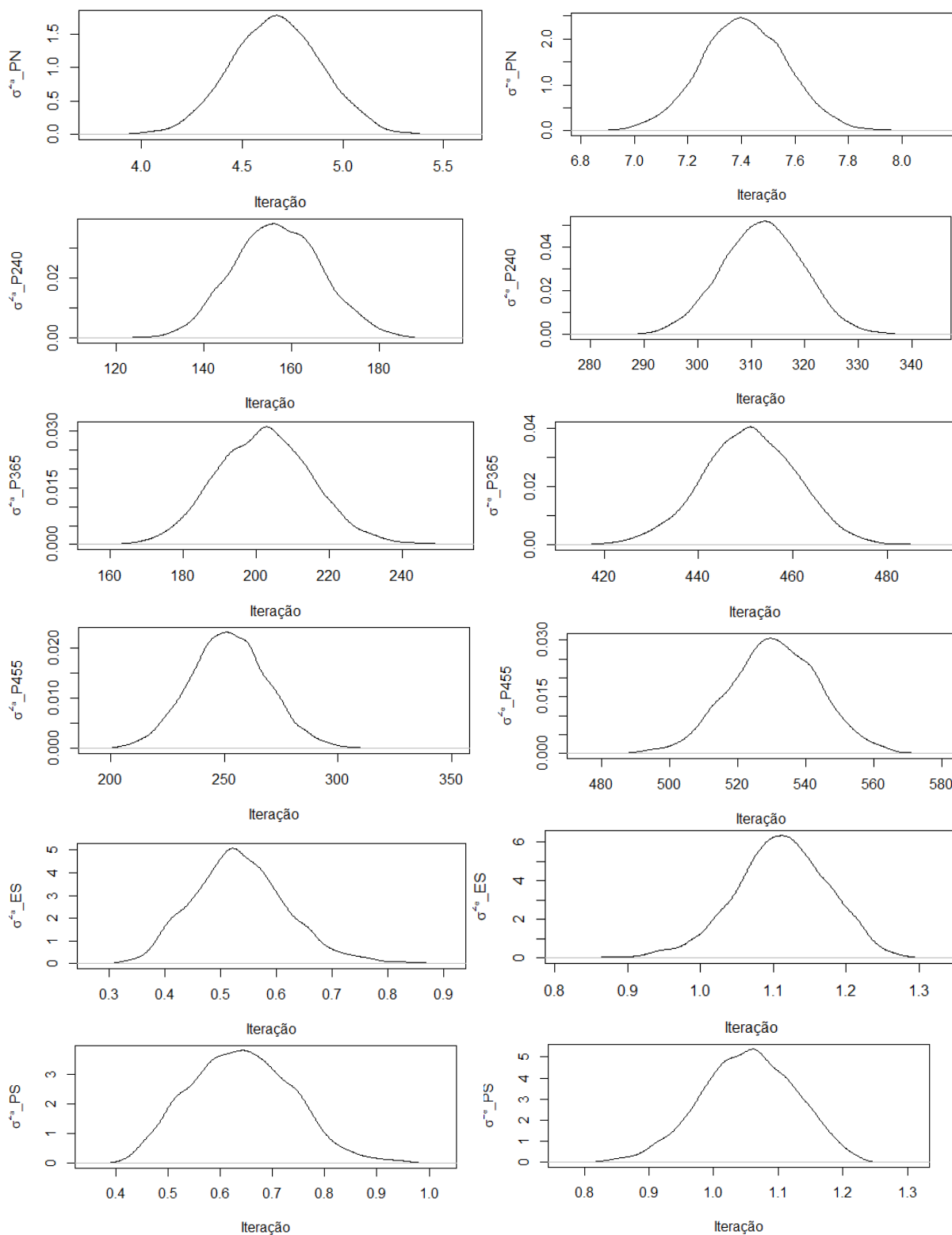
Van Melis MH, Eler JP, Silva JAIV, Ferraz JBS (2003) Estimação de Parâmetros Genéticos em Bovinos de Corte Utilizando os Métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e1. **Revista Brasileira de Zootecnia** 32:1624-1632.

Veerkamp RF, Mulder HA, Thompson R, Calus MPL (2011) Genomic and pedigree-based genetic parameters for scarcely recorded traits when some animals are genotyped. **Journal Dairy Science** 94:4189-4197.

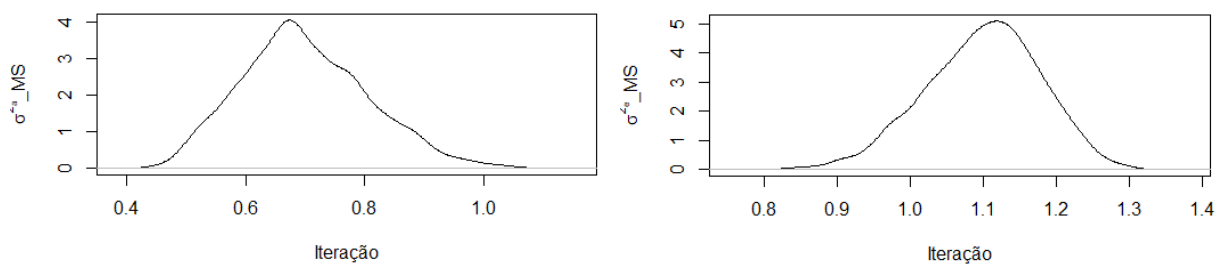
Yoshida GM, Carneiro R, Rodríguez FH, Lhorente JP, Yañez JM (2018) Single-step genomic evaluation improves accuracy of breeding value predictions for resistance to infectious pancreatic necrosis virus in rainbow trout. **Genomics**. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2018.01.008>>. Acesso em: agosto/2018.

Zuin RG, Buzanskas ME, Caetano SL, Venturini GC, Guidolin DGF, Grossi DA, Chud TCS, Paz CCP, Lôbo RB (2012) Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. **Meat Science** 91:352-357.

