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

USO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARCAÇA EM BOVINOS NELORE

Rebeka Magalhães da Costa
Zootecnista

2019

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

USO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARCAÇA EM BOVINOS NELORE

Rebeka Magalhães da Costa

Orientador: Prof. Dr. Danísio Prado Munari

Coorientadora: Dra. Tatiane Cristina Seleguim Chud

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

2019

C837u

Costa, Rebeka Magalhães da

Uso de informação genômica para estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento e carcaça em bovinos Nelore / Rebeka Magalhães da Costa. -- Jaboticabal, 2019

47 p. : il., tabs.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal

Orientador: Danísio Prado Munari

Coorientadora: Tatiane Cristina Seleguim Chud

1. Análise de agrupamento. 2. Correlação genética. 3. Genômica. 4. Inferência Bayesiana. 5. ssGBLUP. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Jaboticabal

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: USO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARCAÇA EM BOVINOS NELORE

AUTORA: REBEKA MAGALHÃES DA COSTA
ORIENTADOR: DANISIO PRADO MUNARI
COORIENTADORA: TATIANE CRISTINA SELEGUIM CHUD

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

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

Pesquisadora Dra. LENIRA EL FARO ZADRA
Instituto de Zootecnia - IZ / Sertãozinho/SP

Prof. Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA
Departamento de Zootecnia / FCAV / Unesp - Jaboticabal

Jaboticabal, 20 de fevereiro de 2019

DADOS CURRICULARES DA AUTORA

REBEKA MAGALHÃES DA COSTA – nascida em 20 de outubro de 1992, na cidade de Fortaleza, Ceará. Filha de Maria de Fatima Magalhães Martins e José Maria Evangelista da Costa. Iniciou sua graduação em Zootecnia em março de 2012, na Universidade Federal do Ceará – UFC, Campus do Pici em Fortaleza-CE e obteve o título de Bacharel em Zootecnia em agosto de 2016. Em fevereiro de 2017 ingressou no curso de mestrado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Campus de Jaboticabal, sob orientação do Prof. Dr. Danísio Prado Munari e coorientação da Dra. Tatiane Cristina Seleguim Chud. Foi bolsista CNPq de março de 2017 a fevereiro de 2019.

.

“Uma resposta aproximada para o problema certo vale muito mais do que uma resposta exata para um problema aproximado”

(John Wilder Tukey)

Aos meus pais: Maria de Fátima e José Maria; aos meus irmãos: Alex, Philipe, Ariel, Demétrios e Júlio (*in memoriam*); aos meus sobrinhos: Miguel e Valentina; ao meu noivo Anderson; a todos os meus familiares; amigos e mestres, por todos os ensinamentos, momentos e paciência.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus por me proporcionar a vida, me guiar pelos melhores caminhos e por me prover saúde e determinação para atingir meus objetivos.

Aos meus pais, Maria de Fátima e José Maria, por todo amor incondicional, carinho, cuidado, proteção, compreensão, por todos os conselhos e ensinamentos e por nunca medirem esforços para me apoiar e me ver feliz.

Aos meus irmãos, Alex, Ariel, Demétrios, Philipe e Júlio (*in memoriam*), por todo amor, companheirismo, cuidado, amizade e aventuras.

Aos meus sobrinhos, Miguel e Valentina, por encherem a vida de alegria.

Ao meu noivo, Anderson Alves, por todo amor, carinho, companheirismo, amizade, por sempre estar ao meu lado em todos os momentos e por todo o ensinamento e ajuda nesta etapa da minha vida.

Às minhas cunhadas, Sheila, Lara e Andressa, e ao meu cunhado, Arlon, pela amizade, apoio, carinho e por fazerem parte da família.

Aos meus padrinhos Socorro e Otacilio por todos os ensinamentos e apoio durante toda a vida.

À minha avó e a todos meus tios, tias, primos e primas, por serem a melhor família que eu poderia ter.

Às minhas irmãs de coração, Julissy e Amanda, que mesmo tomando rumos diferentes na vida continuam me proporcionando sua amizade e amor.

