

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA
ESCORES VISUAIS E CARACTERÍSTICAS DE
CRESCIMENTO NA RAÇA NELORE**

Luis Orlando Duitama Carreño
Zootecnista

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL

2011

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA
ESCORES VISUAIS E CARACTERÍSTICAS DE
CRESCIMENTO NA RAÇA NELORE**

Luis Orlando Duitama Carreño

Orientador: Prof. Dr. Ricardo da Fonseca

Co-Orientador: Dr. Cecilio Viegas Soares Filho

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.

JABOTICABAL – SP

Fevereiro de 2011

D875e Duitama, Luis Orlando
Estimativas de parâmetros genéticos para escores visuais e características de crescimento na raça Nelore / Luis Orlando Duitama Carreño. -- Jaboticabal, 2011
xi, 59 f. : il. ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2011
Orientador: Ricardo da Fonseca
Co-orientador: Cecilio Viegas Soares Filho
Banca examinadora: Lenira el Faro Zadra, Danisio Prado Munari
Bibliografia

1. Parâmetros genéticos. 2. Gado de corte. 3. Prova ganho de peso. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.2:636.082

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

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

LUIS ORLANDO DUITAMA CARREÑO – nascido em 08 de fevereiro de 1982, na cidade de Bogotá – Colômbia, filho de Luis Alberto Duitama e Ana Isabel Carreño. Iniciou em fevereiro de 2000 o curso de graduação em Zootecnia na Universidad Nacional de Colômbia, obtendo o título de Zootecnista em Agosto de 2005. Em março de 2009 ingressou no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Campus de Jaboticabal – SP, como bolsista do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, CNPq, obtendo o grau de mestre em Fevereiro de 2011, sob orientação da Prof. Dr. Ricardo da Fonseca.

"É melhor tentar e falhar, que preocupar-se e ver a vida passar; é melhor tentar, ainda que em vão, que sentar-se fazendo nada até o final. Eu prefiro na chuva caminhar, que em dias tristes em casa me esconder. Prefiro ser feliz, embora louco, que em conformidade viver...".

Martin Luther King

*Aos meus pais, Ana Isabel e Luis Alberto pelo amor e apoio
Aos meus irmãos, Milena, Omar, Teresa e Cecilia pelo incentivo e carinho
A todos meus familiares pelo apoio*

Dedico e Ofereço

AGRADECIMENTOS

À Deus, que me concedeu a vida e a oportunidade para a realização de grandes sonhos.

Aos meus pais, pela educação, amor e exemplo de vida.

Aos meus irmãos, Milena, Omar, Joaquin e Teresa pela amizade e ótimos momentos de convivência.

A minha Namorada e amiga, Llerme pelo apoio incondicional e amor.

Ao professor Dr. Ricardo da Fonseca, pela oportunidade, valiosas sugestões, orientação, amizade e exemplo de profissionalismo.

À professora Dra. Lúcia Galvão de Albuquerque, pela ajuda no decorrer do trabalho e na consecução do banco de dados.

Ao professor Dr. Humberto Tonhati, pelo apoio e ajuda no decorrer do mestrado.

Ao Dr. Carlos Henrique e à Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) pela concessão das informações utilizadas nesse trabalho.

Aos membros da banca examinadora, Dr. Danísio Prado Munari e Dra. Lenira El Faro, pela disponibilidade e valiosas sugestões que contribuíram para aprimorar este trabalho.

À UNESP e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal, pela oportunidade de crescimento científico que me proporcionaram.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, CNPq, pelo apoio financeiro.

Aos amigos do laboratório e colegas de Pós-graduação, Adam, Rafael, Michele, Tassia, Michel, Diogo, Matilde, Raul, Daniel e Francisco, pela convivência, amizade e aprendizado, e também por transformarem o ambiente de trabalho em um local excelente.

Aos meus compatriotas que moram em Jaboticabal, Luis, Javier, Mario, Enrique, Natalia, Diana, Juana e Veronica pelo apoio nos momentos difíceis

À todos que contribuíram de forma direta ou indireta para a realização deste trabalho, obrigado.

“Não existe vento favorável a quem não sabe onde deseja ir”

Arthur Schopenhauer

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1- CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
Objetivos.....	2
Revisão de Literatura	2
Metodologias para avaliação de escores visuais.....	5
Metodologias para estimação de parâmetros genéticos	6
Parâmetros genéticos para escores visuais	8
Correlação genética entre os escores visuais e outras características.	10
Referências Bibliográficas	16
CAPÍTULO 2- ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA ESCORES VISUAIS E CARACTERÍSTICAS DE DESENVOLVIMENTO PONDERAL NA RAÇA NELORE.	23
Introdução	24
Material e Métodos.....	25
Resultados e Discussão	29
Conclusões.....	38
Referências Bibliográficas	38
CAPÍTULO 3- USO DE MODELOS LINEARES MISTOS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ESCORES VISUAIS: ESTUDO DE SIMULAÇÃO.	43
Introdução	44
Material e Métodos.....	45
Resultados e Discussão	51
Conclusão.....	54
Referências Bibliográficas	54
Anexo 1: Implementação simulação em linguagem R	57

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA ESCORES VISUAIS E CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA NELORE

RESUMO-: O presente trabalho teve dois objetivos. O primeiro foi estimar componentes de (co) variância e parâmetros genéticos dos escores visuais (Estrutura, Precocidade de acabamento e Musculosidade), com características de crescimento, como o peso aos 18 meses, ganho de peso diário e perímetro escrotal na raça Nelore. O segundo foi avaliar a aplicação dos modelos lineares mistos na estimação de parâmetros e predição de valores genéticos, para escores visuais, utilizando dados simulados. Para atingir o primeiro objetivo, foi usada uma base de dados com registros de 7256 machos, participantes de provas de ganho de peso. As estimativas dos componentes de (co) variância foram obtidas usando o método de Máxima Verossimilhança Restrita, com modelo animal. Os efeitos fixos de grupo contemporâneo, idade e peso como covariável (efeito linear) e, o efeito genético aditivo, como aleatório, foram considerados no modelo. Os grupos de contemporâneos foram definidos por animais pertencentes a uma mesma prova de ganho de peso. As estimativas de herdabilidade e os erros padrões foram de 0,30 (0,04) para estrutura corporal; 0,37 (0,04) para precocidade e 0,32 (0,04) para musculosidade. As estimativas de correlações genéticas entre os escores visuais apresentaram-se altas, de 0,76 a 0,95, sendo a correlação entre a precocidade e musculosidade a que apresentou o maior valor. Estas correlações indicam que as características de escores visuais, são controladas, em grande parte, pelo mesmo grupo de genes. As estimativas de correlações genéticas entre os escores visuais e as características de ganho de peso diário, peso aos 18 meses e o perímetro escrotal, apresentaram uma tendência semelhante entre os escores, 0,45 a 0,50 entre os escores visuais e o ganho de peso diário; 0,80 a 0,83 entre os escores visuais e o peso aos 18 meses e -0,05 a -0,03 entre os escores visuais e o perímetro escrotal. As estimativas indicam que a seleção individual para estrutura, precocidade ou musculosidade trará mudanças genéticas no mesmo sentido para o ganho de peso diário e em maior medida para o peso aos 18 meses, entretanto não trará mudanças para o perímetro escrotal. Para o segundo

objetivo, foram simuladas populações com dois níveis de herdabilidade (0,1 e 0,4) e quatro níveis de conectabilidade entre os grupos contemporâneos (60, 38, 20 e 8 %), totalizando 8 cenários. As populações simuladas foram compostas por 3360 indivíduos, sendo que 2640 deles tinham medida para o escore visual de estrutura. Os escores foram atribuídos, simulando a metodologia usada pelos avaliadores, sendo que dentro de cada grupo contemporâneo, foram atribuídos os escores 1 até 6. Os critérios de avaliação foram o erro quadrático médio (EQM) para o valor de herdabilidade e, correlações de Spearman entre os valores genéticos verdadeiros e preditos. Os valores de herdabilidade estimados apresentaram-se próximos aos valores paramétricos, no entanto com subestimação média de 7%. As correlações de Spearman mostraram-se superiores para os cenários com herdabilidade de 0,4 e, menores para a herdabilidade de 0,1, indicando que a estimação de valores genéticos é mais complexa em populações com baixa herdabilidade. Os diferentes níveis de conectabilidade não afetaram a estimação da herdabilidade nem dos valores genéticos. A partir dos resultados obtidos pode-se concluir que a metodologia dos modelos lineares mistos apresenta-se adequada na avaliação dos escores visuais.

Palavras-chave: estrutura corporal, gado de corte, musculosidade, parâmetros genéticos, precocidade, prova ganho de peso, software R

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR VISUAL SCORES AND TRAITS OF GROWTH IN NELLORE

SUMMARY- This study had two objectives. The first was to estimate the (co)variance components and genetic parameters of the visual scores (Structure, precocity, and musculature), with growth traits, such as weight at 18 months, average weight gain and scrotal circumference in Nellore cattle. The second was to evaluate the application of linear mixed models in the parameter estimation and prediction of breeding values for visual scores, using simulated data. The first objective was achieved, using records of 7256 male participants in the evidence of weight gain. Estimates of covariance were obtained using the method of Restricted Maximum Likelihood with animal model. The fixed effects of contemporary group, age and weight like a covariate (linear) and the genetic effect like random, were considered in the model. Contemporary groups were defined by animals belonging to the same evidence of weight gain. Heritability estimates and standard errors were 0,30 (0,04) for body structure; 0,37 (0,04) for precocity and 0,32 (0,04) for musculature. Estimates of genetic correlation between visual scores showed up high, from 0,76 to 0,95, and the correlation between precocity and musculature that showed the highest value. These correlations indicate that the characteristics of visual scores are controlled largely by the same group of genes. Estimates of genetic correlations among visual score and average weight gain, weight at 18 months and scrotal circumference showed a similar trend between the scores, from 0,45 to 0,50 between visual scores and average weight gain; 0,80 to 0,83 between visual scores and weight at 18 months and -0,05 to -0,03 between visual scores and scrotal circumference. Estimates indicate that individual selection for structure, musculature or precocity genetic changes will bring the same sense to the average daily gain and a greater extent, for weight at 18 months, but it will not bring changes to the scrotal circumference. For the second objective, the populations was simulated with two levels of heritability (0,1 and 0,4) and four levels of connectivity among contemporary groups (60, 38, 20 and 8%), totaling eight scheme. The simulated populations were composed of 3360 individuals, with 2640 of them, who had a score to

measure visual structure. The scores were assigned to simulate the methodology used by the evaluators, and within each contemporary group, were assigned scores of 1 until 6. The evaluation criteria were the mean square error (MSE) for the value of heritability, and Spearman correlations between true and predicted breeding values. The heritability estimates were close to the parametric values, but with an average underestimation of 7%. Spearman correlations showed higher values for schemes with heritability of 0,4 and lower for the heritability of 0,1, indicating that the estimation of breeding values is more complex in populations with low heritability. Levels different of connectivity does not affect the estimation of heritability or genetic values. In conclusion the methodology of linear mixed models is presented in the proper assessment of visual scores.

Keywords: beef cattle, body structure, evidence of weight gain, genetic parameters, musculature, precocity, software R

CAPÍTULO 1- CONSIDERAÇÕES GERAIS

O rebanho bovino brasileiro é, atualmente, o maior rebanho comercial do mundo com cerca de 167 milhões de cabeças. Sendo, aproximadamente, 132 milhões de animais com aptidão para produção de carne e composto, em sua maioria, por animais zebuínos, sobretudo a raça Nelore (ANUALPEC, 2008). Apesar do setor de carnes ter evoluído, com aumento da produtividade do rebanho, há ainda diversos obstáculos a serem vencidos no setor de produção. Segundo BUAINAIN & BATALHA (2007), o Brasil deve dirigir seus esforços para incentivar um crescimento da produção não apenas quantitativo, mas também da qualidade do produto ofertado.

Nas últimas décadas, foram implementados programas de melhoramento genético em muitas raças bovinas de corte, baseados, principalmente, em pesos a diferentes idades, o que conduz a animais de maiores pesos a idade adulta. Conseqüentemente, estes animais são mais exigentes quanto aos requerimentos nutricionais, tardios em deposição de gordura subcutânea e, no caso das fêmeas, baixa eficiência reprodutiva (CARDOSO et al., 2001b; MERCADANTE et al., 2004).

Uma das ferramentas que pode ajudar na identificação de biótipos mais eficientes para crescimento e melhores características de carcaça, é a inclusão de escores de avaliação visual dentro dos programas de melhoramento, os quais permitem selecionar animais de crescimento rápido, com gordura de cobertura e peso final da carcaça adequado para a indústria de carnes. A inclusão é viável uma vez que as herdabilidades para os escores apresentam-se moderadas (JORGE JÚNIOR et al., 2001; COSTA et al., 2008), as correlações genéticas com características de crescimento são de moderadas a altas e permitem a avaliação rápida de um grande número de animais (ELER et al., 1996; KOURY FILHO et al., 2009).

Na atualidade, são várias as metodologias empregadas para avaliação visual por escores. Dentre elas encontra-se a EPMURAS (KOURY FILHO & ALBUQUERQUE, 2002), que surgiu pela necessidade de melhorar e facilitar a identificação dos diferentes biótipos morfológicos, mostrando ter melhores estimativas de herdabilidade, quando comparado com outras metodologias (KOURY FILHO, 2005). Por ser uma metodologia

recente, são poucos os trabalhos em que se estimam parâmetros genéticos para os escores, em associação com outras características de importância econômica. Assim, torna-se necessária a elaboração de novos estudos que estimem os parâmetros genéticos para os escores visuais avaliados por esta metodologia.

Objetivos

- Estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos dos escores visuais (Estrutura, Precocidade e Musculosidade), e características de crescimento como o peso aos 18 meses, ganho de peso diário e perímetro escrotal na raça Nelore.
- Avaliar a aplicação dos modelos lineares mistos na estimação de parâmetros e predição de valores genéticos, para escores visuais, utilizando dados simulados.

Revisão de Literatura

Os primeiros esforços de melhoramento genético em bovinocultura começaram com a avaliação visual tentando associar biótipos morfológicos com animais mais produtivos, considerando-se o olho humano como a ferramenta capaz de identificar os animais superiores para seu posterior acasalamento. Nos dias atuais, a avaliação visual empírica continua sendo utilizada em inúmeras situações, tais como: critério de compra e descarte de animais; em julgamento comparativo nas pistas de exposições agropecuárias e em acasalamentos dirigidos.