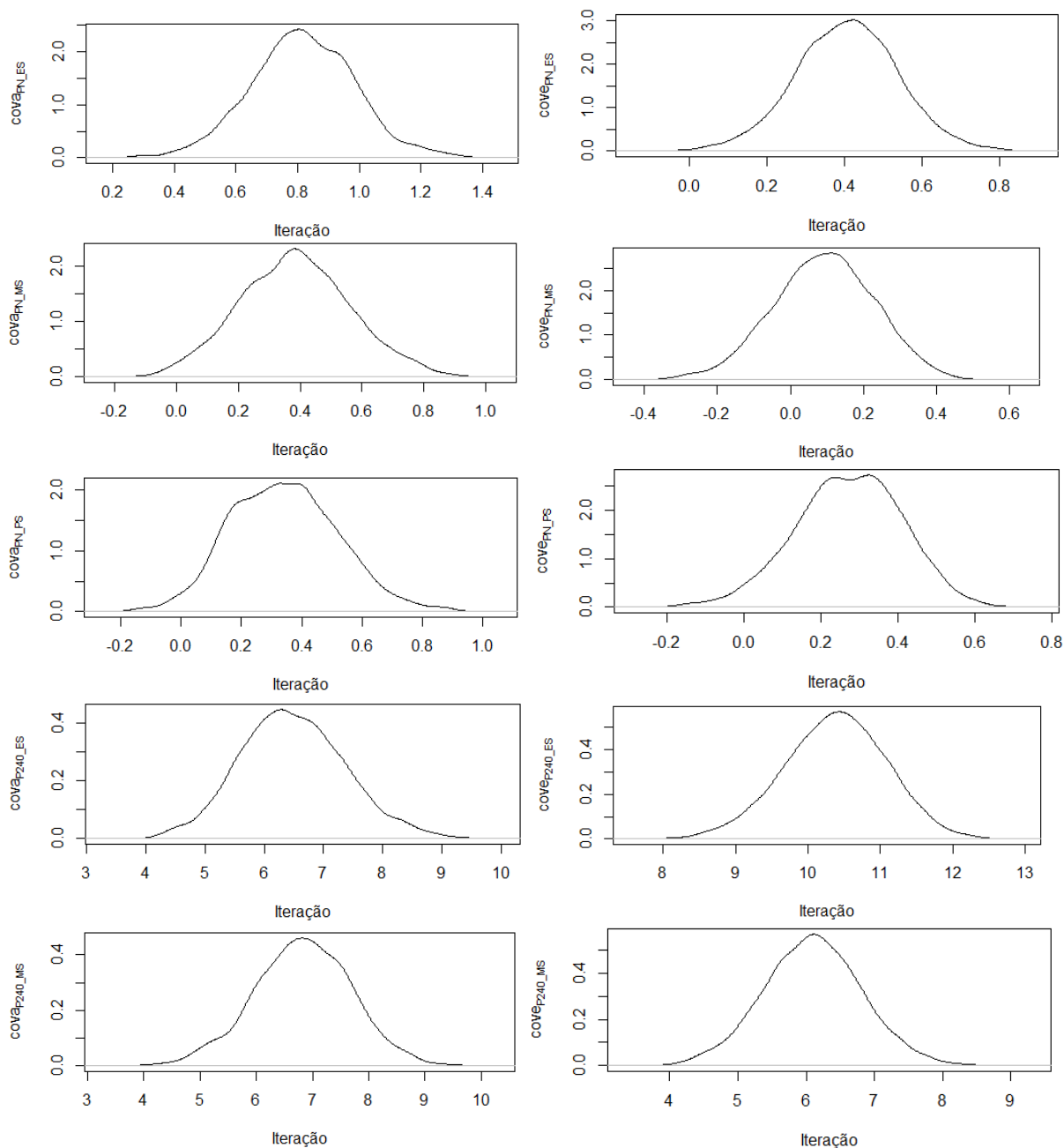
## APÊNDICES



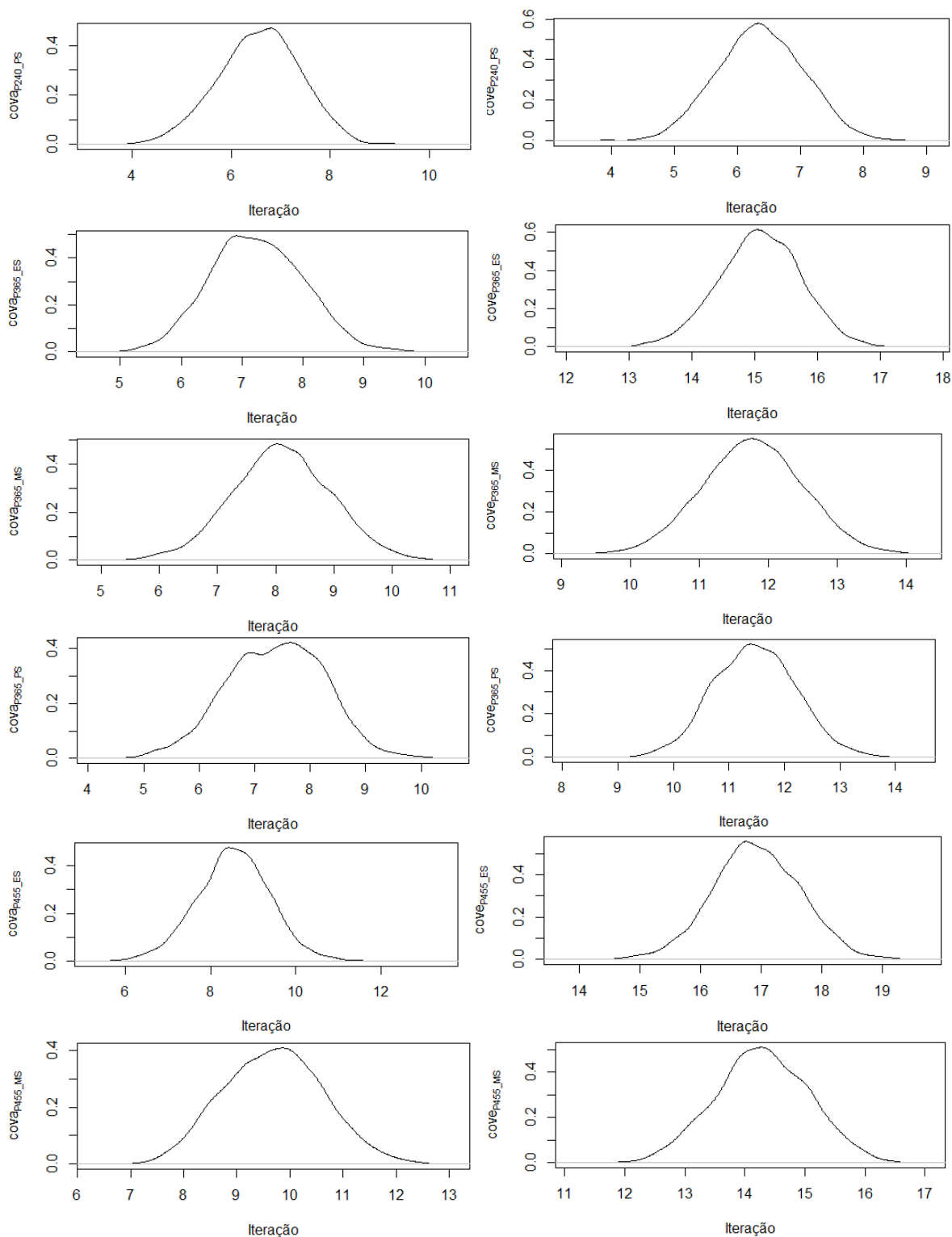
Apêndice 1. Densidade *a posteriori* das estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ) e variância genética residual ( $\sigma^2_e$ ) em análise multicaracterística para os pesos corporais ao nascer (PN), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade e escore corporal de estrutura (ES) e precocidade (OS) por metodologia bayesiana.



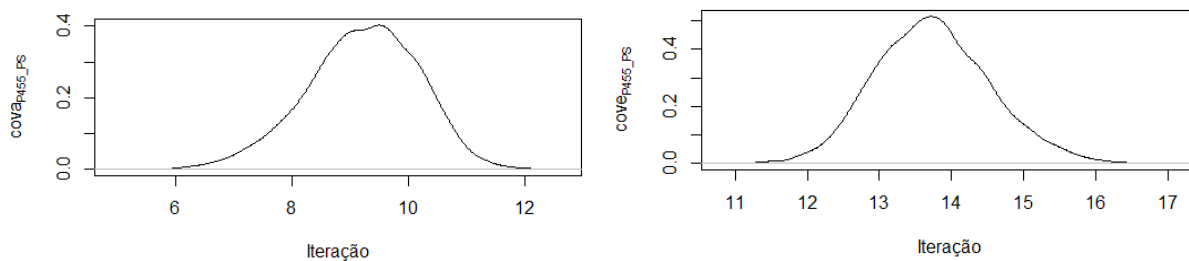
Apêndice 2. Densidade *a posteriori* das estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ) e variância genética residual ( $\sigma^2_e$ ) em análise multicaracterística para o escore corporal de musculatura (MS) por metodologia bayesiana.