Aos amigos de graduação, Camila, Juliana, Lázaro, Lucas, Tamara, Marden e Gabriela, por todas as nossas aventuras nos quatro anos e meio na UFC e pela amizade construída.

Aos meus amigos da família que o EAGMA se tornou, Jaque, Tati, Letícia, Samla, Rafael, Alejandro, Guilherme, Rodrigo, Priscila, Ana Paula, Lucas e Marcos, obrigada por todo o acolhimento, pelas brincadeiras, por estarem sempre dispostos a ajudar, por todos os cafés, conversas e apoio.

Aos irmãos que a Unesp me deu, Letícia, Rafael e Samla, por sempre me ajudarem, me aguentarem e estarem presentes em todos os momentos. Obrigada por tornarem a distancia de casa menos difícil.

Aos amigos da Pós-graduação, Ândrea, André Vieira, Andres, Mariele, André Mauric, Laura, Malane, Dani, Samuel e Raphaela, por todos os momentos de convívio e aprendizado.

Às minhas amigas, vizinhas e companheiras de café da tarde, Malane e Dani, obrigada por todas as risadas, 'gordices', conselhos e companhia.

Em especial ao meu orientador, Prof. Dr. Danísio Prado Munari, por ter me recebido como aluna de mestrado e ter acreditado no meu potencial, agradeço também por todo apoio, por todos os ensinamentos, pela paciência, amizade e por todos os conselhos.

À minha Coorientadora, Dra. Tatiane Chud, por todos os ensinamentos, por toda paciência e amizade. Obrigada também pelo melhor presente que eu poderia ganhar, o Snoopy.

A todos meus professores do curso de Mestrado, em especial Prof. Henrique Oliveira, Prof. Guilherme Rosa, Prof. Roberto Carvalheiro e Prof. Ricardo da Fonseca, por todos os ensinamentos.

À Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho pela oportunidade concedida e pela qualidade de ensino proporcionada aos alunos do curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq pela concessão da minha bolsa de mestrado.

Muito obrigada a todos!

SUMÁRIO

Página

RESUMO ii
ABSTRACT iv
1 INTRODUÇÃO 1
2 OBJETIVO 3
3 REVISÃO DE LITERATURA 4
3.1 Características de importância econômica 4
3.1.1 Crescimento 4
3.1.2 Características de carcaça 5
3.2 Tendência genética 7
3.3 Seleção genômica 8
3.4 Inferência bayesiana e amostragem de Gibbs 9
3.5 Análise de agrupamento 11
4 MATERIAL E MÉTODOS 13
4.1 Descrição dos dados fenotípicos 13
4.2 Edição dos dados fenotípicos 14
4.3 Descrição dos dados genotípicos e controle de qualidade dos genótipos 15
4.4 Estimativas dos parâmetros genéticos 16
4.5 Matriz de parentesco com informações de pedigree e genômicas 19
4.6 Análise de Convergência 20
4.7 Tendência genética 20
4.8 Análises de agrupamento hierárquicas e não-hierárquicas 21
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO 21
6 CONCLUSÕES 39
7 REFERÊNCIAS 40
APÊNDICES 45
Apêndice A 46
Apêndice B 47