De acordo com FRIES (1996), a utilização de escores visuais no Brasil coincide com a implantação do PROMEBÓ (Programa de Melhoramento de Bovinos) em 1974, que preconizava, além das pesagens em fases estratégicas, a avaliação visual dos animais baseada em duas metodologias:

- Escores de Conformação (EC) do U.S.D.A. (Departamento de Agricultura dos Estados Unidos), BEEF (1974), que utilizava escala absoluta com 17 graus, e cada um deles subdividido em três sub-graus;
- Sistema de Avaliação Ankony (LONG, 1973), também baseado em referências absolutas, utilizando escores com escala de 1 a 10 para cinco características: ausência de gordura excessiva (G); musculosidade (M); tamanho do esqueleto (T); aprumos e estrutura óssea (A) e caracterização racial e sexual (C). Os resultados com esta metodologia trouxeram progressos genéticos nas características avaliadas. No entanto, a seleção para G resultou em tipos morfológicos com grande velocidade de crescimento, porém tardios no acabamento.

FRIES (1996) concluiu que escores avaliados em uma escala absoluta tendem a constrianger os avaliadores e resultam em conjunto de dados extremamente concentrados em torno de um valor considerado como apropriado. Por este motivo, o autor sugeriu um sistemas de notas relativo ao grupo de contemporâneos, para conseguir melhores distribuições dos escores e aumentar a variabilidade, sugestão que foi implementada nos novos sistemas de avaliação.

FIGUEIREDO (2001) concluiu que medidas de peso em diferentes idades não são suficientes para avaliar o rendimento e qualidade da carcaça do animal, uma vez que as correlações genéticas e fenotípicas estimadas entre pesos e características de carcaça não são altas. Neste contexto, a inclusão dos escores visuais dentro dos programas de melhoramento objetivam estimar a proporção dos diferentes tecidos da carcaça (músculo, osso e gordura) dos animais no momento do abate, assim como a identificação de animais de acabamento precoce (quantidade de gordura mínima necessária para o abate) evitando o aumento no peso adulto dos animais (JORGE JÚNIOR et al., 2001), conforme Figura 1.

O uso dos escores visuais é considerado uma forma adequada de identificar animais com melhor conformação produtiva, sendo uma maneira viável de medir diferenças entre indivíduos (KOURY FILHO, 2001 e 2005). Os escores visuais podem auxiliar a seleção junto com características de crescimento, obtendo animais mais produtivos e com características desejadas pela indústria da carne (ROCHA, 1999).

Segundo KOURY FILHO et al. (2010), a pontuação dos escores visuais não deve ser totalizada, uma vez que cada escore avalia uma característica diferente e a soma deles pode levar a seleção de animais indesejáveis. De acordo com JORGE JÚNIOR et al. (2001), DAL FARRA et al. (2002) e CARDOSO et al. (2004), para se obter estimativas de herdabilidades mais acuradas para as características de escores visuais, a variação ambiental deve ser reduzida por meio do melhor controle do ambiente, como a formação adequada de grupos contemporâneos no momento da avaliação visual. CARDOSO et al. (2001a) e KIPPERT et al. (2006), concluíram que os escores visuais podem ser inseridos em programas de melhoramento genético, desde que ocorra redução do componente de variância residual e sejam aplicados de maneira criteriosa por avaliadores qualificados que minimizem a subjetividade das medições.

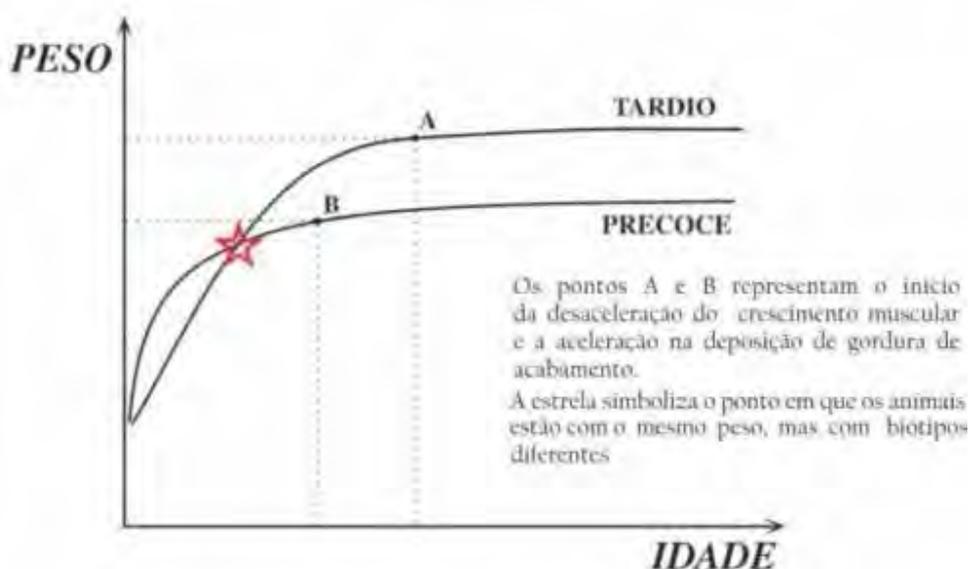


Figura 1. Curvas de crescimento de dois diferentes biótipos, tardio e precoce, considerando as variáveis de peso e idade. Fonte: PMGRZ – ABCZ (2003)

Segundo FRIES (1996), a avaliação por escores visuais permite que um grande número de animais possa ser avaliado visualmente sem que precisem ser submetidos a

mensurações, o que agiliza o processo e minimiza o estresse dos animais. De acordo com DAL FARRA et al. (2002), FORNI et al. (2007) e KOURY FILHO et al. (2010), a seleção baseada em escores de avaliação visual promoverá mudanças genéticas efetivas em rebanhos de gado de corte, visto que as estimativas de herdabilidade obtidas para essas características apresentam magnitude média e suas correlações genéticas com os pesos em diferentes idades são favoráveis.

Metodologias para avaliação de escores visuais

As metodologias empregadas na atualidade para a avaliação dos escores visuais basearam-se na metodologia “Ankony” (LONG, 1973), a qual utilizava escores com escala de 1 a 10 com referência a um biótipo ideal. As metodologias atuais reduziram a escala de avaliação e qualificam o animal com respeito ao grupo de contemporâneos (animais com idades semelhantes, criados sob as mesmas condições de manejo e pertencentes ao mesmo sexo), e não com referência a um animal ideal.

Algumas das metodologias empregadas são dadas a seguir:

- **CPMU:** avalia conformação (C), precocidade (P), musculosidade (M) e umbigo (U). O método foi desenvolvido pela empresa GENSYS e a partir da década de 1990 tem gerado informações que são utilizadas em programas de melhoramento no Brasil. Desde a sua criação algumas mudanças ocorreram, como o fato dos escores passarem a ser relativos aos grupos de contemporâneos e não a notas absolutas. Outra mudança foi a diminuição da escala que, de 1 a 9, passou para 1 a 5.

- **MERCOS:** musculosidade (M), estrutura física (E), aspectos raciais (R), conformação (C), ônfalo (O) e aspectos sexuais (S). Esta metodologia foi proposta pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN/USP), com o objetivo de identificar animais superiores e de melhorar aspectos relacionados à composição de peso do animal (LÔBO, 1996). A escala de avaliação é de 1 a 5, com exceção de aspectos raciais que é uma característica binária.

- **Configuração Frigorífica (CF):** Método utilizado pelo programa de melhoramento genético da Embrapa (GENEPLUS, 2002), que considera um índice

empírico de musculatura, gordura de acabamento e peso, utilizando escores visuais relativos de um a seis.

- **EPMURAS:** estrutura (E), precocidade (P), musculosidade (M), umbigo (U), caracterização racial (R), aprumos (A) e sexualidade (S), os quais variam de um a seis para E, P, M e U; e de um a quatro para as características R, A e S. A metodologia foi proposta, inicialmente, por KOURY FILHO & ALBUQUERQUE (2002) e pelo Programa de Melhoramento Genético das Raças Zebuínas (PMGZ). Os objetivos foram: esclarecer os conceitos de avaliação, tornando-a mais ágil, e melhorar a dispersão dos dados ao adotar uma escala par de 1 a 6, o que evita que o avaliador se acomode conferindo o escore médio aos animais, que por consequência tem sua frequência aumentada com relação aos outros escores, diminuindo a variabilidade fenotípica.

Metodologias para estimação de parâmetros genéticos

As estimativas de parâmetros genéticos são influenciadas pela metodologia utilizada para sua estimação, pelo estabelecimento do modelo estatístico e pela estrutura dos dados. É importante lembrar que os dados de escores visuais apresentam natureza categórica, em que os níveis variam de acordo com cada metodologia empregada para avaliar os animais. Por conseguinte, os métodos e modelos empregados evoluem à medida que novas teorias e técnicas computacionais são desenvolvidas.

Atualmente, o método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e os modelos lineares são os mais utilizados para a avaliação dos escores visuais pela facilidade de aplicação, tanto em modelo animal quanto no modelo de touro, e pelo menor tempo gasto de processamento, quando comparado com modelos de limiar (ELER et al., 1996; JORGE JÚNIOR et al., 2001; CARNEIRO, 2007; KOURY FILHO et al., 2009). O uso do modelo linear, na estimação de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, para características de escores visuais, é viável uma vez que o número de níveis usado na avaliação é de 5 a 6 e as frequências apresentam tendência a uma distribuição normal, além de apresentar herdabilidades médias a altas (FARIA et al., 2009b). Sob

estas condições, o modelo linear apresenta estimativas semelhantes com o modelo de limiar (MEIJERING & GIANOLA, 1985; ABDEL-AZIM & BERGER, 1999; FARIA et al., 2008b)

Segundo MARCONDES et al. (2005), os procedimentos lineares não são apropriados para se quantificar a natureza discreta dos dados categóricos, pois resulta na obtenção de valores baixos das estimativas dos parâmetros genéticos e, conseqüentemente, conclusões equivocadas referentes ao ganho genético dessas características, quando submetidas à seleção.

Segundo LUO et al., (2002) e MARCONDES et al., (2005), o uso de modelo de limiar apresenta maior habilidade para detecção da variabilidade genética ao assumir uma variável não observável com distribuição normal e subjacente à variável discreta, sendo que a conexão da variável discreta com a escala subjacente contínua é conseguida por um conjunto de limiares fixos.

A inferência bayesiana proposta por GIANOLA & FERNANDO (1986) apresenta-se como outro método para estimação de parâmetros genéticos em associação com o modelo de limiar para características categóricas como os escores visuais (FARIA et al., 2008b, 2009a, 2009b, 2009c; SHIOTSUKI et al., 2009). FARIA et al. (2008a), trabalhando com animais da raça Nelore e avaliando os escores visuais da metodologia MERCOS por meio de inferência bayesiana com modelo linear e de limiar, concluíram que os dois modelos podem ser indicados para a avaliação dos escores visuais, uma vez que as correlações de Spearman encontradas foram muito próximas da unidade para os valores genéticos preditos pelos modelos linear e de limiar.

VAN MELIS et al. (2003), utilizando os métodos \Re e de Máxima Verossimilhança Restrita sob modelo linear para a estimação de parâmetros genéticos para escores visuais, encontraram estimativas semelhantes para os dois métodos. No entanto, os autores concluíram que a única razão para substituir o método de Máxima Verossimilhança Restrita pelo método \Re é a menor exigência computacional, uma vez que suas propriedades teóricas ainda não eram totalmente conhecidas.

Parâmetros genéticos para escores visuais

As pesquisas já realizadas no Brasil sugerem que a seleção baseada em escores pode ser efetiva, visto que, em geral, as estimativas de herdabilidade obtidas são de moderada magnitude. Na Tabela 1 é apresentado um resumo com as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas dos escores visuais para cada metodologia.

Os trabalhos de conformação frigorífica (CF) de BARRICHELLO et al. (2010) e WENCESLAU et al. (2010), na raça Canchim e Nelore respectivamente, apresentaram herdabilidades de baixa a moderada (0,13 a 0,25) Tabela 1, possivelmente pelo fato de ser um índice que envolve várias características subjetivas, aumentando a dificuldade de avaliação e possibilitando interpretações diferentes entre avaliadores.

O número de trabalhos para a metodologia CPM é maior, sendo que a maioria foi desenvolvida com dados da raça Nelore (FIGUEIREDO, 2001; KOURY FILHO, 2001; PEDROSA et al., 2010; SHIOTSUKI et al., 2009; BARROZO, 2009 e KOURY FILHO et al., 2010), e os trabalhos restantes correspondem a dados provenientes das raças Angus, Brangus e Charolês, utilizando-se sempre a Máxima Verossimilhança Restrita para a estimação dos parâmetros (CARDOSO et al., 2004; KIPPERT et al., 2006; COSTA et al., 2008 e WEBER et al., 2009).

Segundo CARDOSO et al. (2004), as estimativas de parâmetros genéticos encontrados na literatura para CPM apresentam grande variação e dificuldade no momento das comparações. Esta variação pode ser decorrente não somente de diferenças reais em variâncias genéticas para efeito direto, mas também pela subjetividade da metodologia utilizada na colheita dos dados, que faz com que haja maiores variações entre avaliadores. As correlações genéticas entre as características apresentaram-se de alta magnitude (Tabela 1) em todos os trabalhos, o que foi uma das razões que motivou a criação da conformação frigorífica como um único escore para a avaliação do exterior dos animais (BARRICHELLO et al., 2010).

Tabela 1. Médias das estimativas de herdabilidade (h^2) e correlações genéticas (r_g) com seus respectivos valores máximos (Max), mínimos (Min) e número de trabalhos (n) para as características: Conformação frigorífica (CF), conformação (C), precocidade (P), musculosidade (M) e estrutura (E).

Metodologia	Características				h^2			r_g		
	1	2	3		1	2	3	1,2	1,3	2,3
CF	CF			Min	0,13					
				Max	0,25					
				Média	0,19					
				n	2					
CPM	C	P	M	Min	0,12	0,10	0,12	0,72	0,61	0,79
				Max	0,37	0,36	0,38	0,96	0,94	0,95
				Média	0,20	0,23	0,23	0,82	0,80	0,90
				n	11					
MERCOS	M	E	C	Min	0,13	0,14	0,07	0,18	0,47	-0,07
				Max	0,56	0,60	0,43	0,40	0,76	0,59
				Média	0,29	0,30	0,24	0,24	0,67	0,40
				n	3					
EPMURAS	E	P	M	Min	0,24	0,38	0,29	0,27	0,43	0,88
				Max	0,68	0,65	0,62	0,49	0,63	0,90
				Média	0,38	0,55	0,45	0,42	0,56	0,89
				n	6					

Referências: **CF** (BARRICHELLO et al., 2010 e WENCESLAU et al., 2010); **CPM** (FIGUEIREDO, 2001; KOURY FILHO, 2001; CARDOSO et al., 2004; KIPPERT et al., 2006; SHIOTSUKI et al., 2009; PEDROSA et al., 2010, BARROZO, 2009; COSTA et al., 2008; WEBER et al., 2009 e KOURY FILHO et al., 2010); **MERCOS** (MAGNABOSCO et al., 2005 e FARIA et al., 2008a, 2009a); **EPMURAS** (KOURY FILHO et al., 2006 e 2009; FARIA et al., 2009b, 2010; YOKOO et al., 2009; GORDO, 2010)

Nos trabalhos desenvolvidos para a metodologia MERCOS, com estimação bayesiana e modelo limiar (MAGNABOSCO et al., 2005 e FARIA et al., 2008a, 2009a) foram estimadas herdabilidades para os escores visuais com alta variabilidade (Tabela 1), concordando com os resultados de herdabilidade obtidos para as metodologias CPM e conformação frigorífica. As correlações genéticas encontradas para os escores foram de moderadas a altas, apresentando uma maior variabilidade quando comparadas com as obtidas para a metodologia CPM.