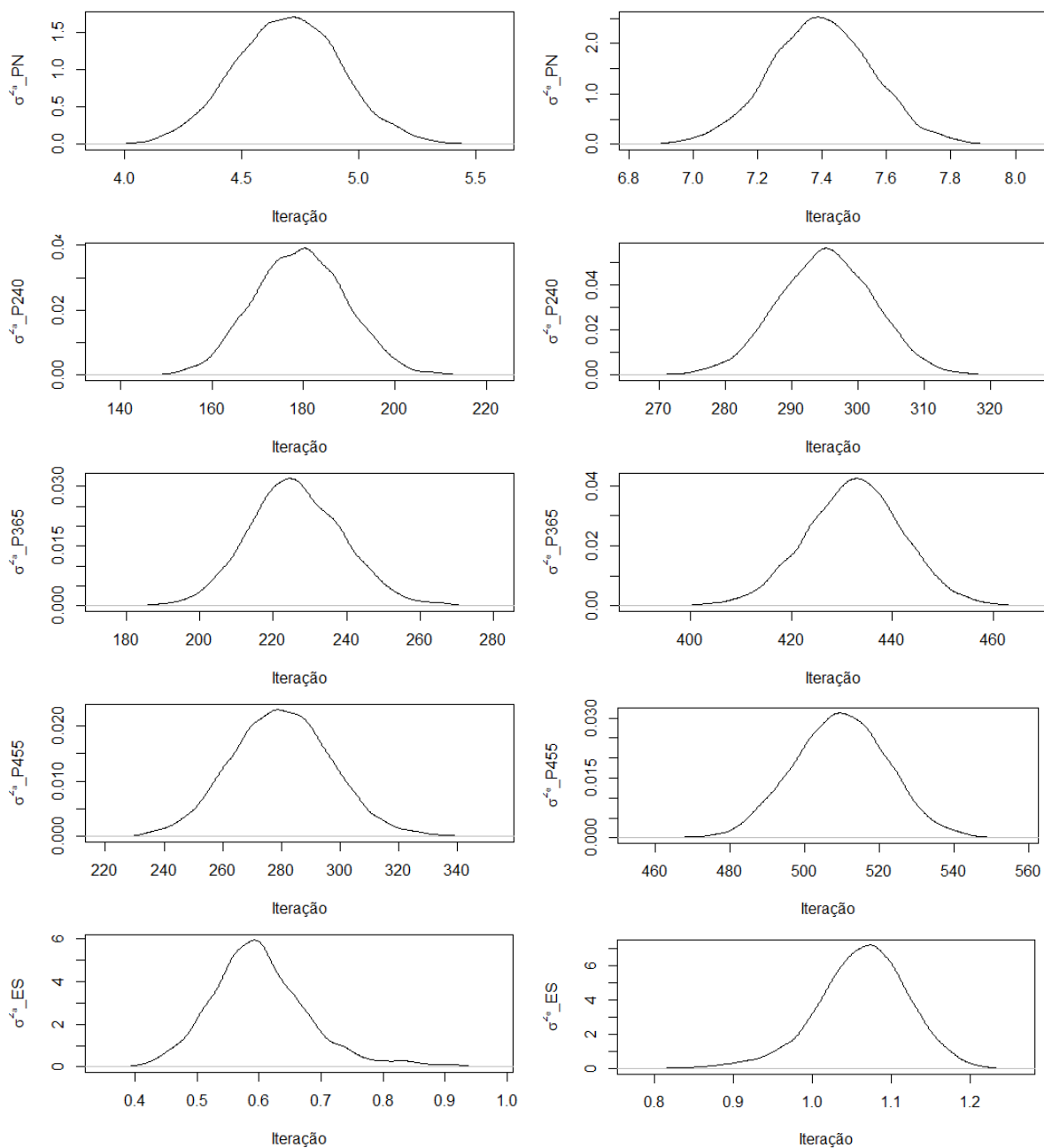
Apêndice 3. Densidade *a posteriori* das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística entre peso ao nascer (PN) e peso aos 210 dias (P210) e escores visuais (ES, OS e MS) por metodologia bayesiana.



Apêndice 4. Densidade *a posteriori* das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística entre peso aos 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias e escores visuais (ES, OS e MS) por metodologia bayesiana.

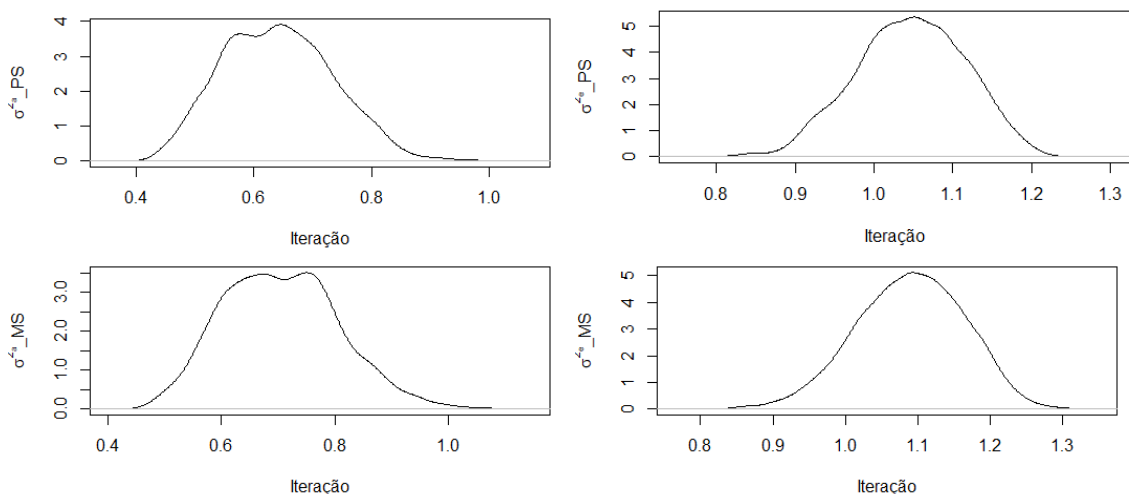


Apêndice 5. Densidade *a posteriori* das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística entre peso aos 450 (P450) dias e escores visuais (ES, OS e MS) por metodologia bayesiana.

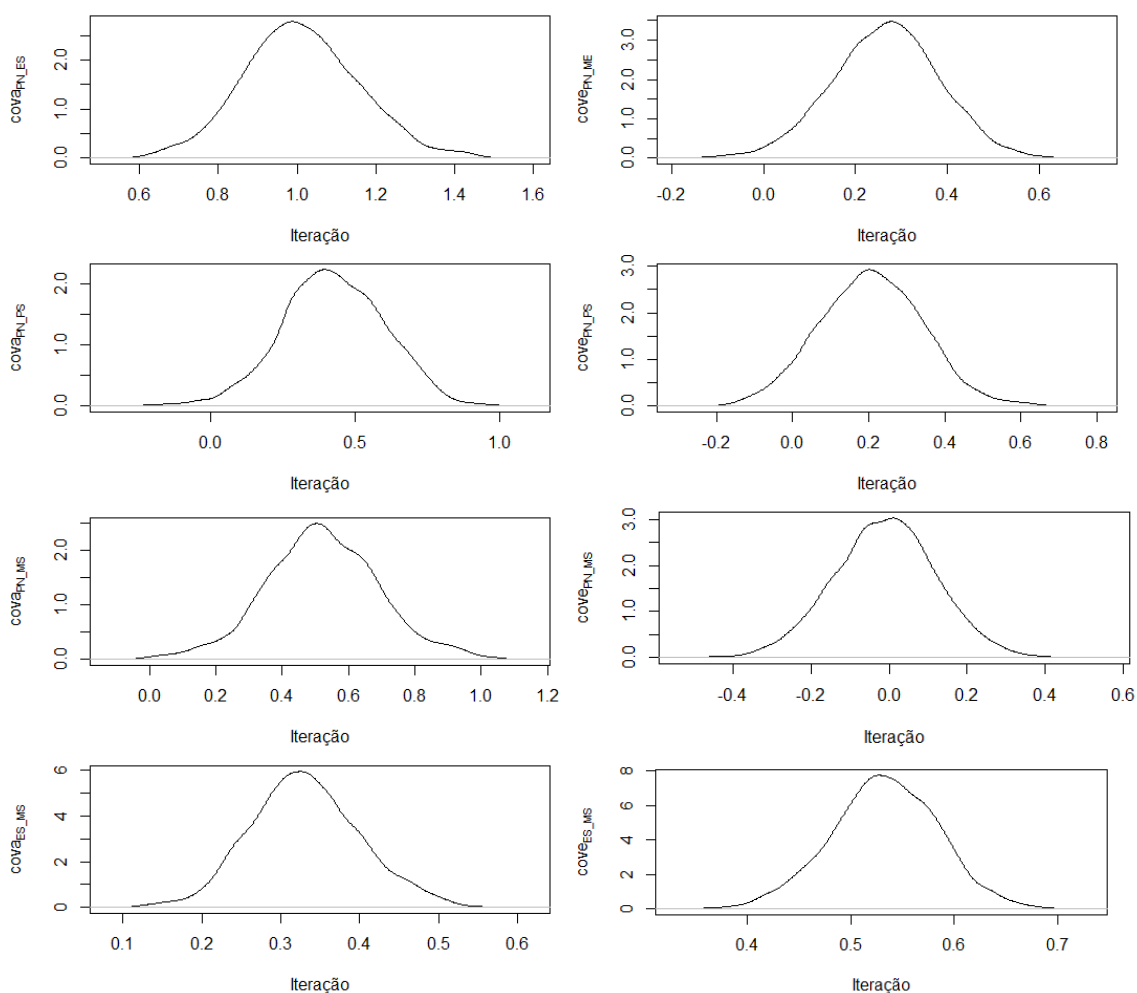


Apêndice 6. Densidade *a posteriori* das estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ) e variância genética residual ( $\sigma^2_e$ ) em análise multicaracterística para PN, P210, P365 e P450 dias de idade e escore corporal de estrutura (ES) por ssGBLUP.