USO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARCAÇA EM BOVINOS NELORE

RESUMO – A seleção tradicional para características quantitativas de importância econômica é realizada geralmente com base nos valores genéticos preditos a partir de registros fenotípicos de um indivíduo e de seus parentes. Com a disponibilidade da informação genômica, a predição do valor genético para características complexas tem sido amplamente aperfeiçoada. A utilização da predição genômica poderá levar a um ganho genético mais rápido do que o alcançado com métodos tradicionais de seleção, com base apenas em dados de pedigree e fenotípicos. O objetivo deste trabalho foi avaliar a influência da inclusão da informação genômica nas estimativas dos parâmetros genéticos e tendências genéticas para ganho de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade (GP1), dos 120 aos 210 dias de idade (GP2), dos 210 aos 365 dias de idade (GP3), dos 365 aos 450 dias de idade (GP4), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8) em bovinos da raça Nelore. Além disso, avaliou-se a associação genética entre as características estudadas e, por meio das análises de agrupamento não-hierárquicas, verificou-se quais os grupos de animais mais indicados para atender aos objetivos de seleção, visando contribuir para o processo de seleção do programa de melhoramento da raça Nelore. As estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas com base em registros de pedigree de 192.483 animais, nascidos entre 1934 e 2016, registros fenotípicos de 80.114 animais e genótipos de 8.652 animais, os quais foram cedidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Os componentes de (co)variância foram obtidos por meio de metodologia bayesiana via amostragem de Gibbs. Os valores genéticos (EBVs) foram estimados por meio do modelo animal, via equações de modelos mistos (o qual utiliza apenas a matriz A) e os valores genéticos genômicos (GEBVs) por meio da metodologia “single-step genomic BLUP” (ssGBLUP) (a qual utiliza a matriz H). As tendências genéticas foram estimadas por meio de regressão linear considerando-se a variação dos EBVs e dos GEBVs médios anuais em função do ano de nascimento. As análises multivariadas de agrupamento foram utilizadas para agrupar os animais com base nos EBVs e GEBVs para as características estudadas e explorar o padrão genético em cada agrupamento obtido. Essas análises foram divididas em dois cenários, sendo um cenário considerando somente as fêmeas e outro somente os machos. Utilizando somente a matriz A, construída com base apenas em registros de pedigree, as médias das estimativas de herdabilidade direta (h^2) foram 0,14±0,02, 0,18±0,01, 0,14±0,02, 0,12±0,02, 0,37±0,03, 0,17±0,02, 0,28±0,02, respectivamente para GP1, GP2, GP3, GP4, AOL, EGS e EGP8. Com a inclusão de informação genômica, utilizando a matriz H, as estimativas de h^2 para GP1, GP2, GP3, GP4, AOL, EGS e EGP8 foram 0,17±0,02, 0,19±0,01, 0,15±0,02, 0,11±0,01, 0,32±0,02, 0,18±0,02 e 0,25±0,02, respectivamente. As correlações genéticas médias obtidas pelos dois métodos foram muito semelhantes. As maiores médias de correlações genéticas obtidas (matriz A/matriz H) foram entre AOL e as características GP1 (0,34±0,10/0,40±0,08), GP2 (0,52±0,06/0,48±0,06) e GP3 (0,37±0,09/0,39±0,07) e entre EGS e EGP8 (0,69±0,05/0,66±0,04). Com a inclusão de informações genômicas, as acurácias dos valores genéticos apresentaram pequeno aumento e maiores mudanças nas acurácias foram observadas para os

touros com poucos filhos. Para as tendências genéticas foram obtidos coeficientes angulares significativos (p<0,05) para a maioria das características estudadas, exceto aquela obtida com o uso do GEBV para EGP8. Evidenciou-se o progresso genético para as características estudadas, tanto para os GEBVs como para os EBVs. A quantidade de animais por grupo nos dois cenários indica grande diferença entre grupos com EBV e com GEBV. A inclusão de informação genômica resultou em pequeno aumento nas estimativas de acurácia dos valores genéticos para as características estudadas, em relação aqueles obtidos com base apenas no fenótipo e no pedigree. Touros mais jovens, com poucos filhos, apresentaram maiores acurácias dos GEBVs se comparadas as dos EBVs para GP1, GP4, AOL e EGS, portanto, a seleção desses touros pode favorecer a redução do intervalo de gerações. As características de crescimento, em geral, apresentaram associação genética favorável com as características de carcaça, portanto essa associação poderá ser considerada no programa de melhoramento genético de bovinos de corte da raça Nelore, de modo a auxiliar na seleção para tais características. As análises de agrupamento não-hierárquicas podem ajudar a visualizar as associações genéticas existentes entre as características estudadas, definir quais os animais mais indicados para atender aos objetivos de seleção e observar as diferenças nos valores genéticos dos animais, preditos com e sem o uso de informação genômica.

Palavras-chave: análise de agrupamento, correlação genética, herdabilidade, inferência bayesiana, tendência genética, ssGBLUP.