Os trabalhos referentes à metodologia EPMURAS são poucos (KOURY FILHO et al., 2006 e 2009; FARIA et al., 2009b; YOKOO et al., 2009; GORDO, 2010), pelo fato desta ter sido desenvolvida recentemente. Os resultados até agora obtidos apresentaram coeficientes de herdabilidade moderados e superiores aos obtidos em outras metodologias (Tabela 1), mostrando que tem os conceitos bem definidos e que a escala de avaliação, que é de 1 a 6, consegue distribuir melhor a variação observada para os escores, quando comparada com a escala de 1 a 5 (KOURY FILHO, 2005). As correlações genéticas entre os escores visuais apresentaram-se de moderadas a altas (Tabela 1), em especial a correlação entre o escore de P (precocidade) e M (musculosidade).

Correlação genética entre os escores visuais e outras características.

Para se obter sucesso com a utilização dos escores visuais dentro dos programas de melhoramento é necessário conhecer as relações genéticas que existem entre os escores visuais e as outras características de importância econômica. Isto permite antever a mudança genética correlacionada entre as mesmas.

Características de crescimento.

Na Tabela 2 é apresentado um resumo das correlações genéticas encontradas entre os escores visuais das diferentes metodologias e pesos à desmama e ao sobreano. BARRICHELLO et al. (2010) e WENCESLAU et al. (2010), estimaram

correlações genéticas de moderadas a altas (Tabela 2), para conformação frigorífica com peso à desmama e, conformação frigorífica com pesos à desmama e sobreano, respectivamente.

Tabela 2. Média das estimativas das correlações genéticas e valores máximos (Max) e mínimos (Min), para pesos a desmama (PD) e sobreano (PS) com as características, conformação frigorífica (CF), conformação (C), precocidade (P), musculosidade (M) e estrutura (E).

Metodologia	Correlações genéticas					
CF	PD*CF	PS*CF				
Max	0,75	-				
Min	0,61	-				
Média	0,68	0,81				
CPM	PD * C	PS * C	PD*P	PS*P	PD*M	PS*M
Max	0,97	-	0,67	-	0,62	-
Min	0,71	-	0,42	-	0,43	-
Média	0,82	0,83	0,50	0,59	0,54	0,58
MERCOS	PD * M	PS*M	PD*E	PS*E	PD*C	PS*C
Max	0,97	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
Min	0,61	0,77	0,86	0,8	0,85	0,83
Média	0,71	0,87	0,94	0,95	0,92	0,94
EPMURAS	PD*E	PS*E	PD*P	PS*P	PD*M	PS*M
Max	-	-	-	-	-	-
Min	-	-	-	-	-	-
Média	0,94	0,83	0,62	0,42	0,72	0,5

Referências: **CF** (BARRICHELLO et al., 2010 e WENCESLAU et al., 2010); **CPM** (KOURY FILHO, 2001; KOURY FILHO et al., 2010); **MERCOS** (FARIA et al., 2008a e 2008b); **EPMURAS** (KOURY FILHO et al., 2009 e FARIA et al., 2009b)

Os trabalhos com a metodologia CPM em associação com pesos ao desmame e sobreano são escassos (KOURY FILHO, 2001; KOURY FILHO et al., 2010). As estimativas das correlações entre P e M com pesos apresentaram-se moderadas, enquanto que a correlação entre C com peso à desmama e ao sobreano, foi de magnitude maior (Tabela 2). Segundo KOURY FILHO et al. (2010), esses resultados são esperados, uma vez que a definição, do escore de conformação da metodologia CPM, indica que o escore, deve ser atribuído de acordo com a estimativa visual do peso da carcaça, que se espera obter no momento da avaliação.

FARIA et al. (2008a e 2008b), utilizando estimação bayesiana com modelo limiar na raça Nelore, encontraram correlações genéticas de alta magnitude entre os escores visuais da metodologia MERCOS, medidos à desmama e ao sobreano com pesos nas mesmas idades, concluindo que a seleção direta para os escores visuais trará um aumento dos pesos à desmama e ao sobreano.

Para a metodologia EPMURAS, KOURY FILHO et al. (2009) e FARIA et al. (2009b), reportaram correlações de E, P e M com peso à desmama e ao sobreano de moderadas a altas, sendo que a correlação genética entre peso e E foi a de maior magnitude (Tabela 2).

Outras características de crescimento como o ganho diário de peso e o peso adulto das matrizes também tem sido associadas com os escores visuais. CARDOSO et al. (2004), COSTA et al. (2008) e WEBER et al. (2009), trabalhando com CPM na raça Angus, reportaram correlações genéticas que variaram de 0,55 a 0,81 entre os escores visuais medidos na fase pré-desmama e desmama com o ganho diário de peso nas mesmas fases. As correlações genéticas encontradas entre o peso adulto das matrizes e os escores de C, P e M medidos a desmama na raça Nelore, encontradas por PEDROSA et al. (2010), variaram de 0,25 a 0,4, mostrando que a seleção para os escores de C, P e M à desmama nem sempre aumentará o peso das matrizes a idade adulta.

Características de carcaça

Um dos objetivos das avaliações por escores visuais é melhorar a composição final da carcaça dos animais abatidos. Neste sentido trabalhos que avaliam o nível de associação entre os escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom tem sido feitos para as diferentes metodologias de avaliação visual. Na Tabela 3 é apresentado um resumo dos resultados encontrados.

FIGUEIREDO (2001), concluiu que os escores visuais de C, P e M não são adequados para predizer a composição de carcaça, por apresentar baixas correlações genéticas e fenotípicas com as características de carcaça medidas por ultrassom, ou ainda, uma associação indesejável, como mostrado, pelas características P e EG (espessura de gordura na costela). A esta mesma conclusão chegaram ALBUQUERQUE & OLIVEIRA (2002), que também trabalharam com a metodologia CPM na raça Nelore.

Para a metodologia MERCOS, FARIA et al. (2009d), trabalhando com dados da raça Nelore e com estimação bayesiana em modelo limiar, para os escores visuais de M, E e C medidos aos 15 e 22 meses de idade, estimaram correlações genéticas altas entre os escores e AOL (área de olho de lombo) medida por ultrassom (Tabela 3). As correlações entre os escores M, E e C com EG (espessura de gordura na costela) e EGP (espessura de gordura na garupa) apresentaram grande variabilidade, desde valores negativos até correlações de moderada magnitude, não permitindo tirar conclusões.

YOKOO et al. (2009) e GORDO (2010), estimaram correlações genéticas moderadas para os escores de E, P e M, da metodologia EPMURAS com AOL. As correlações entre E com EG e EGP mostraram-se próximas de zero nos dois trabalhos. Entretanto, os escores de P e M apresentaram correlações genéticas de moderada a baixa com EG e EGP (Tabela 3), concluindo que o escore de P (precocidade) não é um indicador adequado do grau de acabamento do animal.

Tabela 3. Correlações genéticas (r_g) encontradas entre os escores avaliados nas diferentes metodologias e as características de carcaça medidas por ultrassom.

Metodologia	Características				r_g		
	1	2	3	4	1,2	1,3	1,4
CPM	C	AOL	EG		0,11	-0,55	
Figueiredo, (2001)	P	AOL	EG		0,13	-0,16	
	M	AOL	EG		0,22	-0,33	
MERCOS	M - 15	AOL	EG	EGP	0,94	0,41	0,16
Faria et al., (2009d)	E - 15	AOL	EG	EGP	0,93	0,05	-0,24
	C - 15	AOL	EG	EGP	0,91	0,14	-0,03
	M - 22	AOL	EG	EGP	0,87	0,45	0,48
	E - 22	AOL	EG	EGP	0,91	0,45	0,02
	C - 22	AOL	EG	EGP	0,85	0,5	0,44
EPMURAS	E -s	AOL	EG	EGP	0,54	-0,02	-0,05
Yokoo et al. (2009)	P - s	AOL	EG	EGP	0,58	0,4	0,42
	M - s	AOL	EG	EGP	0,61	0,38	0,41
EPMURAS	E -s	AOL	EG	EGP	0,39	0,12	-0,02
Gordo, (2010)	P - s	AOL	EG	EGP	0,37	0,33	0,18
	M - s	AOL	EG	EGP	0,44	0,4	0,2

C= conformação, P= precocidade, M= musculosidade, E= estrutura, AOL= área de olho de lombo, EG= espessura de gordura na costela, EGP = espessura de gordura na garupa, s = sobreano, 15 = 15 meses de idade, 22 = 22 meses de idade.

FERRIANI (2006), na raça Nelore, estimou as associações genéticas entre os escores visuais de C, P e M medidos ao sobreano, com as características de acabamento, peso e rendimento da carcaça, medidas após o abate dos animais. As

correlações genéticas entre C, P e M com o peso da carcaça variaram de 0,24 a 0,46, sendo consideradas de baixas a moderadas. A correlação genética entre C e o rendimento apresentou-se negativa, com valor de -0,22, a mesma tendência foi encontrada para P e acabamento, com valor de -0,18. Estes resultados estão de acordo com FIGUEIREDO (2001), ao considerar que o escore de P na metodologia CPM não consegue avaliar o grau de terminação dos animais. No entanto, o número de animais nestes dois trabalhos foi baixo (698 e 1696 respectivamente).

Características reprodutivas

Os poucos trabalhos que avaliam, a associação genética das características reprodutivas, com os escores visuais, estão relacionados com a estimação da associação existente, entre idade ao primeiro parto e perímetro escrotal, com os escores visuais, principalmente o que avalia a precocidade. BARICHELLO et al. (2010) encontraram na raça Canchim o valor de 0,17 para a correlação genética entre CF (conformação frigorífica) e a circunferência escrotal medida à desmama.

Trabalhando com a metodologia CPM, SHIOTSUKI et al. (2009), estimaram correlações genéticas entre os escores C, P e M medidos aos 18 meses com probabilidade de prenhez precoce aos 16 meses, sob estimação bayesiana, encontrando correlações de P e M com probabilidade de prenhez aos 16 meses de 0,18 e 0,16, respectivamente. No entanto, a correlação genética entre C e a probabilidade de prenhez foi próxima de zero (0,05).

FARIA et al. (2009c), usando escores visuais de M, E e C, estimaram correlações genéticas com as características reprodutivas, idade ao primeiro parto e perímetro escrotal medido aos 15 meses. Os resultados tomaram valores de -0,19 a -0,49 para as correlações entre os escores visuais e a idade ao primeiro parto, enquanto que os valores de 0,24 a 0,65 foram registrados para as correlações genéticas existentes entre os escores visuais e o perímetro escrotal.

De modo geral, os resultados até hoje encontrados indicam uma baixa, mas favorável associação genética entre características reprodutivas e escores visuais. Porém o número de trabalhos é baixo, sendo necessárias novas pesquisas.

Referências Bibliográficas

ABDEL-AZIM, G. A. & BERGER, P. J. Properties of threshold model predictions. **Journal Animal Science**. v. 77, n. 3, p. 582-590. 1999.

ALBUQUERQUE, L.G.; OLIVEIRA, H.N. Genetic parameter estimates for ultrasound measurements and visual scores in Nelore cattle. In: ANNUAL MEETING OF THE EAAP, 53., 2002, Cairo. **Proceedings...** Cairo: EAAP, 2002. CD-ROM.

ANUALPEC, 2008: **Anuário de pecuária brasileira**. São Paulo: FNP Consultoria & Comércio, 2008. 369 p.

BARICHELO, F.; ALENCAR, M. M.; TORRES JÚNIOR, R. A.; SILVA, L. O. Herdabilidade e correlações quanto a peso, perímetro escrotal e escores visuais à desmama, em bovinos canchim. **Pesquisa agropecuária brasileira**. v. 45, n. 6, p. 563-570, 2010.

BARROZO, D. **Estudo de características de desempenho e medidas por escores visuais em bovinos Nelore**. 2009. 69p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2009.

BEEF – **GUIDELINES**. For Uniform Beef Improvement Programs. Animal & Dairy Science Department, The University of Georgia, Athens, GA. 1974.

BUAINAIN, A.M., BATALHA, M.O. **Cadeia Produtiva da Carne Bovina**. Serie de Agronegócios. Brasil. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Janeiro 2007. v.8, 86p. ISBN 978-85-99851-20-3.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Fatores ambientais sobre escores de avaliação visual a desmama em bezerros Angus criados no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, p. 318-325, 2001a.

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

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características pós-desmama em bovinos da raças Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n.12, p.313-319, 2004.

CARNEIRO, R. L. **Estimativas de parâmetros genéticos de escore de temperamento e de características de crescimento e de carcaça em animais da raça Nelore.** 2007. 60p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2007.

COSTA, G. Z.; QUEIROZ, S. A.; OLIVEIRA, J. A.; FRIES, L. A. 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, Jaboticabal, SP** ,v.24, n.3, 172-176, 2008.

DAL FARRA, R. A.; ROSO, V. M.; SCHENKEL, F. S. Efeitos de ambiente e de heterose sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame e sobre os escores visuais ao desmame de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 3, p. 1350-1361, 2002.

ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; SILVA, P. R. Parâmetros genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 48, p. 203- 213, 1996.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; REYES, A.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, R.B. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.835-841, 2008a.

FARIA, C.U. ; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; DE LOS REYES, A.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Estimativas de correlações genéticas entre escores visuais

e características de crescimento em bovinos da raça nelore utilizando modelos bayesianos linear-limiar. **Ciência Animal Brasileira**, v. 9, n. 2, p. 327-340, abr./jun. 2008b.

FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Avaliação genética de características de escores visuais de bovinos da raça Nelore da desmama até a maturidade. **Revista Brasileira de Zootecnia.**, v. 38, n. 7, p. 1191-1200, 2009a.

FARIA, C. U.; KOURY FILHO, W.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Bayesian inference in genetic parameter estimation of visual scores in Nelore beef-cattle. **Genetics and Molecular Biology**, v. 32, n. 4, p. 753-760, 2009b.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; REYES, A.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, R.B. Análise bayesiana na estimação de correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas de bovinos Nelore utilizando modelos linear-limiar. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia.**, v. 61, n. 4, p. 949-958. 2009c.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, R.B. Estimativas de correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassonografia em bovinos Nelore utilizando modelos bayesianos linear-limiar. **Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 11, p. 2144-2151. 2009d.