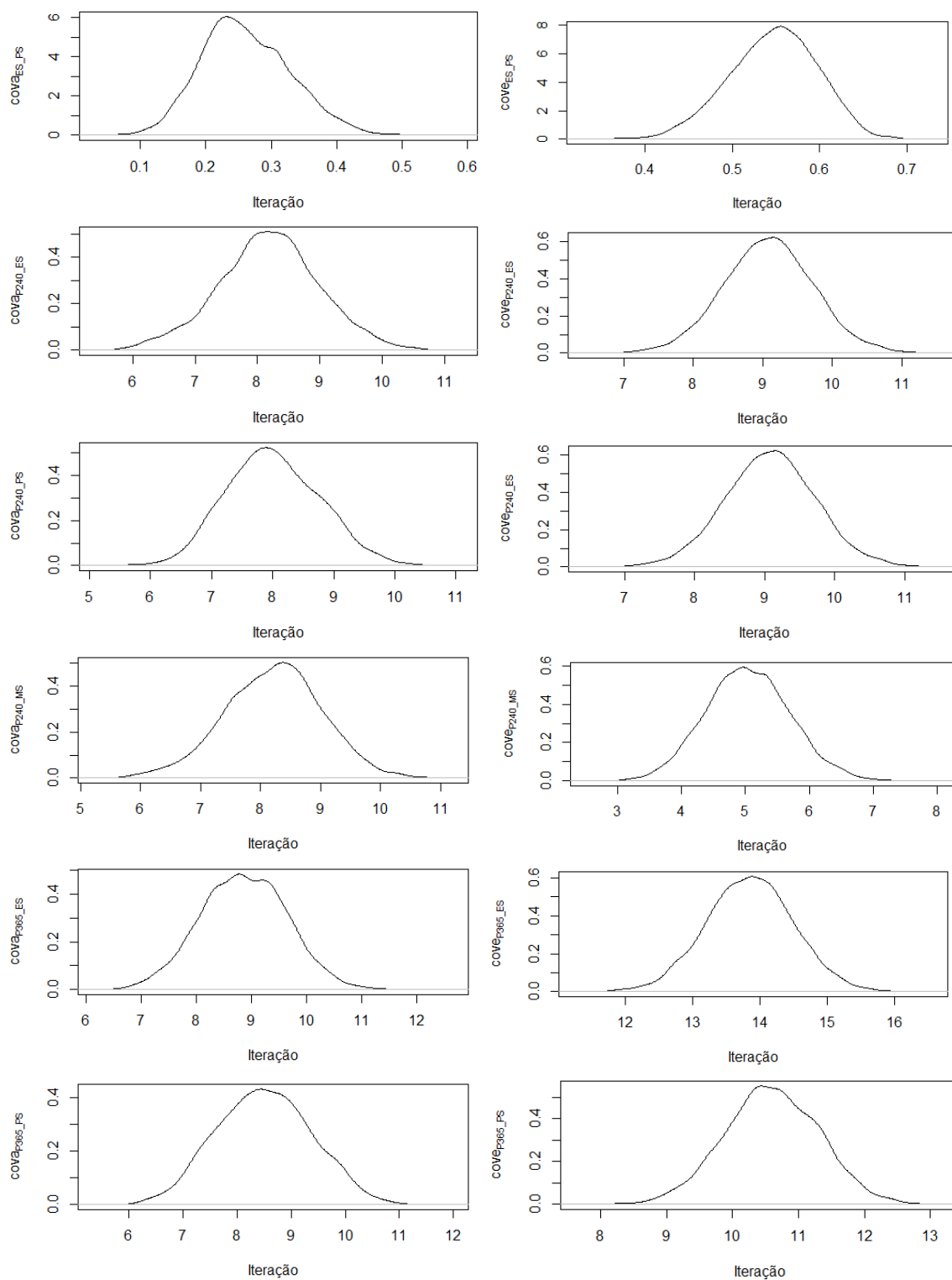




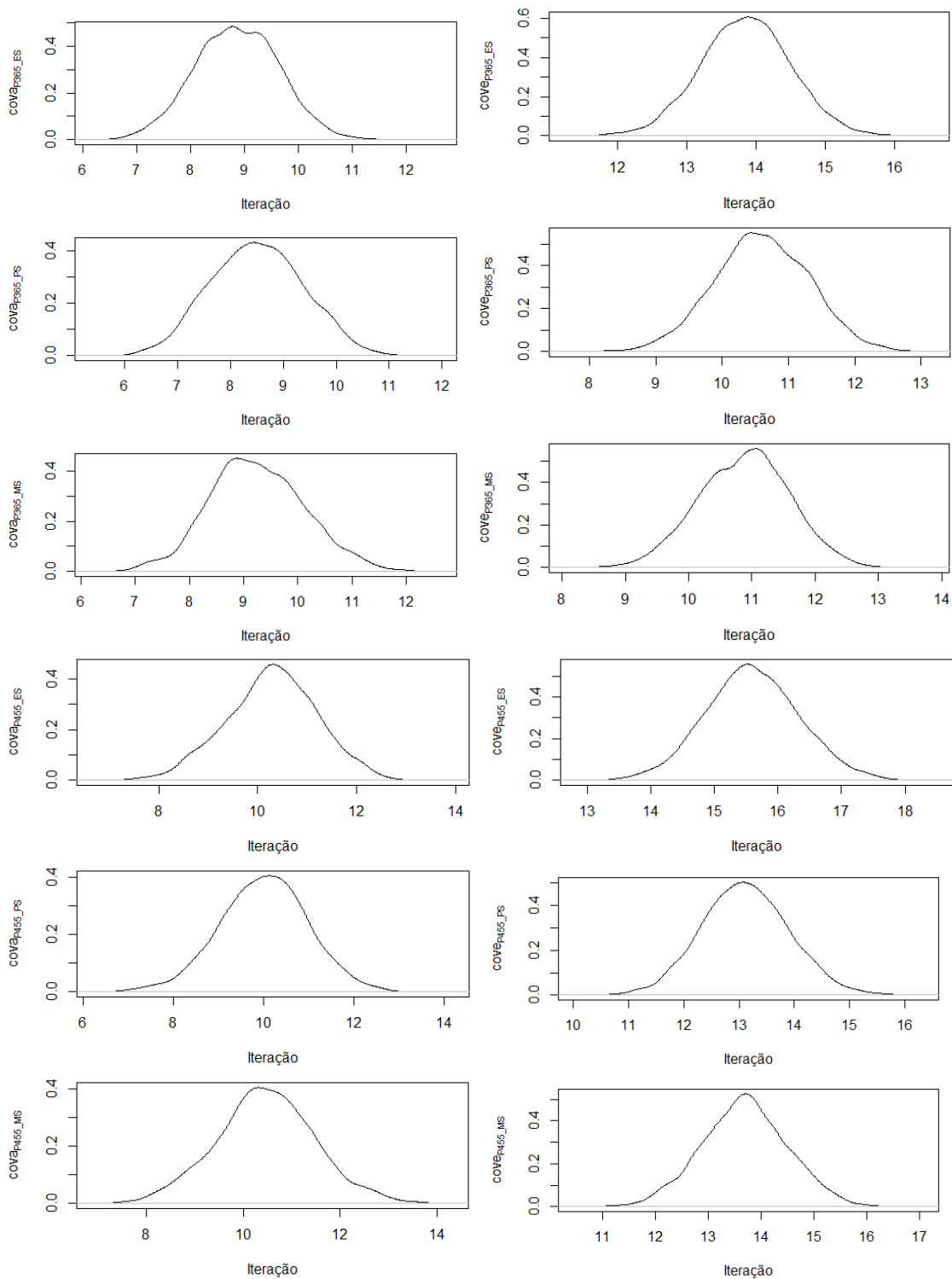
Apêndice 7. Densidade *a posteriori* das estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ) e variância genética residual ( $\sigma^2_e$ ) em análise multicaracterística para escore corporal de precocidade (PS) e musculosidade (MS) por *ssGBLUP*.