USE OF GENOMIC INFORMATION FOR ESTIMATING GENETIC PARAMETERS FOR GROWTH AND CARCASS TRAITS IN NELORE CATTLE

ABSTRACT – Traditional selection for economically important quantitative traits is generally performed on the basis of breeding values predicted from phenotypic records of an individual and their relatives. With the availability of genomic information, the prediction of breeding values for complex traits has been vastly improved. The use of genomic prediction may lead to a faster genetic gain compared to that achieved by traditional pedigree-based selection methods. The aim of this study was to evaluate the influence of the inclusion of genomic information on the genetic parameters estimates and the genetic trends for daily weight gain from birth to 120 days of age (GP1), from 120 to 210 days of age (GP2), from 210 to 365 days of age (GP3), from 365 to 450 days of age (GP4), ribeye area (AOL), subcutaneous backfat thickness (EGS) and rump fat (EGP8) in Nelore cattle. Further, the genetic associations between the studied traits were evaluated and, by using non-hierarchical clustering analyses it was verified which groups of animals were most suitable for meeting the selection objectives, in order to contribute to the selection process of the breeding program of the Nelore breed. The genetic parameters estimates were obtained based on the pedigree records of 192,483 animals born between 1934 and 2016, phenotypic records of 80,114 animals and genotypes of 8,652 animals, which were provided by the "Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores" (ANCP). The (co) variance components were obtained by Bayesian methodology via Gibbs sampling. The expected breeding values (EBVs) were estimated through the animal model, using the mixed model equations (which uses only matrix A), whereas the genomic EBVs (GEBVs) were obtained through the single-step genomic BLUP methodology (ssGBLUP) (which uses the matrix H). The genetic trends were estimated using a linear regression considering the mean variation of the EBVs and GEBVs according to the year of birth. The multivariate clustering analyses were used for grouping the animals according to the EBVs and GEBVs for the traits studied and to explore the genetic pattern in each grouping obtained. These analyses were divided into two scenarios, one scenario considering only the females and the other only the males. Using the A matrix, built based only on pedigree records, the average estimates for direct heritability (h^2) were 0.14±0.02, 0.18±0.01, 0.14±0, 02, 0.12±0.02, 0.37±0.03, 0.17±0.02, 0.28±0.02 for GP1, GP2, GP3, GP4, AOL, EGS and EGP8, respectively. With the inclusion of the genomic information using the H matrix, the average estimates of h^2 for GP1, GP2, GP3, GP4, AOL, EGS and EGP8 were 0.17±0.02, 0.19±0.01, 0.15±0.02, 0.11±0.01, 0.32±0.02, 0.18±0.02 and 0.25±0.02, respectively. The average genetic correlations obtained by the two methods were very similar. The highest genetic correlations (matrix A/matrix H) were between AOL and GP1 (0.34±0.10/0.40±0.08), GP2 (0.52±0.06/0.48±0.06) and GP3 (0.37±0.09/0.39±0.07) and between EGS and EGP8 (0.69±0.05/0.66±0.04). Including the genomic information, slight increases in the breeding values accuracy were obtained, with the greater changes in accuracy observed for sires with few offspring. For the genetic trends, significant angular coefficients ($p<0.05$) were obtained for most of the studied traits, excepting for EGP8 using the GEBV. It was shown that genetic progress for the traits studied was achieved with both GEBVs and EBVs. The number of animals per group in the two scenarios indicates a large difference between groups with EBV and GEBV. The inclusion of the genomic information resulted in a small increase in the breeding values accuracy estimates for

the studied traits, in comparison to those obtained with the phenotype and pedigree only based models. Younger sires, with few offspring, presented greater accuracies of the GEBVs when compared to the EBVs for GP1, GP4, AOL, and EGS, so that the selection of these sires may favor the reduction of the generation interval. In general, the growth traits presented a favorable genetic association with the carcass traits, thus, this association could be considered in the Nelore beef cattle breeding program, in order to assist in the selection for such traits. The non-hierarchical clustering analyzes can help to depict the genetic associations between the traits studied, to define the most suitable animals to meet the selection objectives and to observe the differences in the breeding values of the animals predicted with and without using the genomic information.

Keywords: bayesian inference, cluster analyses, genetic correlation, genetic trend, heritability, ssGBLUP.