FARIA, C.U.; PIRES, B.C.; VOZZI, A.P.; MAGNABOSCO, C.U.; KOURY FILHO, W.; VIU, M.A.O.; OLIVEIRA, H.N.; LÔBO, R.B. Genetic correlations between categorical morphological traits in Nelore cattle by applying Bayesian analysis under a threshold animal model. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. v. 127, n. 5, p. 377–384, 2010

FERRIANI, L. **Estimativas de herdabilidade das características de carcaça e crescimento e de suas correlações genéticas em animais da raça nelore**. 2006. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2006.

FIGUEIREDO, L. G. **Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaças feitas por ultra-sonografia em bovinos da raça Nelore**. 2001. 52f. Dissertação

(Mestrado em Zootecnia). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2001.

FORNI, S.; FEDERICI, J.F. & ALBUQUERQUE, L.G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura a desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia.**, v. 36, p. 572-577, 2007.

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

GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v. 63, p. 217, 1986.

GORDO, D.M. **Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaça, medidas por ultrassonografia, e suas relações com escores visuais na raça nelore.** 2010. 54p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2010.

JORGE JÚNIOR., J.; PITA, F.V.C.; FRIES, L.A. et al. Influência de alguns fatores de ambiente sobre os escores de conformação, precocidade e musculatura à desmama em um rebanho da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1697-1703, 2001.

KIPPERT, C.J.; RORATO, P.R.N.; CAMPOS, L.T.; BOLIGON, A.A.; WEBER, T.; GHELLER, D.G.; LOPES, J.S. Efeito de fatores ambientais sobre escores de avaliação visual à desmama e estimativa de parâmetros genéticos, para bezerros da raça Charolês. **Ciência Rural**, v.36, p.579-585, 2006.

KOURY FILHO, W. **Análise genética de escores de avaliações visuais e suas respectivas relações com desempenho ponderal na raça Nelore.** 2001. 79p. Dissertação (Mestrado em Qualidade e Produtividade Animal). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2001.

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

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

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M; FORNI, S.; CHIQUITELLI NETO, M. Genetic parameter estimates of visual score traits and their relationship with growing traits in Brazilian Nelore cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceeding...** Belo Horizonte: Instituto Prociência, 2006. 1CD-ROM.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M.; FORNI, S.; SILVA, J. A. V.; LÔBO, R. B. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia.**, v. 38, n. 12, p. 2362-2367, 2009.

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

LÔBO, R. B. **Programa de melhoramento genético da raça Nelore**. Ribeirão Preto: FINEP, 1996. 100 p.

LONG, R. A. **The Ankony Scoring System: its uses in herd improvement**. Colorado: ANKONY Corporation, 1973, 21p.

LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R. et al. Estimation of genetic parameters of calving ease in first and second parities of Canadian Holsteins using Bayesian methods. **Livestock Production Science**, v.74, p.175-184, 2002.

MAGNABOSCO, C. U.; FARIA, C. U.; MADUREIRA, A. P.; ROSA, G.J.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.; SAINZ, R. D. Análise genética de características morfológicas em bovinos da raça nelore utilizando modelos de limiar. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia. A produção animal e o foco no agronegócio: **Anais...** Goiânia: SBZ, 2005. 1 CD-ROM.

MARCONDES, C.R.; PANETO, J.C.C.; SILVA, J.A.; OLIVEIRA, H. N.; LÔBO, R.B. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 57, p. 234-240. 2005.

MEIJERING, A. & GIANOLA, D. Linear versus nonlinear methods of sire evaluation for categorical traits: a simulation study. **Genetics Selection Evolution**. v.17, n.1, p. 115-132. 1985

MERCADANTE, M.E.Z.; RAZOOK, A.G.; CYRILLO, J.N.S.G.; FIGUEIREDO, L.A. Efeito da seleção para crescimento na permanência de vacas Nelore no rebanho até cinco anos de idade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n. 2, p. 344-349, 2004.

PEDROSA, V. B.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. S.; SILVA, J. A.; RIBEIRO, S.; SILVA, M. R.; PINTO, L. F. Parâmetros genéticos do peso adulto e características de desenvolvimento ponderal na raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**., v. 11, n. 1, p. 104-113. jan/mar 2010.

ROCHA, C.E. **Fatores que influenciam características e valor da carcaça em um rebanho da raça Nelore**. 1999. 96 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 1999.

SHIOTSUKI, L.; SILVA, J. A.; TONHATI, H.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic associations of sexual precocity with growth traits and visual scores of conformation, finishing, and muscling in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 87, p. 1591-1597. 2009.

VAN MELIS, M. H.; ELER, J. P.; SILVA, J. A. V.; FERRAZ, J. B. S. Estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e R. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, p. 1624- 1632, 2003.

WEBER, T.; NOGARA, P. R.; LOPES, J. S.; GRIGOLETTO, J.; DORNELLES, M. A.; ARAÚJO, R. O. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para escores visuais na fase pós-desmama de bovinos da raça Aberdeen Angus. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.3, p.832-837, mai-jun, 2009.

WENCESLAU, R. R.; FELIPE, V. P.; VALENTE, B. D.; SILVA, M. A.; ROSA, A. N.; NOBRE, P. R.; NIETO, L. M. Estimativas de parâmetros genéticos para peso e conformação frigorífica em bovinos da raça Nelore em diferentes idades. In: Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 8, Maringá, 2010. **Anais**. Maringá: SBMA, 2010.

YOKOO, M.J.; WERNECK, J.N.; PEREIRA, M.C.; ALBUQUERQUE, L.G.; KOUY FILHO, W.; SAINZ, R.D.; LOBO, R.B.; ARAUJO, F.R.C. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.197-202, 2009.

CAPÍTULO 2- ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA ESCORES VISUAIS E CARACTERÍSTICAS DE DESENVOLVIMENTO PONDERAL NA RAÇA NELORE.

RESUMO: Neste trabalho o objetivo foi avaliar a associação genética entre os escores visuais de estrutura corporal, precocidade e musculosidade ao sobreano (aproximadamente 540 dias de idade) com as características peso aos 18 meses, ganho de peso diário e o perímetro escrotal em machos da raça Nelore. Foram utilizados 7256 registros de animais participantes de provas de ganho de peso. As estimativas dos componentes de (co)variâncias foram obtidas em análises uni-característica e multi-característica, por Máxima Verossimilhança Restrita, empregando-se um modelo animal. Os efeitos fixos de grupo de contemporâneos idade e peso como covariável (efeito linear) e o efeito genético aditivo como aleatório foram considerados no modelo. Os grupos de contemporâneos foram definidos pelo agrupamento de animais pertencentes a uma mesma prova de ganho de peso. As estimativas de herdabilidade foram de 0,30 (0,04) para estrutura corporal; 0,37 (0,04) para precocidade e 0,32 (0,04) para musculosidade. As estimativas de correlações genéticas entre os escores foram de 0,77 (0,04) entre estrutura corporal e precocidade; 0,76 (0,04) entre estrutura corporal e musculosidade; e 0,95 (0,02) entre precocidade e musculosidade. Estas correlações indicam que os escores visuais são controlados, em grande parte, pelo mesmo grupo de genes, o que torna mais complexa a seleção de forma individual para os escores visuais. As estimativas das correlações genéticas dos escores visuais com as características de ganho de peso diário, peso aos 18 meses e o perímetro escrotal, apresentaram valores semelhantes entre os escores 0,45 a 0,50; 0,80 a 0,83 e -0,05 a -0,03, respectivamente. Estas correlações genéticas indicam que a seleção individual para estrutura, precocidade ou musculosidade trará mudanças genéticas no mesmo sentido para o ganho de peso diário e em maior medida para o peso aos 18 meses. Entretanto, espera-se que não promova alterações genéticas nem fenotípicas para o perímetro escrotal.

Palavras-chave: bovino de corte, estrutura corporal, musculosidade, parâmetros genéticos, precocidade, prova ganho de peso

Introdução

A inclusão dos escores visuais nos programas de melhoramento vem de algumas décadas, desde que o Programa de Melhoramento de Bovinos de Corte PROMEBO incorporou a metodologia Ankony (LONG, 1973) para a avaliação visual de características morfológicas. A partir deste período, novas metodologias tem surgido e evoluído com as pesquisas nesta área (KOURY FILHO et al., 2009 e FARIA et al., 2010).

Com a utilização dos escores visuais, objetiva-se a identificação de biótipos, economicamente mais eficientes de acordo com as necessidades de cada criador; estimar a proporção dos diferentes tecidos da carcaça (músculo, osso, gordura) dos animais ao momento do abate e identificar animais de acabamento precoce (quantidade de gordura mínima necessária para o abate), evitando o aumento no peso adulto dos animais (FRIES, 1996; KOURY FILHO, 2005).

As pesquisas realizadas mostram que existe variabilidade genética nos escores visuais, o que permitiria progressos genéticos quando feita a seleção para estas características (JORGE JÚNIOR et al., 2001; COSTA et al., 2008; FARIA et al., 2008). As vantagens apresentadas na avaliação, como o baixo custo e a facilidade de implementação permitem que um grande número de animais possa ser avaliado visualmente, sem que precisem ser submetidos a mensurações, o que agiliza o processo e minimiza o estresse dos animais. Uma desvantagem é a subjetividade dos escores, pois estes são obtidos por interpretação do olho humano, abrindo espaço para interpretações pessoais (CARDOSO et al. 2004).

A metodologia EPMURAS proposta por KOURY FILHO & ALBUQUERQUE (2002), é a mais recente, possui clareza nos conceitos de avaliação para as características, diminuindo a influência da subjetividade existente entre avaliadores. A escala de avaliação mudou, passando de 1 a 5 para escala de 1 a 6, fato que permite ter uma melhor distribuição dos escores ao evitar que o avaliador se acomode no valor médio (3 no caso da escala de 1 a 5), produzindo um aumento em sua frequência.

Os trabalhos que envolvem os escores visuais tem-se centrado na estimação de herdabilidades e correlações genéticas e fenotípicas com outras características de importância econômica, sendo que para a metodologia EPMURAS os trabalhos existentes na atualidade são poucos (GORDO, 2010; YOKOO et al., 2009; KOURY FILHO et al. 2009), fazendo-se necessárias novas pesquisas que permitam confirmar os resultados obtidos e estabelecer as relações genéticas existentes entre os escores e características de crescimento. Portanto, objetiva-se com este trabalho estimar parâmetros genéticos para os escores visuais (estrutura, precocidade e musculosidade) e as características de ganho de peso diário, peso ajustado aos 18 meses e perímetro escrotal em machos da raça Nelore.

Material e Métodos

Os dados utilizados são provenientes de provas de ganho de peso a pasto de 7256 machos Nelore, realizadas pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) nos estados de São Paulo, Paraná, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, entre os anos de 2003 e 2009.

Foram avaliados os escores visuais de estrutura (E), precocidade (P) e musculosidade (M) e as características de ganho de peso médio diário da prova (GPD), peso aos 18 meses (P18) e o perímetro escrotal (PE). Os animais entraram na prova de ganho de peso com idades entre sete e dez meses, levando em conta que a máxima diferença de idade entre animais de um mesmo grupo não fosse maior que 90 dias. Após a entrada, começou o período de adaptação de 78 dias, com o objetivo de diminuir a influência de fatores ambientais e efeito materno do período pré-desmama sobre o desempenho dos animais na prova. Depois deste período, iniciou-se a prova de ganho de peso, com duração de 224 dias. A alimentação dos animais foi baseada em forragem podendo ter ocorrido suplementação, como por exemplo, no período da seca. Os escores visuais e o perímetro escrotal foram avaliados no final da prova. O GDP e o P18 foram definidos como:

$$GDP = \frac{P_f - P_i}{D_p}$$

$$P18 = P_f + ((I_f - 540) * GDP)$$

em que:

GDP = Ganho de peso médio diário da prova;

$P18$ = Peso aos 18 meses;

P_f = Peso final da prova;

P_i = Peso início da Prova;

D_p = Duração da prova em dias (224 dias);

I_f = Idade final da prova.

As avaliações visuais por escores para Estrutura Corporal (E), Precocidade (P) e Musculosidade (M) foram realizadas por técnicos treinados, de acordo com o seguinte procedimento: primeiramente observou-se todo o lote, que caracteriza o grupo de contemporâneos, visualizando-se o perfil médio do lote para cada característica avaliada, o que serviu de base de comparação. Atribuíram-se escores que variaram de 1 até 6 para as características de E, P e M, sendo 6 a maior expressão e 1 a menor expressão da característica.

KOURY FILHO (2005) descreveu estas características como:

- Estrutura corporal (E): Prediz visualmente a área que o animal abrange visto de lado, avaliando-se basicamente o comprimento corporal e a profundidade das costelas. Maiores áreas correspondem a maiores escores;
- Precocidade (P): Nesta avaliação, as maiores notas recaem sobre animais de maior profundidade de costelas em relação à profundidade de seus membros;
- Musculosidade (M): A musculosidade é avaliada pela evidência de massas musculares. Indivíduos mais grossos, com musculaturas mais convexas recebem as maiores notas e os mais finos, com musculatura menos convexa, retilínea e até concavidades pelo corpo, as menores.

Segundo KOURY FIHO (2005), os escores atribuídos às características E, P e M permitem ter uma concepção espacial do animal, pois E indica a área que o animal ocupa lateralmente e, de forma bem rudimentar, irá formar um retângulo. A

característica E, analisada em conjunto com a característica P, dá as proporções dos lados deste retângulo. Incluindo-se a característica M, tem-se a terceira dimensão. Este paralelepípedo é uma estimativa do volume deste indivíduo (Figura 1)

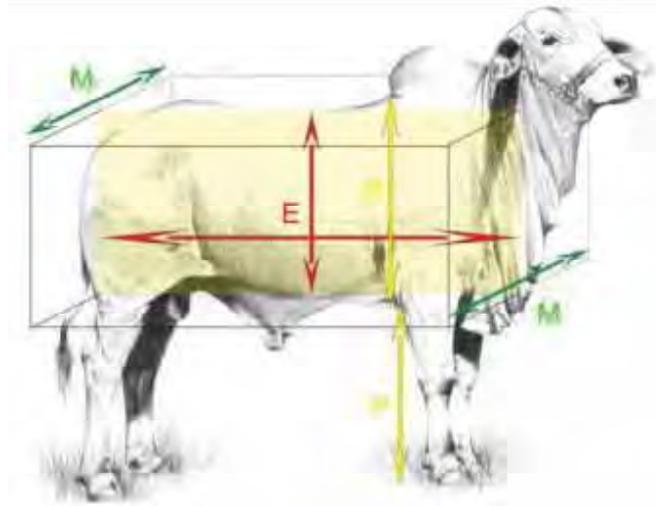


Figura 1: Representação esquemática das avaliações de estrutura (E), precocidade (P) e musculatura (M). Fonte: Programa de melhoramento genético dos zebuínos PMGZ – ABCZ 2003

Para a preparação dos arquivos e a determinação dos efeitos fixos foi usado o software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010). Os efeitos de meio que influenciam cada característica foram determinados a partir de análises de variância prévias, pela metodologia de quadrados mínimos. Deste modo foi usado o mesmo grupo contemporâneo, para todas as características em estudo e definido como os animais pertencentes a uma mesma prova de ganho de peso (animais com diferença de idade máxima de 90 dias, submetidos às mesmas condições de manejo durante a prova de ganho de peso). Para as características de P18 e GDP foi usada a covariável (efeito linear) de peso ao início do período de adaptação para corrigir as diferenças existentes entre os animais, produto de manejos diferenciados antes de entrar na prova de ganho de peso. As covariáveis com efeito linear de idade e peso ao final da prova foram usadas para a característica de PE. Para os escores visuais de E, P e M só a covariável

(efeito linear) de peso ao final da prova apresentou-se significativa ($p < 0,05$) na análise de variância. No entanto, para a definição do modelo a ser empregado, foram testados vários modelos com as covariáveis idade e peso ao final da prova, sendo que o modelo que apresentou as maiores estimativas de herdabilidade e os menores erros-padrão, foi aquele que incluiu a covariável de idade ao final da prova (efeito linear) e o efeito fixo de grupo contemporâneo.