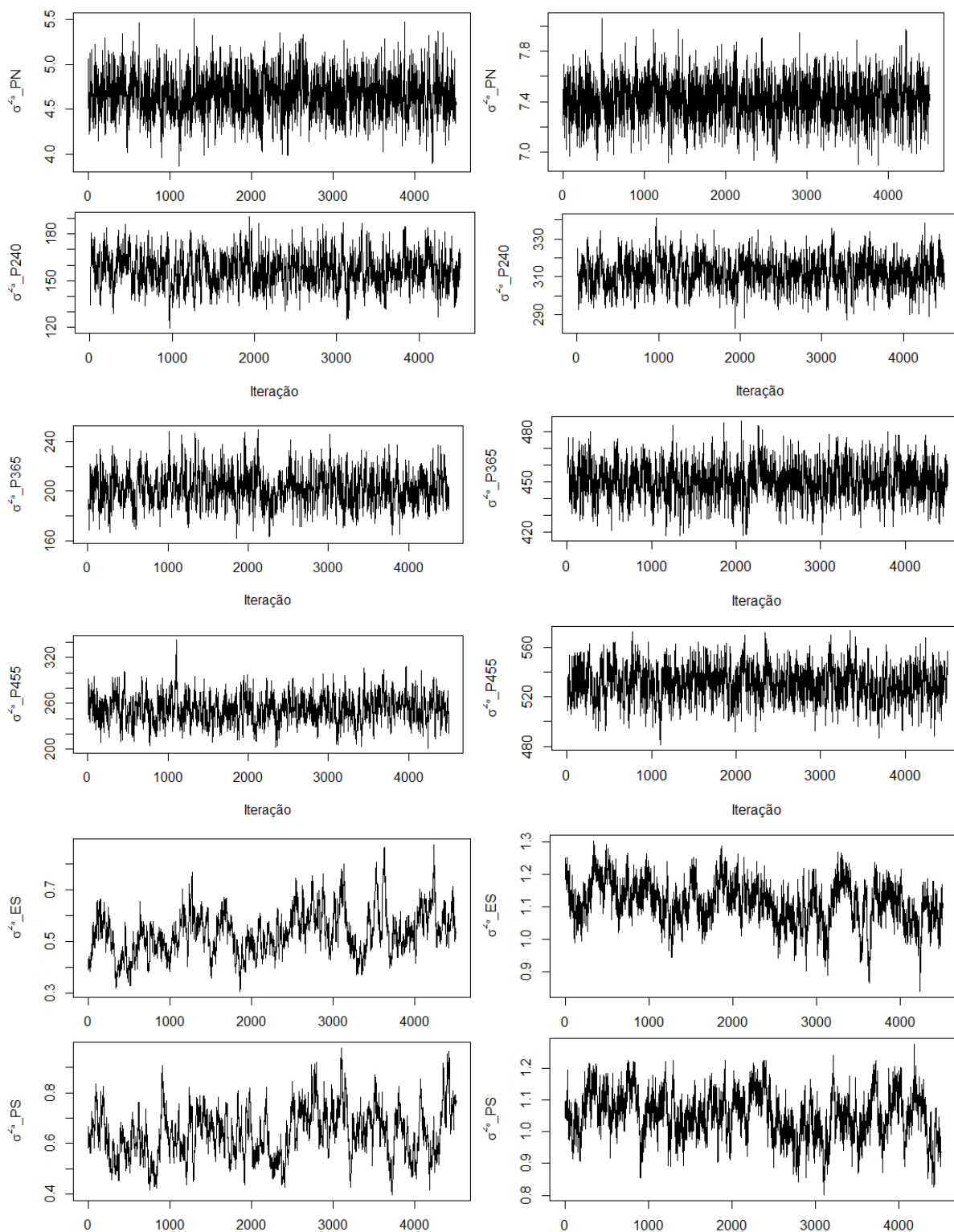
Apêndice 8. Densidade *a posteriori* das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística entre peso ao nascer (PN) escores visuais (ES, OS e MS) por *ssGBLUP*.



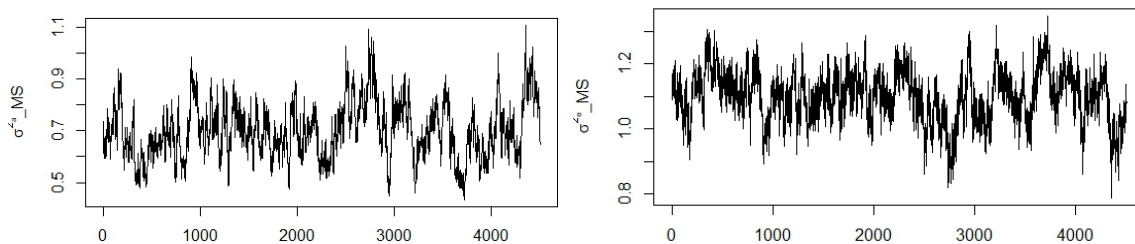
Apêndice 9. Densidade *a posteriori* das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística entre peso aos 210 (P210) e 365 (P365) dias de idade escores visuais (ES, OS e MS) por *ssGBLUP*.



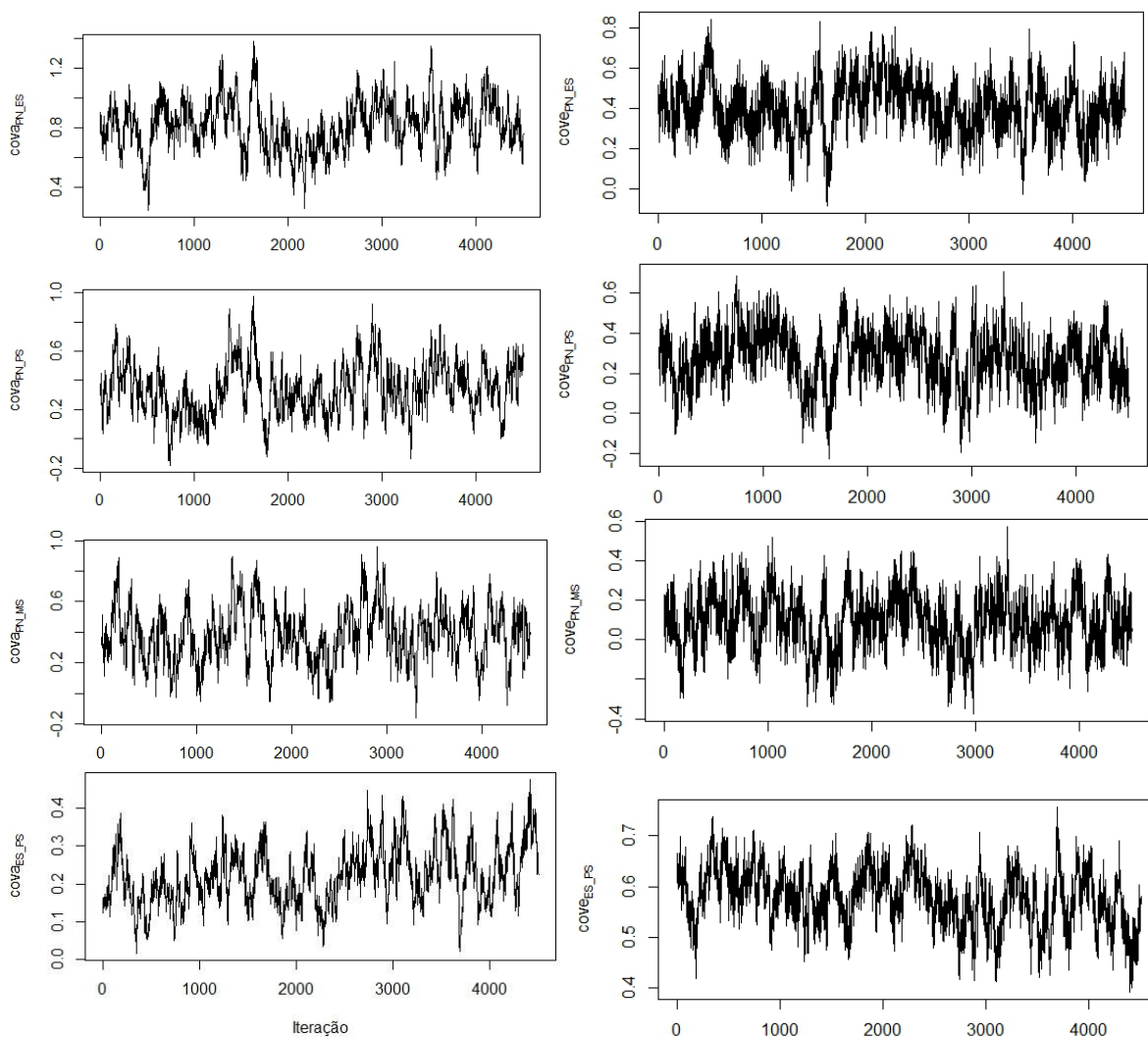
Apêndice 10. Densidade *a posteriori* das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística entre peso aos 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade escores visuais (ES, OS e MS) por *ssGBLUP*.