1 INTRODUÇÃO

As raças zebuínas, tais como a Nelore, são as mais utilizadas para a produção de carne no Brasil, uma vez que são mais adaptadas ao clima tropical e possuem maior resistência a parasitas em comparação com as raças taurinas, como a Angus (Costa et al., 2015; Mariante e Zancaner, 2017). O sistema de produção aplicado a essa raça é principalmente baseado na alimentação do gado à pasto e por isso possui baixo custo.

A necessidade de se produzir carne bovina com melhor qualidade sensorial, atendendo às demandas do mercado consumidor de forma eficiente, tem incentivado a busca por critérios de seleção que auxiliem no crescimento precoce e precocidade sexual dos animais do rebanho (Cassar-Malek e Picard, 2016). Com a finalidade de impulsionar a economia da indústria de carne bovina, a seleção pode ser utilizada para proporcionar maior homogeneidade das carcaças produzidas no Brasil (Ferraz e Felício, 2010). Desse modo, a seleção irá favorecer animais geneticamente superiores para serem pais das gerações seguintes, de modo a transmitir para a progênie alelos favoráveis para as características de importância econômica, tais como aquelas de crescimento, qualidade de carcaça, nutricionais e reprodutivas. Melhorias nutricionais e maior controle do ambiente permitem melhor expressão do potencial genético dos indivíduos a serem considerados no processo de seleção.

As características de crescimento, tais como peso e ganho de peso diário, em bovinos de corte se destacam como critérios para se atingir os objetivos de seleção dos programas de melhoramento genético. Essas são indicadoras do potencial de crescimento dos animais, apresentam estimativas de herdabilidade de moderada magnitude e, assim, mesmo sob seleção fenotípica tem proporcionado maiores ganhos genéticos a cada geração (Laureano et al., 2011). Portanto, espera-se que a utilização de ganho de peso diário em diferentes idades da vida dos animais seja uma abordagem adequada a ser utilizada na seleção dos animais.

Apesar de sua grande importância na lucratividade do sistema de produção de gado de corte, as características de carcaça associadas à qualidade de carne têm sido pouco exploradas como critérios de seleção, principalmente devido ao fato

de estas serem mensuradas geralmente após o abate, o que dificulta o processo de avaliação e seleção de animais geneticamente superiores para reprodução (Gordo et al., 2016). Contudo, algumas características de carcaça podem ser mensuradas por ultrassonografia em animais vivos, tais como área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8), as quais, segundo Yokoo et al. (2009) podem proporcionar rápido progresso genético, quando utilizadas como critério de seleção em programas de melhoramento.

A estimação de parâmetros genéticos tais como a herdabilidade é uma etapa fundamental para o delineamento de um programa de melhoramento, uma vez que esta fornece informações importantes acerca da variabilidade genética da população e do ganho genético esperado por meio da seleção, o qual também depende do diferencial de seleção (Visscher et al., 2008). Além disso, faz-se necessário estudar as associações genéticas existentes entre características de importância econômica, de modo a permitir estratégias de seleção mais eficientes. Dessa forma, pode-se selecionar uma característica de fácil mensuração com o objetivo de obter ganhos em outra de difícil mensuração.

A seleção tradicional para características quantitativas de importância econômica é realizada geralmente com base nos valores genéticos preditos a partir de registros fenotípicos de um indivíduo e de seus parentes. Com a disponibilidade da informação genômica, a predição do valor genético para características complexas tem sido amplamente aperfeiçoada. Este fato, juntamente com ferramentas estatísticas eficientes para combinar dados fenotípicos e painéis de polimorfismo de nucleotídeo único (SNP), tem permitido aprimorar a seleção genética nos rebanhos. Características que são difíceis de selecionar de maneira tradicional por serem de difícil mensuração, expressas tardiamente ou por possuírem baixa herdabilidade, apresentam possibilidade de maior resposta a seleção por meio da seleção genômica (Meuwissen et al., 2016). Portanto, a utilização da predição genômica poderá levar a um ganho genético mais rápido do que o alcançado com métodos tradicionais de seleção, com base apenas em dados de pedigree e fenotípicos (Vitezica et al., 2011).