O modelo utilizado, em forma matricial, para as características foi definido como segue.

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

Em que:

Y = vetor das observações de cada característica (E, P, M, GPD, P18 e PE);

X = matriz de incidência associada aos efeitos fixos;

β = vetor de solução para os efeitos fixos;

Z = matriz de incidência associada ao efeito genético aditivo direto de cada animal;

a = vetor de soluções para os efeitos genéticos aditivos diretos aleatórios;

e = vetor dos resíduos.

As pressuposições em relação aos componentes do modelo são:

$$E(y) = X\beta, E(a) = 0 \text{ e } E(e) = 0$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_0 \otimes A & 0 \\ 0 & R_0 \otimes I_n \end{bmatrix}$$

Em que:

G_0 = matriz de (co)variâncias genética aditiva.

R_0 = matriz de (co)variâncias dos efeitos residuais.

A = matriz de parentesco.

I = matriz identidade.

\otimes = operador de produto direto.

Para as características GPD, P18 e PE foram eliminadas observações com medidas de três desvios-padrão acima ou abaixo da média do seu grupo de contemporâneos. Para os escores visuais não foi usado este critério por considerar que

dentro de um grupo contemporâneo os escores 1 e 6 devem ser atribuídos. Foram excluídos os GC que continham apenas animais filhos de um mesmo touro, e aqueles com menos de cinco animais.

A estimação dos componentes de (co)variância foi realizada pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) com modelo linear, visto que FARIA et al. (2008a) concluíram que o modelo de limiar e linear podem ser usados na avaliação genética para escores visuais sem que exista diferença significativa nas estimações. Para a estimação foi usado o software WOMBAT (MEYER, 2006) e a convergência foi atingida quando a mudança entre uma iteração e outra para o Log da função de verossimilhança " $\log(L(\theta; y))$ " foi menor que 1×10^{-9} . A análise foi reiniciada a cada convergência, usando como valores iniciais os obtidos na análise anterior. As características foram analisadas de forma uni-característica e multi-características (seis características na análise) sob modelo animal. Em todas as análises foi utilizado um arquivo de genealogia contendo identificação do animal, pai e mãe, totalizando 20.364 animais, 1.949 touros e 11.157 mães na matriz de parentesco.

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 é apresentada a estrutura dos dados analisados junto com as estatísticas descritivas para as seis características estudadas.

As estatísticas descritivas para os escores visuais E, P e M apresentaram variação semelhante ao encontrado por GORDO (2010), KOURY FILHO et al. (2009) e YOKOO et al. (2009) que também trabalharam com a raça Nelore, porém com bancos de dados menores aos deste trabalho. Eles obtiveram valores médios de 3,89 a 3,99; 3,85 a 3,87 e 3,61 a 3,81 para os escores E, P e M, respectivamente. O desvio padrão esteve muito perto de 1, entretanto, valores maiores foram reportados pelos mesmos autores com intervalo de 1,45 a 1,57, o que mostra que os dados utilizados neste trabalho estão mais concentrados em torno da média. O coeficiente de variação apresentou tendência semelhante ao exibido pelo desvio padrão sendo menor que o

reportado por KOURY FILHO et al. (2009) e GORDO (2010), de 35 a 40%, respectivamente.

Tabela 1. Estrutura do arquivo de dados analisados para as características de estrutura (E), precocidade (P), musculosidade (M), ganho de peso diário (GPD–Kg), peso aos 18 meses (P18–Kg) e o perímetro escrotal (PE-cm).

	E	P	M	GPD	P18	PE
Nº Animais	7256	7256	7256	7253	7251	2026
Nº Mães	6164	6164	6164	6161	6163	1818
Nº Touros	755	755	755	755	755	289
NGC	153	153	153	153	153	53
Média	4,19	3,86	3,78	0,55	357,5	27,5
Moda	4	4	4	-	-	-
D.P	0,99	1	1	0,14	50,2	3,2
C.V %	23,6	25,9	26,4	25,4	13,3	11,6

NGC = número de grupos contemporâneos, D.P = desvio padrão, C.V = coeficiente de variação

Na Figura 2 é mostrada a frequência para os escores E, P, e M e sua distribuição normal teórica, a moda para os três escores visuais foi o escore 4. Pode-se observar que os escores, distribuem-se em torno da média, seguindo a tendência de uma distribuição normal, conseguindo identificar indivíduos extremos. A frequência para o escore 1 foi menor que 2% para E, P e M, no entanto, este escore foi mantido nas análises. KOURY FILHO et al. (2009) e GORDO (2010) encontraram maiores frequências para os valores extremos 1 e 6 dos escores E, P e M.

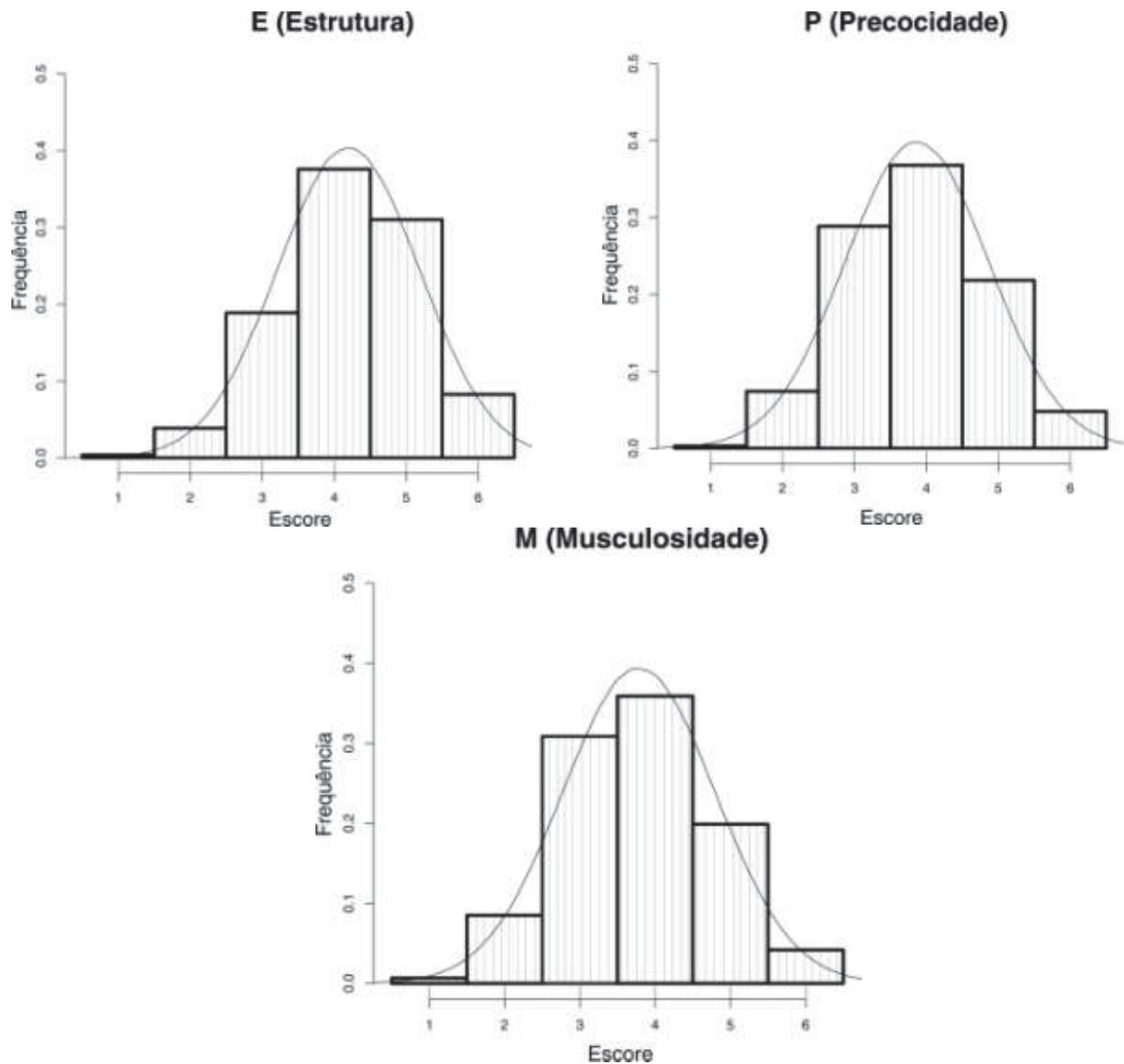


Figura 2. Frequência e distribuição normal teórica com parâmetros $\mu= 4,19; 3,86$ e $3,78$ e $\sigma^2= 0,98; 1$ e 1 , para os escores visuais de estrutura, precocidade e musculosidade.

As distribuições tridimensionais com as frequências por duplas para os escores visuais (Figura 3) indicam associação fenotípica entre os escores visuais, principalmente entre as características de precocidade (P) e musculosidade (M). Estes resultados sugerem que existe dependência fenotípica entre as dimensões do retângulo formado pelos escores E, P e M. As menores frequências por duplas aconteceram para

valores antagônicos (Ex. M=6, E=1), e as maiores frequências ocorreram para os valores intermediários.

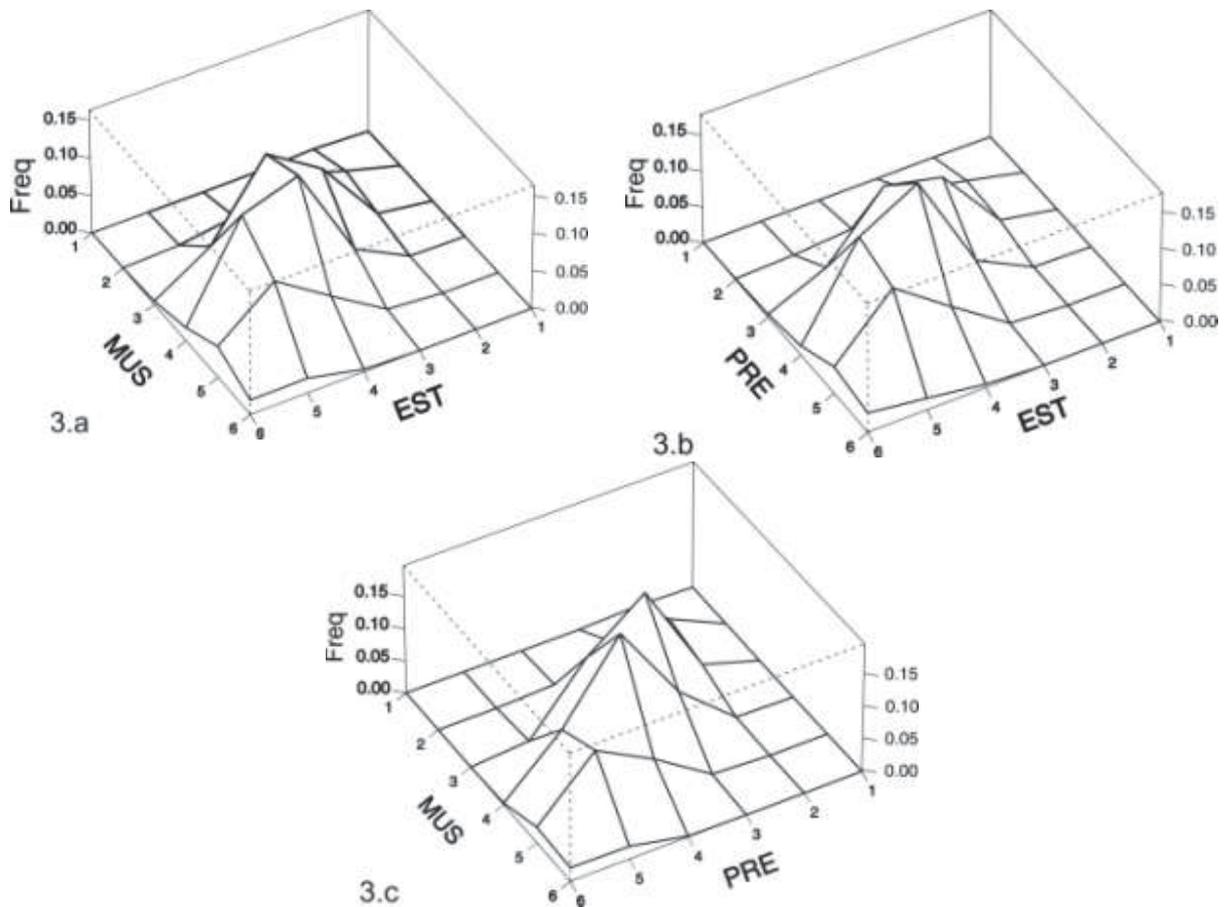


Figura 3. Distribuição das frequências por combinações das diferentes duplas entre os escores visuais (3.a = Estrutura x Musculosidade, 3.b = Estrutura x Precocidade e 3.c = Precocidade x Musculosidade)

A média para ganho de peso diário (GPD) apresentou-se semelhante ao reportado por YOKOO et al. (2007), de 0,51 Kg. No entanto, SARMENTO et al. (2003) e BALBE et al. (2007) reportaram valores inferiores, de 0,28 e 0,39 Kg, respectivamente, para o ganho de peso diário da desmama ao sobreano em gado Nelore criado a pasto.

O peso médio aos 18 meses (P18) de 357,5 Kg foi semelhante ao reportado por YOKOO et al. (2007) e superior aos valores encontrados por MACEDO et al. (2009) e

CARNERO et al. (2001), de 301 e 309 Kg, respectivamente. A superioridade dos valores fenotípicos para as características GPD e P18 quando comparados com valores reportados na literatura, são produto das condições alimentares e de manejo mais favoráveis para os animais envolvidos na prova de ganho de peso.

O perímetro escrotal (PE) foi mensurado ao final da prova de ganho de peso, com idades ao redor dos 18 meses e valor médio de 27,5 cm (Tabela 1). Este valor apresentou-se semelhante aos valores de 26,1, 26,2 e 27,6 cm reportados por CARNEIRO et al. (2001), DIAS et al. (2006) e YOKOO et al. (2007), que também avaliaram PE ao redor dos 18 meses de idade para a raça Nelore.