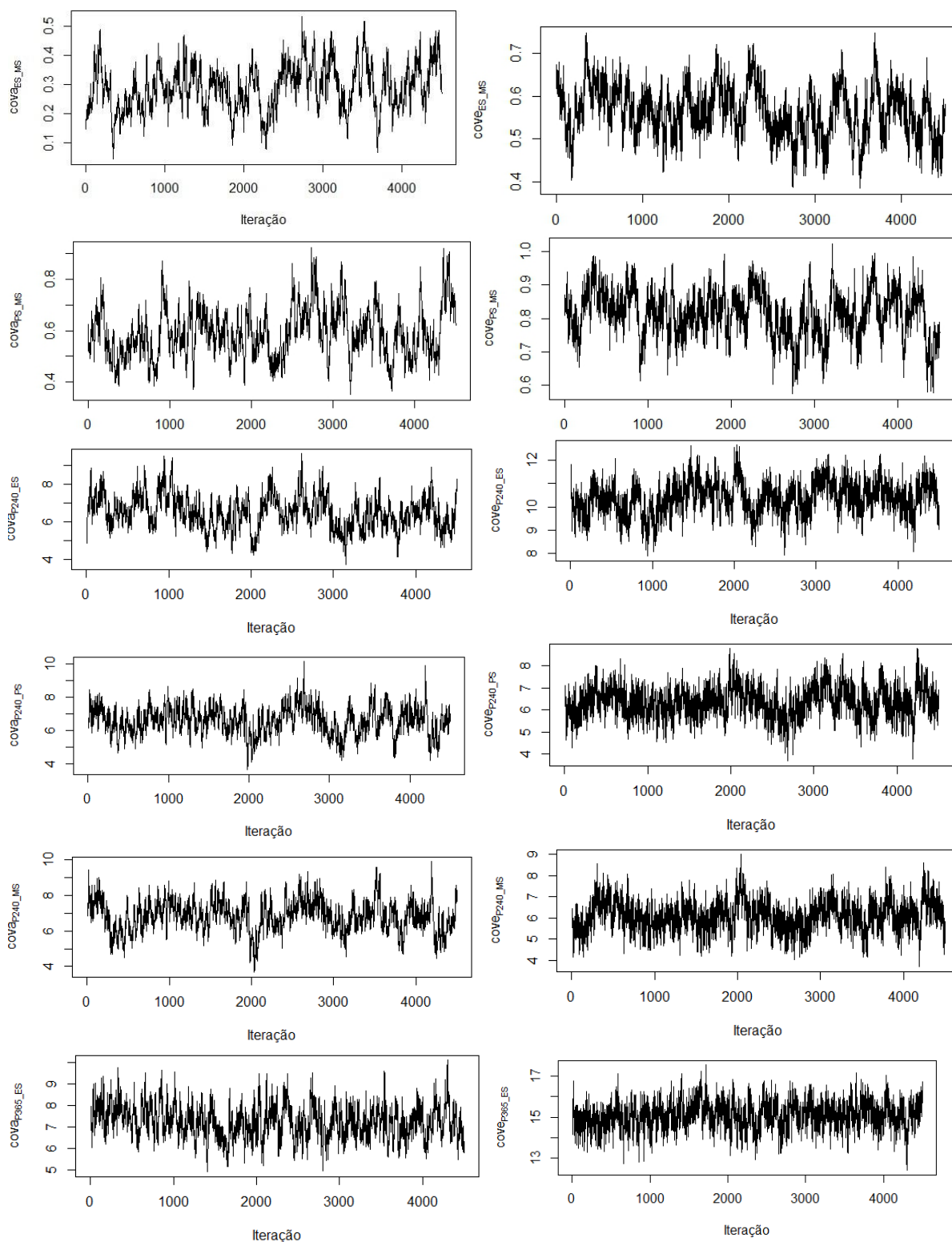
Apêndice 11. Trajetória das cadeias das estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ) e variância genética residual ( $\sigma^2_e$ ) em análise multicaracterística para peso ao nascer (PN), aos 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade e escore corporal de estrutura (ES) e precocidade (PS) por metodologia bayesiana.



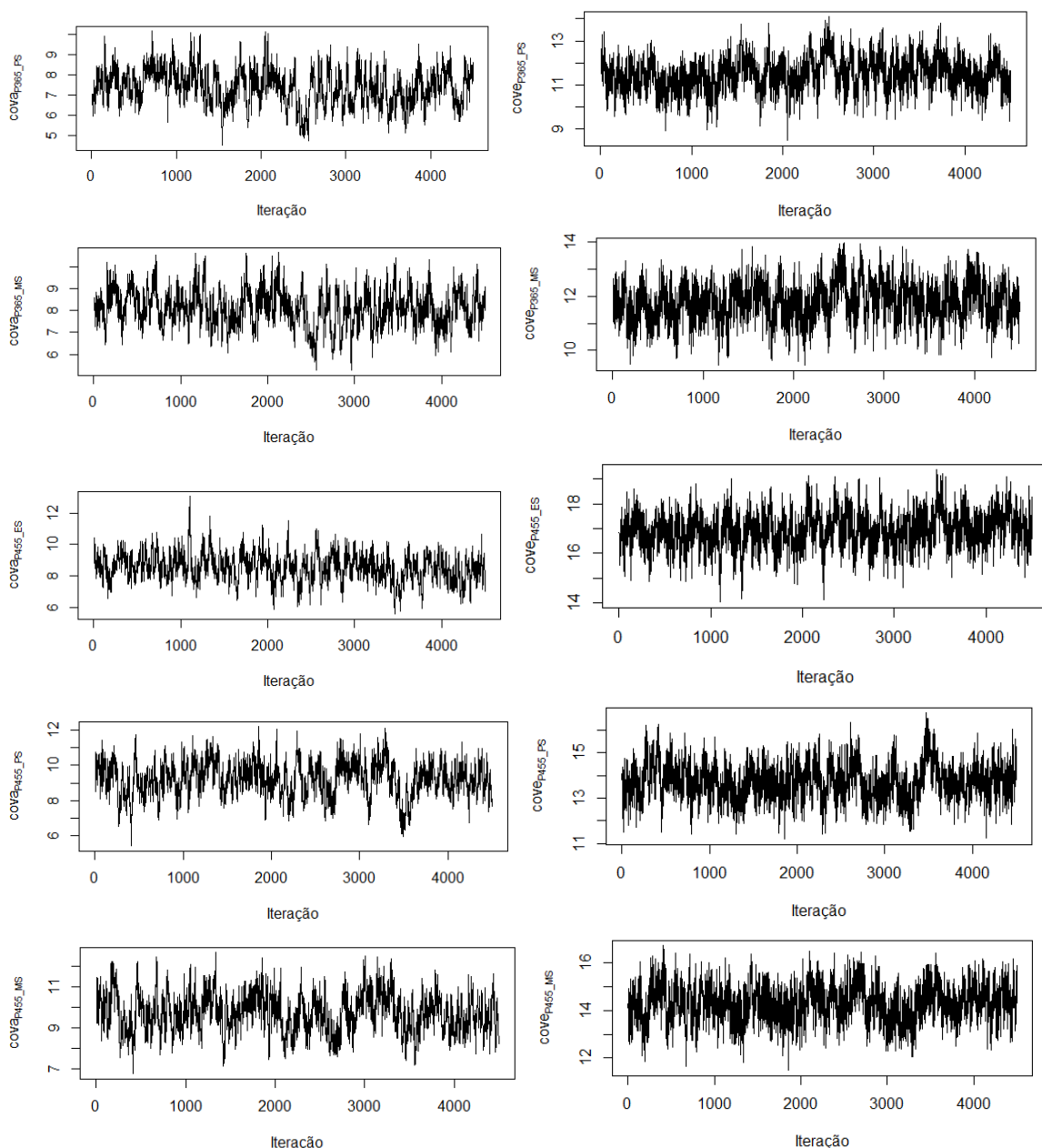
Apêndice 12. Trajetória das cadeias das estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ) e variância genética residual ( $\sigma^2_e$ ) em análise multicaracterística para escore corporal de musculosidade (MS) por metodologia bayesiana.