Estudos têm demonstrado que a utilização de dados genômicos para estimação de parâmetros genéticos pode agregar mais informação à estas estimativas. De acordo com Gordo et al. (2016), em rebanhos com altas taxas de animais com pais desconhecidos, a aplicação da matriz genômica juntamente com a matriz tradicional pode melhorar a estimativa das relações de parentesco entre os animais e, consequentemente, a acurácia das estimativas dos parâmetros genéticos. Um método comumente utilizado na seleção genômica é o “single-step genomic best linear unbiased prediction” (ssGBLUP) proposto por Misztal et al. (2009) e Legarra et al. (2009), o qual permite incluir simultaneamente animais com fenótipos e genótipos conhecidos na análise genética, bem como animais não genotipados.

Deste modo, conciliar informações genômicas na estimação de parâmetros genéticos e valores genéticos com o uso de técnicas multivariadas na caracterização dos animais pelos seus valores genéticos poderá contribuir para melhorar o processo de seleção dos bovinos de corte. A análise de agrupamento (“cluster analysis”) consiste em um grupo de técnicas multivariadas que permite agrupar indivíduos com base na semelhança entre os mesmos, de modo a maximizar a homogeneidade dentro de grupos e a heterogeneidade entre grupos (Hair et al., 2009). Portanto, a análise de agrupamento permite reconhecer qual o grupo de indivíduos mais adequado para atender aos objetivos de seleção desejados, com base em seus valores genéticos (Cruz et al., 2016).

2 OBJETIVO

O objetivo deste trabalho foi avaliar a influência da inclusão da informação genômica nas estimativas dos parâmetros genéticos e tendências genéticas para ganho de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade (GP1), dos 120 aos 210 dias de idade (GP2), dos 210 aos 365 dias de idade (GP3), dos 365 aos 450 dias de idade (GP4), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8) em bovinos da raça Nelore. Além disso, avaliou-se a associação genética entre as características estudadas e, por meio das análises de agrupamento não-hierárquicas, buscou-se verificar quais os grupos de animais mais indicados para atender aos objetivos de seleção, visando contribuir para o processo de seleção dos programas de melhoramento da raça.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Características de importância econômica

3.1.1 Crescimento

Características relacionadas ao crescimento, como pesos e ganhos de peso diário em várias idades ao longo da vida dos animais possuem grande importância nos sistemas de produção de bovinos de corte. Essas características são de fácil mensuração, pois interferem pouco no manejo dos animais, possuem baixo custo e podem ser mensuradas desde o nascimento até o abate. Portanto, essas são comumente utilizadas como critério de seleção nos programas de melhoramento genético de gado de corte para aumentar a produção de carne.

Nos sistemas de produção de gado de corte, o peso corporal e o ganho de peso diário estão diretamente associados à eficiência econômica, principalmente se considerarmos a produção de gado de corte, a qual tem como principal retorno econômico o peso final dos animais que são destinados ao abate (Nichele et al., 2015). Portanto, quanto mais pesados estes animais forem e quanto melhor a qualidade de carcaça poderá haver maior retorno financeiro. A seleção realizada para aumento no peso corporal em animais jovens pode melhorar o peso corporal quando estes atingirem a maturidade sexual e consequentemente terão maior peso ao abate. Além disso, o desempenho reprodutivo das fêmeas pode ser melhorado devido à associação genética favorável com essas características (Silva et al., 2000), pois novilhas mais pesadas tendem a ser precoces, no entanto, se apresentarem sobrepeso podem ter baixo desempenho reprodutivo.

Muitos autores relataram que as características de crescimento respondem rapidamente à seleção, devido às estimativas de herdabilidade para essas características em bovinos de corte possuírem de moderada a alta magnitude. Boligon et al. (2010) estimaram herdabilidade direta para ganho médio diário do desmame a um ano de 0,23 e de um ano até o sobreano de 0,25 para bovinos Nelore. Holanda et al. (2004), em estudo com animais da raça Nelore provenientes do estado de Pernambuco, estimaram herdabilidade direta para ganho de peso

diário entre 100 e 300 dias de idade (0,23), igual à estimativa obtida por Boligon et al. (2010).