As estimativas de herdabilidade para as características em estudo, sob análise multi-característica estão apresentadas na Tabela 2. De forma geral os valores de herdabilidade e as variâncias genéticas e fenotípicas apresentaram-se semelhantes entre as análises uni-característica e multi-característica. As herdabilidades, nos diferentes modelos testados, para os escores visuais de E, P e M apresentaram-se menores quando foi incluída a covariável de peso ao final da prova, indicando que a correção por peso diminui a variância genética aditiva. Possivelmente, isto é explicado pelo fato dos escores apresentarem alta associação genética com o peso (Tabela 2)

As herdabilidades para os escores visuais de E, P e M (Tabela 2) apresentam-se semelhantes aos valores encontrados por GORDO (2010) de 0,24, 0,38 e 0,29 e FARIA et al. (2010) de 0,27, 0,38 e 0,30, respectivamente, que avaliaram os escores ao sobreano. Estas estimativas foram menores que as encontrados por YOKOO et al. (2009) de 0,42, 0,65 e 0,49 e FARIA et al. (2009) de 0,68, 0,65 e 0,62, respectivamente. KOURY FILHO et al. (2009) encontraram herdabilidade semelhante para o escore E (0,24), entretanto, os valores para P e M foram maiores (0,63 e 0,48 respectivamente). Todos os trabalhos foram realizados com dados da raça Nelore.

Os valores das herdabilidades dos escores visuais indicam que a seleção direta para estas características, trará progressos genéticos. Isto viabiliza sua inclusão em programas de melhoramento genético, para a seleção de biótipos morfológicos, economicamente mais eficientes, de acordo com o sistema em que estão sendo criados.

Tabela 2. Estimativas da análise multi-característica, de variâncias genéticas (σ_a^2) e fenotípicas (σ_f^2), herdabilidades (diagonal principal), correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal), com seus respectivos erros-padrão em parêntesis, para as características de estrutura (E), precocidade (P), musculosidade (M), ganho de peso diário (GPD - Kg), peso aos 18 meses (P18 – Kg) e o perímetro escrotal (PE - cm).

Caract.	E	P	M	GPD	P18	PE
E	0,30 (0,04)	0,77 (0,04)	0,76 (0,04)	0,45 (0,09)	0,83 (0,04)	-0,04 (0,14)
P	0,56 (0,01)	0,37 (0,04)	0,95 (0,02)	0,50 (0,08)	0,81 (0,04)	-0,05 (0,13)
M	0,60 (0,01)	0,72 (0,01)	0,32 (0,04)	0,46 (0,08)	0,80 (0,04)	-0,03 (0,14)
GPD	0,27 (0,01)	0,33 (0,01)	0,34 (0,01)	0,26 (0,04)	0,78 (0,04)	-0,21 (0,14)
P18	0,60 (0,01)	0,56 (0,01)	0,59 (0,01)	0,83 (0,01)	0,37 (0,04)	-0,08 (0,13)
PE	0,03 (0,03)	0,06 (0,03)	0,05 (0,03)	-0,06 (0,03)	-0,01 (0,03)	0,44 (0,08)
σ_a^2	0,27	0,30	0,28	0,0019	161,79	1,91
σ_f^2	0,90	0,80	0,89	0,0074	437,12	4,37

A estimativa de herdabilidade para GPD foi semelhante à obtida por OLIVEIRA JUNIOR (2009), avaliada em animais da raça Nelore submetidos à prova de ganho de peso em confinamento, com duração de 168 dias. GUNSKI et al. (2001) e SARMENTO et al. (2003) reportaram valores de herdabilidade semelhantes de 0,20 e 0,21, respectivamente, para o ganho de peso diário da desmama ao sobreano. No entanto, BOLIGON et al. (2006), reportaram valores superiores (0,44) para a mesma característica, em uma população Angus-Nelore.

OLIVEIRA JUNIOR (2009), reportou herdabilidade de 0,34 para o peso final da prova de ganho de peso em gado Nelore, valor que é semelhante ao encontrado neste trabalho para a característica P18, medida ao final da prova. Valores semelhantes foram encontrados por GUNSKI et al. (2001) e CARNERO et al. (2001). Enquanto YOKOO et al. (2007), reportaram valores superiores (0,49), e FRIZZAS et al. (2009)

trabalhando com machos da raça Nelore estimaram valores de herdabilidade para P18 (0,25) inferiores aos encontrados neste trabalho.

A superioridade do valor da herdabilidade para o peso ao final da prova P18, quando comparado com o GPD, mostra-se concordante com os resultados obtidos por SCHENKEL et al. (2002), que analisando dados de testes de desempenho no Canadá, também relataram estimativa de herdabilidade maior para o peso ao final do período (0,40), quando comparada, ao ganho de peso (0,33).

A herdabilidade para PE apresentou-se semelhante ao encontrado por YOKOO et al. (2007) e FRIZZAS et al. (2009) de 0,42, em ambos trabalhos. Entretanto, esta foi maior que as estimativas encontradas por BOLIGON et al. (2006) e CARNERO et al. (2001), em gado Nelore, que foram de 0,22 e 0,36 respectivamente.

As correlações genéticas entre os escores visuais (Tabela 2) apresentam-se altas, sendo que a maior associação genética foi entre os escores P e M (0,95). Valores semelhantes foram reportados por KOURY FILHO et al. (2009) e GORDO (2010), de 0,88 e 0,89, respectivamente.

KOURY FILHO et al. (2009); FARIA et al. (2010) e GORDO (2010), reportaram correlações genéticas de baixas a moderadas, 0,11 a 0,49 entre o escore de E e P, medidos ao sobreano. Valores maiores foram encontrados neste trabalho. Estes mesmos autores encontraram correlações genéticas de moderadas a altas (0,23 a 0,63) entre os escores de E e M, sendo estes valores inferiores aos aqui encontrados.

As altas correlações genéticas exibidas entre os escores visuais sugerem que existe uma dependência entre as dimensões do retângulo formado pelos escores E, P e M. Assim a seleção para qualquer dos escores visuais trará mudanças genéticas no mesmo sentido para os outros dois escores, dificultando a seleção de forma individual para E, P e M, nos casos em que o animal ideal não seja aquele com valor igual para os escores (ex. configuração 6, 6 e 6).

A superioridade das correlações genéticas encontradas entre os escores E com P e M, com referência aos valores reportados por YOOKO et al. (2009) e FARIA et al. (2010), pode ser atribuída à variabilidade de biótipos existentes na raça Nelore, ao uso

de diferentes modelos na estimação dos componentes de variância ou a diferenças na estrutura de dados.

As correlações genéticas entre o escore E e as características de GPD e P18 foram de 0,45 e 0,83 respectivamente, enquanto a correlação genética com PE foi próxima de zero (-0,04). Valores semelhantes foram reportados por KOURY FILHO et al. (2009), entre o escore E e o P18. FARIA et al. (2009), trabalhando com a raça Nelore, encontram correlações genéticas altas (0,94) entre o escore E medido ao sobreano e o peso as 120 dias. Para a metodologia CPM, KOURY FILHO et al. (2010), encontraram correlação de 0,83 entre C e peso ao sobreano.

A forte associação genética existente entre E e o peso do animal é esperada, uma vez que o escore de estrutura faz uma estimação da área corporal do animal compreendida pelas dimensões de comprimento e profundidade de costelas.

Não foram encontrados trabalhos que estimaram a correlações entre E com GPD e PE. No entanto, KOURY FILHO (2005) e WEBER et al. (2009), trabalhando com a metodologia CPM, encontraram correlações genéticas entre C e GPD, de 0,31 e 0,66 respectivamente. Para o PE, FARIA et al. (2009), trabalhando com a metodologia MERCOS, reportaram correlação de 0,47 entre PE avaliado aos 18 meses e o escore de E.

O escore de precocidade apresentou correlação genética positiva com o GPD e P18, de 0,5 e 0,81, respectivamente, enquanto a correlação genética com PE foi próxima de zero (-0,05). Este resultado mostra que a seleção para P trará maiores pesos aos 18 meses e maiores ganhos de peso diários, entretanto não mudará o PE. KOURY FILHO et al. (2009), encontraram associação genética semelhante (0,63) entre P e peso ao sobreano. Entretanto, KOURY FILHO et al. (2010), utilizando a metodologia COM, reportaram correlação de 0,59, entre P e peso ao sobreano.

Para a correlação genética entre precocidade com GPD e PE não foram encontrados trabalhos na literatura. No entanto, para a metodologia CPM, KOURY FILHO (2005) e CARDOSO et al. (2004), avaliando ganho de peso pós-desmama, encontraram correlações de 0,52 e 0,59 com P, respectivamente. Estes resultados apresentaram-se semelhantes aos encontrados neste trabalho, levando-se em conta

que foram provenientes de metodologias de avaliação visual diferente. A associação genética entre características reprodutivas e o escore de P foi avaliada por SHIOTSUKI et al. (2009), que encontraram correlação genética favorável e de baixa magnitude (0,18) entre o escore P da metodologia CPM e a probabilidade de prenhez precoce aos 16 meses.

A musculosidade (M) apresentou associação genética de moderada e alta magnitude com o GPD e P18, de 0,46 e 0,80, respectivamente. Entretanto, a correlação com PE (-0,03) apresentou o mesmo comportamento dos escores E e P, com erros-padrão altos, isto possivelmente devido ao menor número de registros existentes para o perímetro escrotal (Tabela 1). Estes resultados indicam que a maioria dos genes que influenciam o PE, não afetam os escores visuais. Correlações genéticas de menor magnitude entre M e peso ao sobreano foram reportadas por KOURY FILHO et al. (2009; 2010) com valores iguais a 0,5 e 0,58, respectivamente.

As correlações genéticas semelhantes, entre os escores visuais e as características de GPD, P18 e PE (Tabela 2), junto com as altas correlações genéticas, existentes entre os escores visuais de E, P e M, e suas estimativas de herdabilidade moderadas, sugerem que a inclusão de só um dos escores visuais dentro dos índices de seleção pode ser possível.

As correlações fenotípicas, de um modo geral, apresentam a mesma tendência que as correlações genéticas, porém de menor magnitude. As correlações fenotípicas entre os escores E, P e M com PE foram próximas de zero, indicando que existe baixa associação fenotípica entre as características.

Os trabalhos encontrados na literatura que estimam correlações entre os escores E, P e M com características de crescimento são escassos (FARIA et al. 2009; KOURY FILHO et al., 2009). Isto torna necessária a realização de novos trabalhos que permitam estabelecer com maior precisão, a relação existente entre os escores visuais da metodologia EPMURAS com outras características de importância econômica.

Conclusões

As herdabilidades de estrutura, precocidade e musculosidade, apresentaram-se moderadas sendo, portanto, possível a seleção direta para estas características.

A alta correlação genética existente entre os escores visuais de estrutura, precocidade e musculosidade, indica que as três características são controladas em grande parte pelo mesmo grupo de genes. Logo, a seleção a favor de um dos escores visuais deve promover ganhos genéticos no mesmo sentido nos demais.

As estimativas das correlações genéticas dos escores visuais com o peso aos 18 meses e o ganho de peso diário, indicam que a seleção para um dos escores visuais, resultará em ganho genético correlacionado para o peso aos 18 meses e o ganho de peso diário.

Os genes que controlam o perímetro escrotal não são os mesmos que afetam os escores visuais de estrutura, precocidade e musculosidade. Assim, a seleção para os escores visuais não deve trazer mudanças genéticas para o perímetro escrotal.

Referências Bibliográficas

BALBÉ, D. D.; RORATO, P.R.; ANDREAZZA, J.; KIPPERT, C. J.; LOPES, J. S.; WEBER, T.; BOLIGON, A. A.; FERREIRA, G. B. Tendências genética e fenotípica para ganho de peso médio diário entre a desmama e o sobreano em uma população Angus x Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia.**, v. 59, n. 1, p. 225-232, 2007

BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R.; WEBER, T.; EVERLING, D. M.; LOPES, J. S. Herdabilidades para ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal ao sobreano e tendências genética e fenotípica para ganho de peso da desmama ao sobreano em bovinos Nelore-Angus. **Revista brasileira de zootecnia**, v. 35, n. 4, p. 1323-1328, 2006

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características pós-desmama em bovinos da raças Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n.12, p.313-319, 2004.

CARNERO, A. V.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A.; OLIVEIRA, H. N. Comparação entre Alguns Critérios de Seleção para Crescimento na Raça Nelore. **Revista brasileira de zootecnia**, v. 30, n. 3, p. 714-718, 2001.

COSTA, G. Z.; QUEIROZ, S. A.; OLIVEIRA, J. A.; FRIES, L. A. 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, Jaboticabal, SP**, v.24, n.3, 172-176, 2008.

DIAS, J. C.; ANDRADE, V. J.; FRIDRICH, A. B.; SALVADOR, D. F.; VALE FILHO, V. R.; CORRÊA, A. B.; SILVA, M. A. Estimativas de parâmetros genéticos de características reprodutivas de touros Nelores, de dois e três anos de idade. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.3, p.388-393, 2006.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; REYES, A.; BEZERRA, L. A.; LOBO, R. B. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.835-841, 2008.

FARIA, C. U.; KOURY FILHO, W.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Bayesian inference in genetic parameter estimation of visual scores in Nellore beef-cattle. **Genetics and Molecular Biology**, v. 32, n. 4, p. 753-760, 2009.

FARIA, C.U.; PIRES, B.C.; VOZZI, A.P.; MAGNABOSCO, C.U.; KOURY FILHO, W.; VIU, M.A.O.; OLIVEIRA, H.N.; LÔBO, R.B. Genetic correlations between categorical morphological traits in Nellore cattle by applying Bayesian analysis under a threshold animal model. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. v. 127, n. 5, p. 377–384, 2010

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

FORNI, S.; FEDERICI, J. F. & ALBUQUERQUE, L. G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura a desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia.** v. 36, p. 572-577, 2007.

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

FRIZZAS, O. G.; GROSSI, D. A.; BUZANSKAS, M. E.; PAZ, C. C.; BEZERRA, L. A.; LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, J. A.; MUNARI, D. P. Heritability estimates and genetic correlations for body weight and scrotal circumference adjusted to 12 and 18 months of age for male Nelore cattle. **Animal,** v. 3, n. 3, p. 347–351. 2009

GORDO, D. M. **Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaça, medidas por ultrassonografia, e suas relações com escores visuais na raça nelore.** 2010. 54p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2010.

GUNSKI, R. J.; GARNERO, A. V.; REYES BORJAS, A. R.; BEZERRA, L. A.; LÔBO, R. B. Estimativas de parâmetros genéticos para características Incluídas em critérios de seleção em gado nelore. **Ciência Rural, Santa Maria,** v. 31, n. 4, p. 603-607, 2001

JORGE JÚNIOR, J.; PITA, F. V.; FRIES, L. A. et al. Influência de alguns fatores de ambiente sobre os escores de conformação, precocidade e musculatura à desmama em um rebanho da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v.30, p.1697-1703, 2001.