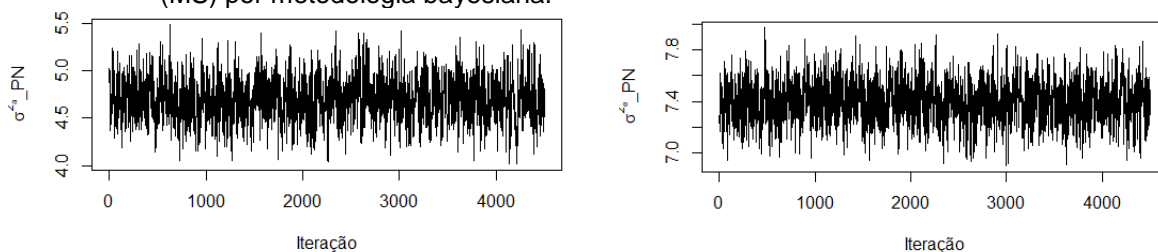
Apêndice 13. Trajetória das cadeias das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística para peso ao nascer (PN), e escore corporal de estrutura (ES) e precocidade (PS) e musculosidade (MS) por metodologia bayesiana.



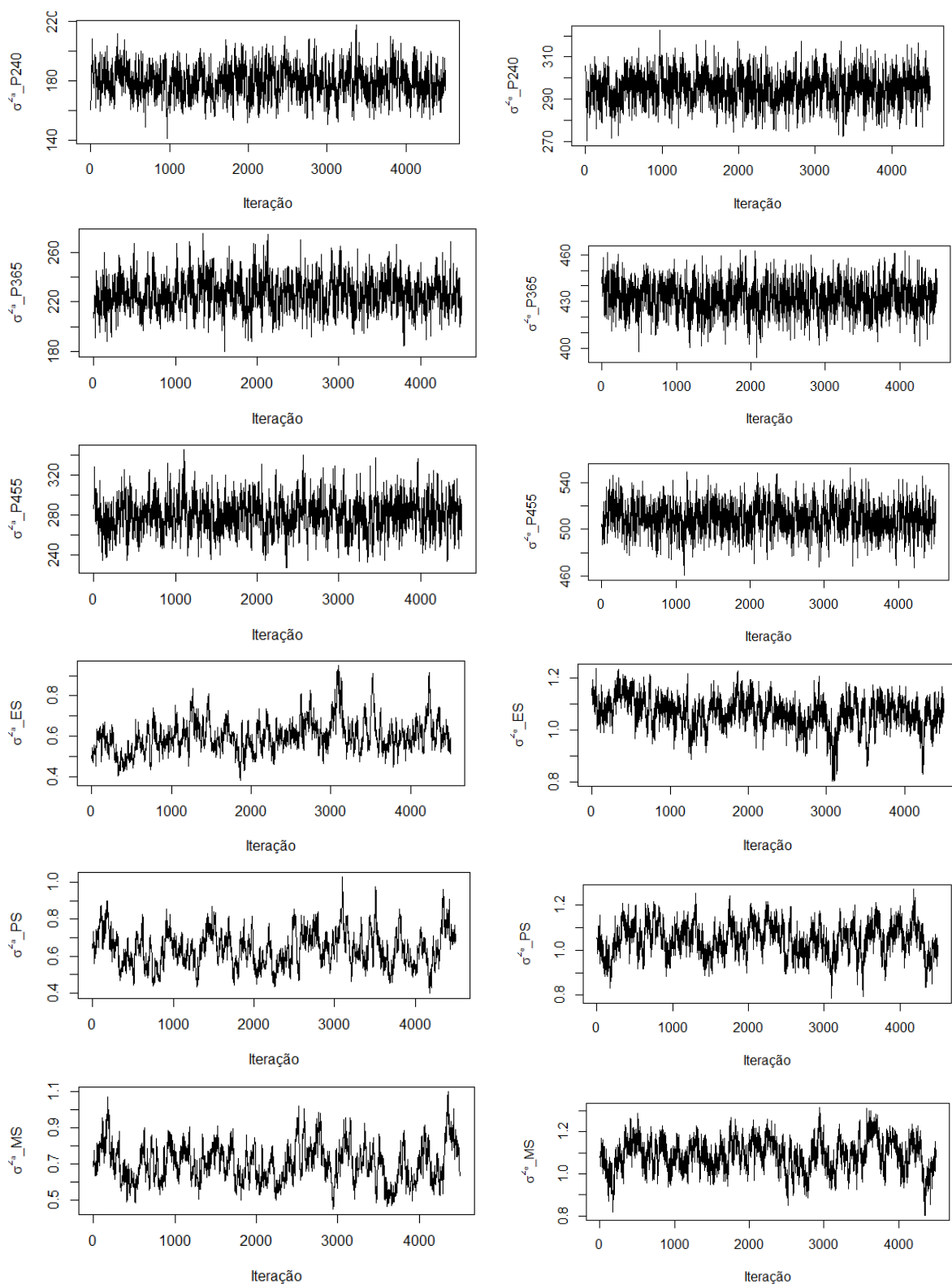
Apêndice 14. Trajetória das cadeias das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística para peso aos 210 (P210) e 365 (P365) dias de idade e escore corporal de estrutura (ES) e precocidade (PS) e musculabilidade (MS) por metodologia bayesiana.



Apêndice 15. Trajetória das cadeias das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística para peso aos 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade e escore corporal de estrutura (ES) e precocidade (PS) e musculosidade (MS) por metodologia bayesiana.

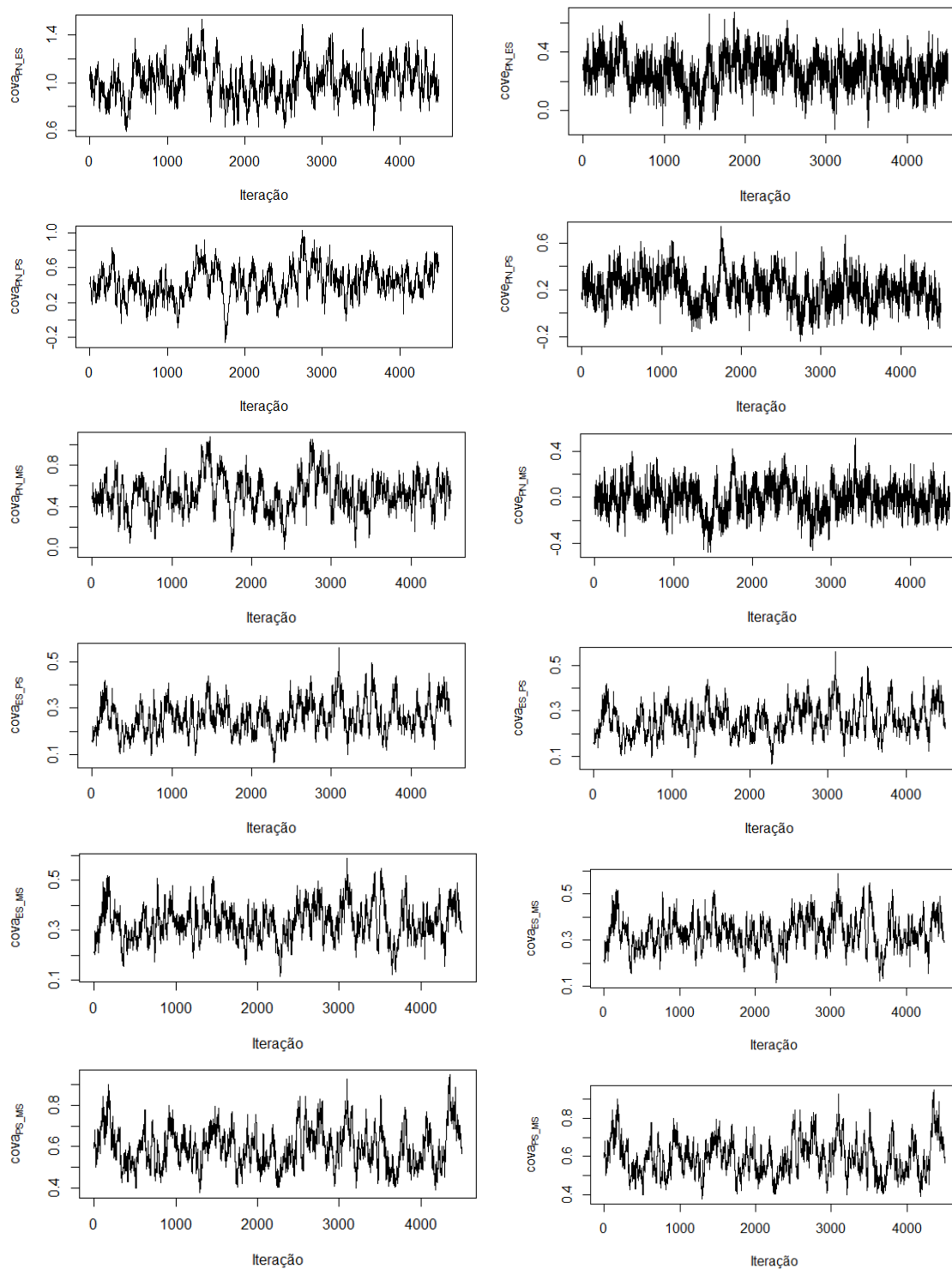


Apêndice 16. Trajetória das cadeias das estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ) e variância genética residual ( $\sigma^2_e$ ) em análise multicaracterística para peso ao nascer (PN) por *ssGBLUP*.