Geralmente, as estimativas de herdabilidade para ganho de peso diário em diferentes idades possuem magnitude moderada a alta (Boligon et al., 2010; Holanda et al., 2004), indicando que a utilização dessas características como critério de seleção pode gerar uma reposta mais rápida à seleção nas futuras gerações.

3.1.2 Características de carcaça

Características de carcaça, como a quantidade e a qualidade da carne produzida possuem grande importância econômica, devido às exigências do mercado consumidor. Entretanto, a falta de padronização das carcaças é um desafio para a indústria de carne bovina no Brasil e, portanto, devem ser levadas em consideração nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte, de forma a obter melhor retorno econômico (Zuin et al., 2012). Entretanto, apesar de sua grande importância para os sistemas de produção de carne, as características de carcaça são difíceis e/ou de alto custo para se mensurar *post-mortem,* o que poderá limitar os ganhos genéticos para estas características. Nesse cenário, a seleção genômica demonstra-se como importante ferramenta para melhorar as acurácias nas avaliações genéticas (Fernandes Júnior et al., 2016).

Avaliações de carcaça que implicam no abate dos animais são desvantajosas, pois dessa forma esses animais não poderão ser testados como reprodutores e não serão incluídos no processo de seleção. Por outro lado, a ultrassonografia é um procedimento não invasivo e não causa nenhum tipo de prejuízo aos animais (Yokoo et al., 2009). Por meio da mensuração por ultrassonografia no animal vivo da área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8) é possível o conhecimento do nível de musculosidade, quantidade de gordura de acabamento e grau de marmorização da carne, respectivamente.

A AOL é uma característica de importância econômica que leva em consideração musculosidade, rendimento de carcaça, ganho de peso diário e proporção de cortes primários (Magnabosco et al., 2006). Caetano et al. (2013), em estudo com bovinos da raça Nelore, estimaram herdabilidade para AOL de 0,34. Isto demonstra que AOL pode ser incluída como critério de seleção em programas de

melhoramento genético de bovinos da raça Nelore, para melhorar a qualidade e o rendimento de carcaça.

A EGS tem grande importância no processamento da carne, uma vez que é um indicativo da precocidade de acabamento da carcaça, a qual é fundamental para proteção da carcaça durante resfriamento intenso das câmaras frigoríficas, funcionando como isolante térmico. O resfriamento da carcaça deve ocorrer de forma lenta e gradual, caso contrário ocorrerá o encurtamento das fibras musculares e endurecimento da carne, causando a diminuição do peso dos cortes comerciais e a redução na qualidade da carne (Meirelles et al., 2010). A EGP8, assim como a EGS, é um indicativo de precocidade de acabamento da carcaça, porém é mensurada na garupa do animal e não indica a cobertura de gordura completa da carcaça.

A mensuração da AOL, juntamente com a EGS, fornece informações relacionadas à qualidade de carcaça (Prado et al., 2004). O aumento da espessura de gordura subcutânea deve ocorrer de forma proporcional ao aumento da quantidade de carne na carcaça para garantir a maciez da carne (Caetano et al., 2012). A seleção genética para estas características deve ser considerada na indústria de carne bovina brasileira, pois ainda há grande heterogeneidade nas carcaças no sistema produtivo de carne bovina no Brasil, sendo prejudicial tanto para comercialização quanto para a exportação desse produto. Portanto, a seleção para estas características pode auxiliar na obtenção de maior homogeneidade das carcaças produzidas no Brasil, impulsionando a economia da indústria de carne bovina (Ferraz e Felício, 2010).

Faria et al. (2015) obtiveram estimativas de herdabilidade para EGS de 0,19 em análise unicaracterística e 0,17 em análise bicaracterística e concluíram que a EGS apresenta variabilidade genética e pode ser utilizada como critério de seleção em rebanhos de bovinos da raça Nelore Mocho. Paula et al., (2015), em análise unicaracterística, estimaram herdabilidade de 0,41±0,02, 0,20±0,02 e 0,29±0,03 para AOL, EGS e EGP8, respectivamente, porém, em análise bicaracterística, as estimativas de herdabilidade foram 0,66±0,02 (AOL), 0,74±0,02 (EGS) e 0,68±0,02 (EGP8). O aumento nas estimativas obtidas nas análises bicaracterística, de acordo com os autores, foi devido ao modelo considerar a covariância entre as

características a fim de aumentar a acurácia nas estimativas de herdabilidade. Os autores concluíram que a seleção para estas características pode ser utilizada para aumento nos ganhos genéticos na população.