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

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

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M.; FORNI, S.; SILVA, J. A. V.; LÔBO, R. B. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 12, p. 2362-2367, 2009.

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

LONG, R. A. **The Ankony Scoring System: its uses in herd improvement.** Colorado: ANKONY Corporation, 1973, 21p.

MACEDO, O. J.; BARBIN, D.; MOURÃO, G. B. Genetic parameters for post weaning growth of Nelore cattle using polynomials and trigonometric functions in random regression models. **Science Agriculture** (Piracicaba, Braz.), v.66, n.4, p.522-528, July/August 2009.

MEYER, K. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006, CD-ROM.

OLIVEIRA JUNIOR, B. C. **Modelos De Análise De Dados De Provas De Ganho Em Peso De Bovinos Da Raça Nelore.** 2009. 60p. Dissertação (Mestrado em Genética e

Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2009.

R Development Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2010, ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>

SARMENTO, J. L.; FILHO, E. C.; RIBEIRO, M. N.; FILHO, R. M. Efeitos Ambientais e Genéticos sobre o Ganho em Peso Diário de Bovinos Nelore no Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 2, p. 325-330, 2003.

SCHENKEL, F. S.; MILLER, S. P.; JAMROZIK, J. et al. Two-step and random regression analyses of weight gain of station-tested beef bulls. **Journal of Animal Science**, v.80, p.1497-1507, 2002.

SHIOTSUKI, L.; SILVA, J. A.; TONHATI, H.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic associations of sexual precocity with growth traits and visual scores of conformation, finishing, and muscling in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 87, p. 1591-1597. 2009.

WEBER, T.; NOGARA, P. R.; LOPES, J. S.; GRIGOLETTO, J.; DORNELLES, M. A.; ARAÚJO, R. O. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para escores visuais na fase pós-desmama de bovinos da raça Aberdeen Angus. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.3, p.832-837, mai-jun, 2009.

YOKOO, M. J.; ALBUQUERQUE, L. G.; LÔBO, R. B.; SAINZ, R. D.; CARNEIRO JÚNIOR, J. M.; BEZERRA, L. A.; ARAUJO, F. R. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n. 6, p. 1761-1768, 2007.

YOKOO, M. J.; WERNECK, J. N.; PEREIRA, M. C.; ALBUQUERQUE, L. G. de; KOUY FILHO, W.; SAINZ, R. D.; LOBO, R. B.; ARAUJO, F. R. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.197-202, 2009.

CAPÍTULO 3- USO DE MODELOS LINEARES MISTOS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ESCORES VISUAIS: ESTUDO DE SIMULAÇÃO.

RESUMO: Objetivou-se avaliar a aplicação do modelo linear misto na avaliação genética de uma característica de escore visual (estrutura corporal), por meio de dados simulados, com dois níveis de herdabilidade (0,1 e 0,4) e quatro níveis de conectabilidade entre os grupos contemporâneos (60, 38, 20 e 8 %). O total de cenários simulados foi oito, sendo que cada um teve 50 repetições. A população simulada foi composta por duas gerações, a partir de uma população base de 60 touros e 660 fêmeas, e um total de 3360 indivíduos, sendo que 2640 com fenótipo para o escore visual de estrutura. Para a simulação dos escores visuais assumiu-se uma variável contínua subjacente ao escore E. Os escores foram atribuídos simulando a metodologia usada pelos avaliadores, sendo que dentro dos 48 grupos contemporâneos simulados, existiam animais com escores 1 até 6. Os critérios de avaliação foram o erro quadrático médio (EQM) para o valor de herdabilidade e correlações de Spearman entre os valores genéticos verdadeiros e preditos para os 60 touros. Os valores de herdabilidade estimados apresentaram-se próximos aos valores paramétricos, no entanto com subestimação média de 7%. As correlações de Spearman mostraram-se superiores para os cenários com herdabilidade de 0,4 (0,87 a 0,89), indicando que a estimação de valores genéticos é mais complexa em populações com baixa herdabilidade. Os diferentes níveis de conectabilidade, não afetaram a estimação dos parâmetros e valores genéticos, isto é explicado porque o efeito fixo simulado, não se apresentou significativo para o escore visual de estrutura. A partir dos resultados obtidos pode-se concluir que a metodologia dos modelos lineares mistos apresenta-se adequada na avaliação dos escores visuais.

Palavras-chave: gado de corte, parâmetros genéticos, software R

Introdução

A avaliação por escores é feita por meio de apreciação visual, para características morfológicas, com o objetivo de identificar biótipos mais produtivos e animais com melhor conformação da carcaça no momento do abate. Estas características têm condições especiais: são variáveis categóricas com número de níveis que variam dependendo da metodologia empregada, de 1 a 6 para EPMURAS e de 1 a 5 para CPM e MERCOS, e são relativos ao grupo de animais avaliado como descrito por KOURY FILHO & ALBUQUERQUE (2002).

Na literatura, encontram-se trabalhos que objetivaram estabelecer o melhor modelo e metodologia para a estimação dos parâmetros e valores genéticos para as características de escores visuais. FARIA et al. (2008) compararam as estimativas de parâmetros genéticos para escores visuais com estimação bayesiana usando modelo linear e de limiar, concluindo que os dois modelos eram adequados para estas características uma vez que ambos produziram estimativas semelhantes. VAN MELIS et al. (2003), compararam os métodos \Re e de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), sob modelo linear, para a estimação de parâmetros genéticos de escores visuais, concluindo que os dois métodos podem ser empregados para avaliar escores visuais. No entanto, estes autores usaram dados reais, não sendo possível a comparação das estimativas com os parâmetros verdadeiros da população.

A grande maioria dos trabalhos que estimaram parâmetros genéticos para as características de escores visuais utilizaram o modelo linear, e os componentes de variância fornecidos pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), pela facilidade de aplicação e pelo menor tempo gasto de processamento quando comparado com modelos de limiar (JORGE JÚNIOR et al., 2001; CARNEIRO, 2007; GORDO, 2010).

Na metodologia EPMURAS os escores são aplicados dentro de grupos contemporâneos, nos quais os valores de 1 a 6 devem ser atribuídos. Dessa forma, os escores são relativos ao grupo de animais avaliados e de acordo com KOURY FILHO &

ALBUQUERQUE (2002), não são comparáveis indivíduos com o mesmo escore e que pertençam a grupos de avaliação distintos.

Devido ao processo de medida relativa, a estimação dos efeitos de grupo contemporâneo, via metodologia de modelos lineares mistos, espera-se seja mais complexa, uma vez, que animais provenientes de diferentes grupos, não são comparáveis e as médias dos grupos contemporâneos são muito próximas, gerando possivelmente estimativas de valores genéticos com maiores erros. As predições assim obtidas podem causar alterações no ordenamento dos indivíduos para fins de seleção, produzindo respostas menores do que as esperadas.

O objetivo, deste trabalho não é avaliar, o uso do modelo linear para características categóricas, pois isto já foi feito por outros autores (MEIJERING & GIANOLA, 1985; ABDEL-AZIM & BERGER, 1999; FARIA et al., 2008). Neste contexto, o objetivo é avaliar, por meio de dados simulados, o uso de modelos lineares mistos para características de escores visuais, atribuídos com referência ao grupo de animais avaliados, e não baseados em uma referência absoluta.

Material e Métodos

A população simulada foi composta de duas gerações, estruturada a partir da população base (G0) com 60 touros e 660 fêmeas com ancestrais desconhecidos, os quais foram acasalados aleatoriamente para a obtenção da geração um (G1) com a restrição de cada matriz gerar apenas 2 descendentes, totalizando 1320 animais. Para a obtenção da geração dois (G2) foram escolhidas, aleatoriamente, 660 fêmeas da G1 para serem acasaladas aleatoriamente com os 60 touros da G0 (Figura 1). A restrição de que os pais não podiam se acasalar com as filhas foi imposta. Cada matriz teve em média, 2 descendentes, totalizando 1320 animais na G2. O total de animais no pedigree foi de 3360, dos quais, 2640 tinham fenótipo para a característica de estrutura. O total de filhos por touro foi igual a 44 animais.

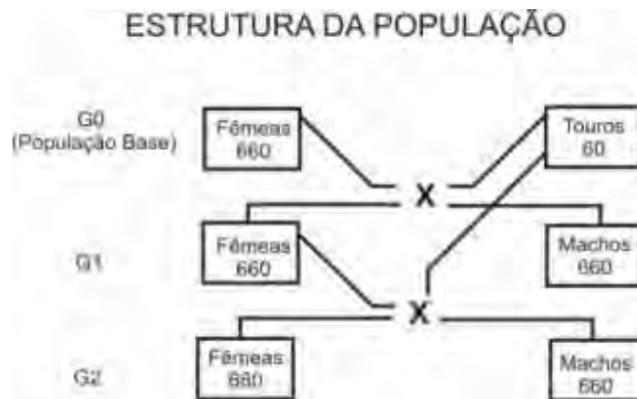


Figura 1. Representação esquemática da estrutura populacional simulada.

Para a simulação dos valores fenotípicos do escore visual, foi considerada uma característica contínua com distribuição normal adjacente à característica discreta do escore E (estrutura). Os valores fenotípicos para a característica contínua foram modelados como:

$$y_{ijk} = \mu + f_i + a_{ij} + e_{ijk}$$

em que,

y_{ijk} = valor fenotípico da característica contínua, para o j -ésimo animal, dentro do i -ésimo grupo contemporâneo;

μ = média da população igual a 0;

f_i = efeito fixo do i -ésimo grupo contemporâneo;

a_{ij} = valor genético aditivo, do j -ésimo animal, pertencente ao i -ésimo grupo contemporâneo;

e_{ijk} = efeito do ambiente aleatório.

Os valores genéticos aditivos foram simulados utilizando-se o pacote *kinship* do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010), o qual constrói a matriz de parentesco \mathbf{A} , a partir de um pedigree existente. Assim a matriz de variâncias e covariâncias genéticas (\mathbf{G}) entre os indivíduos pode ser obtida como:

$$G = A * \sigma_a^2$$

em que,

A = matriz dos coeficientes de parentesco de Wright;

σ_a^2 = variância genética aditiva da característica, foi usado o valor de 0,4 para todos os cenários simulados.

Amostrou-se então 3360 valores de uma distribuição normal multivariada caracterizada como:

$$a \sim NMV(0, G)$$

em que,

a = vetor de valores genéticos aditivos amostrados;

0 = vetor de zeros para as medias.

Finalmente, o vetor a pode ser representado como:

$$a = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ \vdots \\ a_{3360} \end{bmatrix}$$

Os valores de ambiente aleatório foram amostrados de uma distribuição normal caracterizada por:

$$e_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2), \text{ em que;}$$

σ_e^2 = Variância devida aos efeitos de ambiente aleatório.

O valor de σ_e^2 é obtido a partir dos valores conhecidos de herdabilidade e variância genética aditiva:

$$\sigma_e^2 = \sigma_a^2 \left(\frac{1}{h^2} - 1 \right)$$

O vetor e pode ser representado como:

$$e = \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ \vdots \\ e_{2640} \end{bmatrix}$$

O vetor de efeitos de grupos de contemporâneos, f , é gerado a partir de amostragens sucessivas de uma distribuição normal com média 0 e variância correspondente a k da variância fenotípica:

$$f \sim N(0, k\sigma_p^2)$$

em que,

f = Efeito do i -ésimo grupo de contemporâneos;

k = Constante igual a 0,1;

σ_p^2 = Variância fenotípica da característica contínua.

O número de amostragens para a simulação dos efeitos de grupo de contemporâneos foi de 48. Assim,

$$f = \begin{bmatrix} f_1 \\ f_2 \\ f_3 \\ \vdots \\ f_{48} \end{bmatrix}$$

Cada um desses efeitos foi distribuído pelos 2640 animais da G1 e G2. O processo de amostragem sem reposição foi repetido até que todos os indivíduos estivessem submetidos a um efeito de grupo contemporâneo, com a restrição que o número de indivíduos por grupo contemporâneo fosse igual, neste caso 55 indivíduos.

Para gerar os escores para a característica de estrutura dentro de cada grupo contemporâneo (animais pertencentes a um mesmo efeito fixo), foi simulada a metodologia empregada pelos avaliadores, descrita por KOURY FILHO & ALBUQUERQUE (2002). Em cada grupo de contemporâneos, assumiu-se que os valores fenotípicos da característica contínua seguiram uma distribuição normal. Então se dividiu os valores fenotípicos em intervalos, os quais foram associados a um escore, como indicado na Tabela 1.

Assim, garantiu-se que dentro de cada grupo de contemporâneos, os escores 1 a 6 fossem atribuídos. Os limites dos intervalos foram definidos empiricamente, de forma que a distribuição dos escores simulados se assemelhasse à distribuição observada nos dados reais.

Tabela 1. Intervalos da distribuição normal, associados aos valores do escore visual de estrutura dentro de cada grupo de contemporâneos.

Intervalo	Escore
$Y_{ij} < -1,6\sigma_p$	1
$-1,6\sigma_p \leq Y_{ij} < -0,8\sigma_p$	2
$-0,8\sigma_p \leq Y_{ij} < 0$	3
$0 \leq Y_{ij} < 0,8\sigma_p$	4
$0,8\sigma_p \leq Y_{ij} < 1,6\sigma_p$	5
$Y_{ij} \geq 1,6\sigma_p$	6

σ_p = Desvio Padrão fenotípico por grupo contemporâneo, Y_{ij} = Valor fenotípico característica continua.

A conectabilidade entre grupos contemporâneos é um fator importante para a qualidade das estimativas. Esta permite corrigir para os efeitos sistemáticos de ambiente (estimação do efeito do grupo contemporâneo), aumentando consequentemente, a precisão das estimativas de parâmetros e valores genéticos (KENNEDY & TRUS, 1993).

Uma vez que a conectabilidade entre grupos pode ser um fator importante no processo de estimação dos efeitos de grupo contemporâneo, foram simuladas populações considerando quatro níveis de conectabilidade entre os grupos contemporâneos: touros com filhos em 60, 38, 20 e 8 % dos 48 grupos contemporâneos, junto com dois valores de herdabilidade, baixo e moderado, iguais a 0,1 e 0,4 respectivamente. Cada cenário simulado foi repetido 50 vezes para obter resultados mais confiáveis. Na Tabela 2 são apresentados os cenários de simulação.

Tabela 2. Cenários de simulação utilizados de acordo com o valor de herdabilidade (h^2) e conectabilidade entre grupos contemporâneos para o escore visual de estrutura.