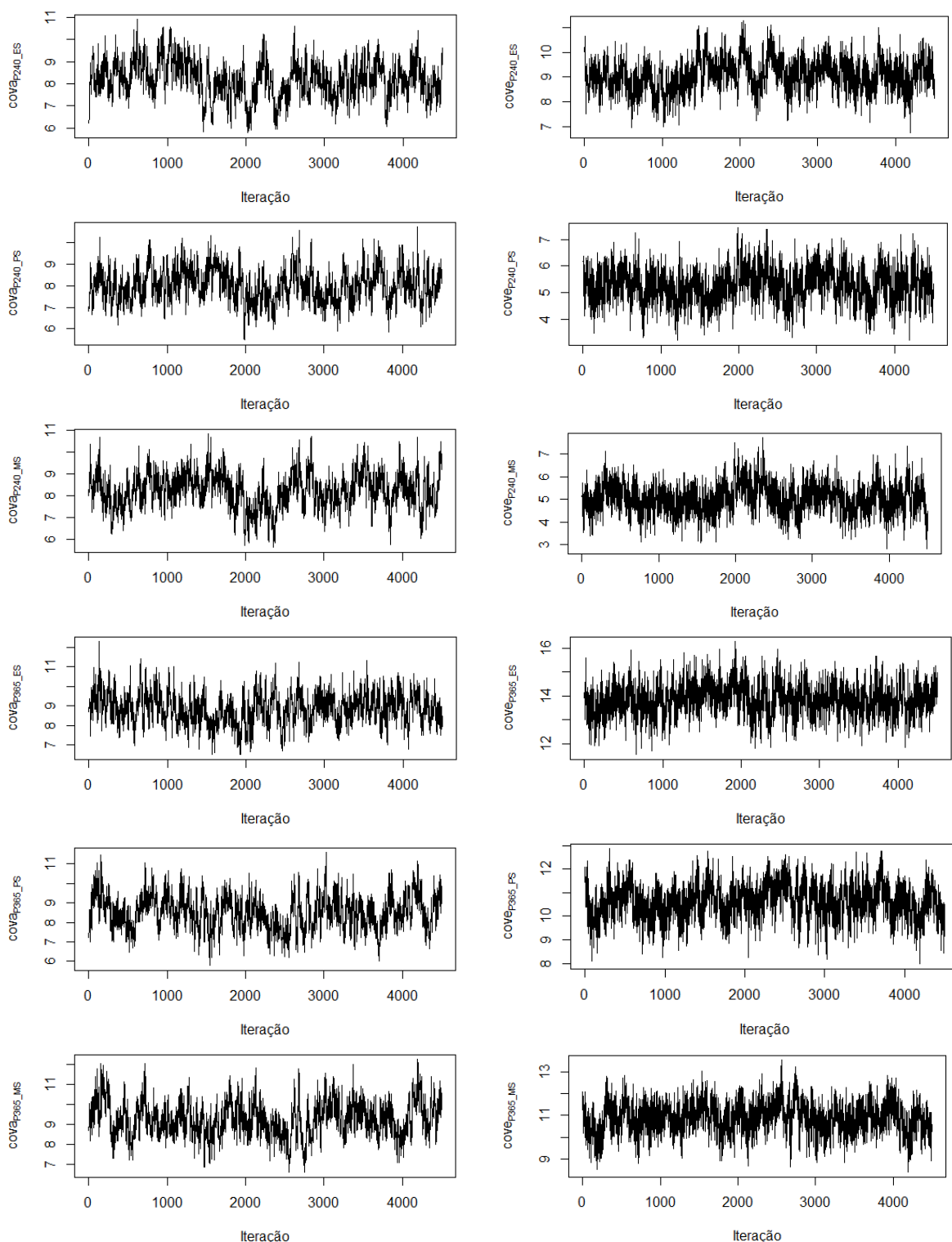


Apêndice 17. Trajetória das cadeias das estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ) e variância genética residual ( $\sigma^2_e$ ) em análise multicaracterística para peso aos 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade e escore corporal de estrutura (ES) e precocidade (PS) e musculosidade (MS) por metodologia *ssGBLUP*.

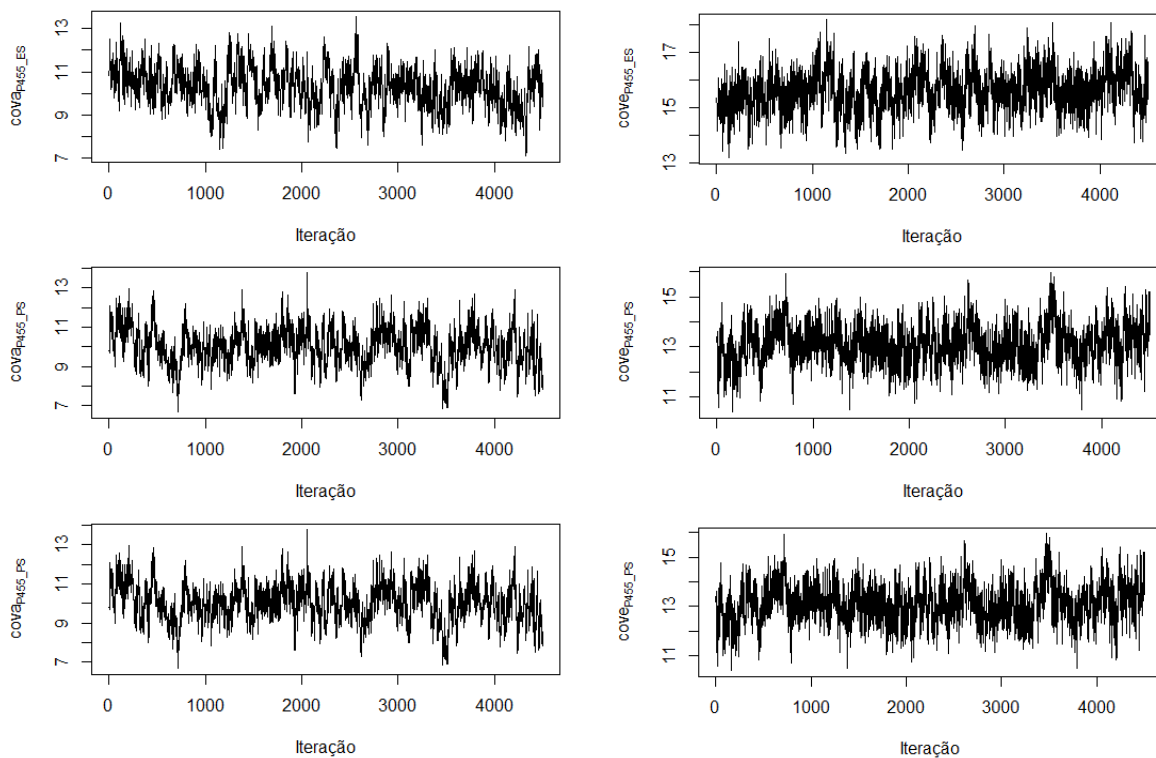




Apêndice 18. Trajetória das cadeias das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística para peso ao nascer (PN) e escore corporal de estrutura (ES) e precocidade (PS) e musculosidade (MS) por *ssGBLUP*.



Apêndice 19. Trajetória das cadeias das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística para peso ao peso aos 210 (P210) e 365 (P365) dias de idade e escore corporal de estrutura (ES) e precocidade (PS) e musculosidade (MS) por *ssGBLUP*.



Apêndice 20. Trajetória das cadeias das estimativas de covariância genética aditiva e covariância genética residual em análise multicaracterística para peso ao peso aos 450 (P450) dias de idade e escore corporal de estrutura (ES) e precocidade (PS) e musculosidade (MS) por *ssGBLUP*.