Cenário	h^2	% C	GC/T	GC	Repetições
1	0,1	60	27-31	48	50
2	0,1	38	16-20	48	50
3	0,1	20	8-12	48	50
4	0,1	8	3-5	48	50
5	0,4	60	27-31	48	50
6	0,4	38	16-20	48	50
7	0,4	20	8-12	48	50
8	0,4	8	3-5	48	50

h^2 = herdabilidade; %C= porcentagem de conectabilidade, GC/T= número de grupos contemporâneos por touro; GC= número de grupos contemporâneos.

O processo de simulação das populações foi feito com o software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010), apresentado no Anexo 1. A estimação dos parâmetros e valores genéticos, dos dados simulados foi feita por meio de máxima verossimilhança restrita (REML), sob modelo animal, usando o software Wombat (MEYER, 2006).

O modelo usado pode ser representado em forma matricial como:

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

Em que: Y = vetor das observações da característica estrutura; X = matriz de incidência associada aos efeitos fixos; β = vetor de solução para os efeitos fixos; Z = matriz de incidência associada ao efeito genético aditivo direto de cada animal; a = vetor de soluções para os efeitos genéticos aditivos diretos aleatórios e e = vetor dos resíduos. Como efeito fixo foi considerado o grupo de contemporâneos.

Para avaliar a qualidade da predição da metodologia de modelos mistos para as características de escore, foram usados os seguintes critérios:

- Erro Quadrático Médio (EQM), para comparar as estimativas de herdabilidade obtidas com o valor paramétrico. Segundo CASELA & BERGER (1990), o EQM é uma função que mede a diferença do quadrado médio entre o estimador (\hat{h}^2_i) e o parâmetro (h^2) e foi calculado em relação ao valor verdadeiro da herdabilidade. O EQM é definido da seguinte forma:

$$EQM = \frac{1}{N} * \left[\sum_{i=1}^N \frac{(\hat{h}^2_i - h^2)^2}{h^2} \right]$$

em que N é o número de repetições em cada cenário, neste caso 50.

- Correlações de Spearman, entre o valor genético verdadeiro e os valores preditos obtidos pelo software Wombat, para os 60 touros da G0.

Resultados e Discussão

O efeito fixo, de grupo contemporâneo simulado, apresentou-se significativo ($p < 0,05$), para a característica contínua adjacente ao escore visual, no entanto não foi significativo para a característica de estrutura. Este resultado pode ser explicado pelo fato que a atribuição dos escores com referência ao grupo de animais avaliados, faz uma correção a priori para os efeitos de grupo contemporâneo, fazendo com que as médias dos grupos contemporâneos sejam semelhantes e, portanto as diferenças são muito pequenas ou nulas. Assim, pode-se dizer que o mesmo escore atribuído a dois indivíduos, pertencentes a grupos diferentes, são comparáveis uma vez que o escore reflete o “desempenho” esperado desses indivíduos, se fossem criados sob as mesmas condições de ambiente.

Em dados reais, a inclusão do efeito fixo de grupo contemporâneo dentro do modelo, corrige para o efeito de usar diferentes avaliadores numa mesma população, porque é difícil, que todos os avaliadores usem os mesmos critérios para atribuir os escores (subjetividade). O fato de ter utilizado no processo de simulação um único critério na atribuição dos escores visuais, não permitiu que existisse diferença significativa entre os grupos contemporâneos. No entanto, nas análises, esse efeito foi mantido para

concordância com os modelos usados na literatura (FORNI et al., 2007; FARIA et al., 2009 e WEBER et al., 2009)

As médias das estimativas de herdabilidade e erro quadrático médio (EQM) para os diferentes cenários estão apresentadas na Tabela 3. De forma geral, o EQM apresentou um valor semelhante em todos os cenários simulados, indicando que o valor de herdabilidade e o nível de conectabilidade não apresentaram influência na qualidade da estimação do parâmetro de herdabilidade.

Todos os cenários simulados apresentaram, em média, uma subestimação da herdabilidade em 7%. MEIJERING & GIANOLA (1985), em um estudo de simulação, avaliando com modelo linear características categóricas de dois e quatro níveis, encontraram subestimação para o parâmetro de herdabilidade, 26 e 18 % respectivamente, indicando que quando os níveis da característica categórica aumentam, a estimação da herdabilidade é mais próxima do valor paramétrico.

Tabela 3. Médias das estimativas de herdabilidade (\hat{h}^2) e do erro quadrático médio (EQM) para cada cenário simulado.

Conectabilidade	Herdabilidade			
	0,1		0,4	
	\hat{h}^2	EQM	\hat{h}^2	EQM
60 %	0,084	0,00687	0,369	0,00725
38 %	0,094	0,00901	0,389	0,00413
20 %	0,101	0,00834	0,367	0,00864
8 %	0,092	0,00673	0,367	0,00884

As médias das correlações de Spearman, entre os valores genéticos verdadeiros e preditos para os 60 touros são apresentadas na Tabela 4. Percebe-se que as correlações foram maiores na medida em que o valor de herdabilidade aumentou, sendo que os cenários simulados com herdabilidade de 0,4 apresentaram as maiores correlações (0,879 a 0,895). Esta mesma tendência foi observada por MEIJERING &

GIANOLA (1985), que trabalharam com dados simulados, para uma característica categórica com quatro níveis e três valores de herdabilidade (0,05; 0,2 e 0,5), encontrando correlações entre os valores genéticos verdadeiros e preditos pelo modelo linear de 0,61; 0,80 e 0,92 para os três níveis de herdabilidade, respectivamente. O número de filhos por touro (50) usado por MEIJERING & GIANOLA foi próximo ao usado neste trabalho (44).

CARLÉN et al. (2006), trabalhando com dados simulados para a característica de presença ou ausência de mastite em gado leiteiro, mensurada como uma variável binomial e com herdabilidade de 0,038, encontraram correlações de 0,7 a 0,75 entre os valores genéticos verdadeiros e preditos, pelo modelo linear. Estes valores apresentam-se semelhantes aos encontrados neste trabalho para os cenários simulados com 0,1 de herdabilidade.

Tabela 4. Médias das correlações de Spearman entre os valores genéticos verdadeiros e preditos dos 60 touros, para cada cenário simulado.

Conectabilidade %	Herdabilidade	
	0,1	0,4
60	0,703 ^a	0,895 ^a
38	0,705 ^a	0,891 ^a
20	0,706 ^a	0,883 ^a
8	0,680 ^a	0,879 ^a

^a= comparação de médias pelo teste t ($\alpha < 0,05$) entre os diferentes níveis de conectabilidade para os cenários com herdabilidade de 0,4 e 0,1

Os valores estimados de herdabilidade e valores genéticos não foram influenciados pelo nível de conectabilidade como mostrado pelo teste t, (Tabela 4). Estes resultados podem ser explicados, considerando que a ideia de que touros tenham filhos em vários grupos contemporâneos é melhorar a qualidade das estimações dos efeitos fixos (neste caso o grupo contemporâneo) e, conseqüentemente, melhorar a qualidade das estimações dos valores e parâmetros genéticos. Se o efeito fixo de

grupos contemporâneos não se apresenta significativo (como foi o caso para a característica de estrutura), não há o que estimar no momento da análise e, portanto, não há o que melhorar com a ideia de conectabilidade.

Conclusão

A metodologia dos modelos lineares mistos apresentou-se adequada na estimação de parâmetros e valores genéticos para escores visuais, avaliados com referência ao grupo de contemporâneos.

Referências Bibliográficas

ABDEL-AZIM, G. A. & BERGER, P. J. Properties of threshold model predictions. **Journal Animal Science**. v. 77, n. 3, p. 582-590. 1999.

CARLÉN, E.; EMANUELSON, U.; STRANDBERG, E. Genetic evaluation of mastitis in dairy cattle using linear models, threshold models, and survival analysis: A simulation study. **Journal Dairy Science**. v. 89, n. 10, p. 4049–4057. 2006.

CARNEIRO, R. L. **Estimativas de parâmetros genéticos de escore de temperamento e de características de crescimento e de carcaça em animais da raça nelore**. 2007. 60p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2007.

CASELA, G.; BERGER, R.L. **Statistical inference**. Duxbury Press, 1990.

FARIA, C. U.; KOURY FILHO, W.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Bayesian inference in genetic parameter estimation of visual scores in Nelore beef-cattle. **Genetics and Molecular Biology**, v. 32, n. 4, p. 753-760, 2009.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; REYES, A.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, R.B. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.835-841, 2008.

FORNI, S.; FEDERICI, J. F. & ALBUQUERQUE, L. G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura a desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia.**, v. 36, p. 572-577, 2007.

GORDO, D. M. **Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaça, medidas por ultrassonografia, e suas relações com escores visuais na raça nelore.** 2010. 54p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2010.

JORGE JÚNIOR, J.; PITA, F.V.C.; FRIES, L.A. et al. Influência de alguns fatores de ambiente sobre os escores de conformação, precocidade e musculatura à desmama em um rebanho da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1697-1703, 2001.

KENNEDY, B. W. & TRUS, D. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model, **Journal of Animal Science.** v. 71, p. 2341-2352, 1993.

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

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M.; FORNI, S.; SILVA, J. A. V.; LÔBO, R. B. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia.**, v. 38, n. 12, p. 2362-2367, 2009.

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

MEIJERING, A. & GIANOLA, D. Linear versus nonlinear methods of sire evaluation for categorical traits: a simulation study. **Genetics Selection Evolution**. v.17, n.1, p. 115-132. 1985

MEYER, K. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006, CD-ROM.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2010, ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.

VAN MELIS, M. H.; ELER, J. P.; SILVA, J. A. V.; FERRAZ, J. B. S. Estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e R. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, p. 1624- 1632, 2003.

WEBER, T.; NOGARA, P. R.; LOPES, J. S.; GRIGOLETTO, J.; DORNELLES, M. A.; ARAÚJO, R. O. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para escores visuais na fase pós-desmama de bovinos da raça Aberdeen Angus. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.3, p.832-837, mai-jun, 2009.

YOKOO, M. J.; WERNECK, J. N.; PEREIRA, M. C.; ALBUQUERQUE, L. G. de; KOUY FILHO, W.; SAINZ, R. D.; LOBO, R. B.; ARAUJO, F. R. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.197-202, 2009.

Anexo 1: Implementação simulação em linguagem R

```

###===== Pacotes exigidos =====
library(kinship)
library(MASS)

rm(list=ls())
#=====
pedigrees<-list()
arqui.dados<-list()
vBst<-list()

for(w in 1:50) {
#=====PARÂMETROS=====
touros<- 60 #número de touros
femeas<- 660 #fêmeas geração zero
filhos_fem<-2 #número de filhos por touro
n_gc<-48 #número de grupos contemporâneos (GC)
h2<-0.4 #valor da herdabilidade
v.ge<-0.4 #valor da variância genética
#=====
filhos_touro<- (femeas*filhos_fem+ ((femeas*filhos_fem)/2)*filhos_fem)/touros # filhos por touro
ani_gc<- (femeas*filhos_fem+ ((femeas*filhos_fem)/2)*filhos_fem)/n_gc # animais por GC
G0<-femeas+touros # animais da geração zero
nT<- (femeas*filhos_fem+ ((femeas*filhos_fem)/2)*filhos_fem +(touros+femeas)) # total animais

###=====PEDIGREE=====
animal<-1:NT
###==Cenário onde os touros tem filhos em 60% dos 48 GC
pai<-c(rep(0,(touros+femeas)),sample(rep(1:touros,(length(animal)-(touros+femeas))/touros)))
###==Cenário onde os touros tem filhos em 38% dos 48 GC
pai<-c(rep(0,(touros+femeas)),rep(sample(rep(1:touros,((length(animal)-(touros+femeas))/touros)/2)),
rep(2,(length(animal)-(touros+femeas))/2)))
###==Cenário onde os touros tem filhos em 20% dos 48 GC
pai<-c(rep(0,(touros+femeas)),rep(sample(rep(1:touros,((length(animal)-(touros+femeas))/touros)/4)),
rep(4,(length(animal)-(touros+femeas))/4)))
###==Cenário onde os touros tem filhos em 8 % dos 48 GC
pai<-c(rep(0,(touros+femeas)),rep(sample(rep(1:touros,((length(animal)-(touros+femeas))/touros)/11)),
rep(11,(length(animal)-(touros+femeas))/11)))
mae<-c(rep(0,(touros+femeas)),sample(rep((touros+1):(femeas+touros),filhos_fem)), rep(0,(length(animal)-
(femeas*filhos_fem+touros+femeas))))
ped<-data.frame(animal,pai,mae)
for(i in (femeas*filhos_fem+touros+femeas+1):length(animal)){
ped[i,3]<-ifelse(ped[i,2]!=ped[(a<-sample(rep(sample((femeas+touros+1):(femeas*filhos_fem+femeas+touros),
femeas*filhos_fem/2),filhos_fem),1)),2],a,a-2)
}
}

```

```

###===== SIMULAÇÃO VALORES GENÉTICOS.=====
A<-2*kinship(ped[,1],ped[,2],ped[,3]) # Matriz de parentesco
vBani<-as.vector(mvrnorm(1,numeric(length(ped$animal)),A*v.ge)) # valores geneticos dos animais

###=====EFEITOS FIXOS=====
v.ef<-0.1*(v.ge/h2) #variância dos efeitos fixos 10% variância fenotípica
ef<-rep(sample(rnorm(100,0,sqrt(v.ef)),n_gc),rep(ani_gc,n_gc))

###=====EFEITO ALEATÓRIO RESIDUAL=====
v.er<-(v.ge/h2)-v.ge
erro<-rnorm(n_gc*ani_gc,0,sqrt(v.er))

###====VALORES FENOTÍPICOS====Característica continua adjacente ao escore visual====
feno<-0+ef+vBani[(G0+1):nT]+erro
dados<-data.frame("animal"=ped[(G0+1):nT,1],"GC"=ef,"vB"=vBani[(G0+1):nT],"Fen"=feno)

###=====VALORES FENOTÍPICOS=====Escore Visual de E=====
grupos<-split(feno,as.factor(ef))
Nfen<-function(q) { #função para atribuir os escores visuais a cada GC
  escor<-ifelse(q < mean(q)+(-1.6*sd(q)),1,
  ifelse(q>=mean(q)+(-1.6*sd(q)) & q < mean(q)+(-0.8*sd(q)),2,
  ifelse(q>=mean(q)+(-0.8*sd(q)) & q < mean(q),3,
  ifelse(q>=mean(q) & q < mean(q)+(0.8*sd(q)),4,
  ifelse(q>=mean(q)+(0.8*sd(q)) & q < mean(q)+(1.6*sd(q)),5,6))))))
}
escor<-lapply(grupos,Nfen)
escorE<-unsplit(escor,as.factor(ef))
dados$E<-escorE
dados$GC<-abs(round(dados$GC*100000))
dados<-dados[with(dados, order(animal)),]

###=====arquivos de saída=====
pedigrees[[w]]<- ped # arquivos de pedigree
arqui.dados[[w]]<-dados # arquivos de dados
vBst[[w]]<-vBani # arquivos dos valores genéticos verdadeiros
}

```