Buzanskas et al. (2017) obtiveram baixas estimativas de herdabilidade direta para EGS (0,16±0,02) e EGP8 (0,19±0,02). Os autores concluíram que esses resultados podem ser indício de baixa variabilidade genética para essas características quando medidas ultrassonográficas foram realizadas, sugerindo deposição de gordura tardia em bovinos da raça Nelore. Os autores também apresentaram correlações genéticas para as características de carcaça variando de 0,23±0,08 a 0,59±0,07, portanto a seleção para qualquer uma dessas características favoreceria as demais.

Em bovinos da raça Nelore, Caetano et al. (2013) obtiveram correlação genética entre ganho de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade (GP1) e área de olho de lombo (AOL) de 0,41±0,06. Entre GP1 e espessura de gordura subcutânea (EGS), a estimativa de correlação genética foi de 0,08±0,06, indicando que a seleção para maior GP1 tende a favorecer o aumento da AOL, porém a EGS poderia responder lentamente ao processo de seleção. De acordo com os autores, a correlação genética entre os ganhos de peso diário pré e pós-desmame foi de baixa magnitude (0,18±0,05), indicando que a seleção para ganho de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade, possui baixa associação genética linear com o ganho de peso diário dos 210 aos 365 dias de idade. Zuin et al. (2012) relataram que as correlações genéticas de peso aos 210 dias de idade (0,69±0,06) e peso aos 365 dias de idade (0,55±0,05) com AOL foram positivas e favoráveis, indicando que tais características podem ser controladas pelos mesmos genes, portanto, a seleção para o peso corporal nessas idades pode favorecer o aumento da AOL.

3.2 Tendência genética

A tendência genética é utilizada para quantificar linearmente a alteração no valor genético médio dos animais para determinada característica, ao longo do tempo. De acordo com Weber et al. (2009), por meio da estimação de tendências genéticas em uma população, é possível a visualização da eficiência das ferramentas utilizadas na seleção e, deste modo, assegurar que a pressão de

seleção seja direcionada às características de importância econômica, auxiliando na definição de futuros objetivos de seleção. As tendências genéticas podem ser calculadas por meio da regressão linear dos valores genéticos preditos dos animais em função do ano de nascimento.

Chud et al. (2014), em estudo com bovinos da raça Nelore, relataram ganho genético para peso ao nascimento e para peso ao desmame ao longo dos anos. Os autores concluíram que tal fato pode ser resultado da seleção para maiores pesos corporais em idades mais avançadas. Zuin et al. (2012) descreveram tendências genéticas para peso aos 210 e aos 365 dias com aumento linear significativo ($p<0,001$) ao longo dos anos e concluíram que as características responderam eficientemente ao processo de seleção.

3.3 Seleção genômica

A seleção genômica pode ser uma ferramenta complementar para obtenção de avaliações genéticas mais acuradas, o que poderá contribuir para a melhoria genética das características de importância econômica (Fernandes Júnior et al., 2016). Segundo Hayes et al. (2013), a vantagem da seleção genômica sobre a seleção tradicional (baseada em pedigree e fenótipo) é que os animais podem ser selecionados jovens e com maior acurácia. Deste modo, características onerosas e/ou de difícil mensuração, como por exemplo, as relacionadas a fertilidade, características de carcaça e conversão alimentar podem ser amplamente favorecidas pela inclusão da informação genômica nas análises para estimação de parâmetros genéticos. Em bovinos leiteiros, por exemplo, os touros são selecionados após o teste de progênie, para o conhecimento do mérito genético para a produção de leite (Hayes et al., 2013). Com o auxílio do uso de informação genômica, esse mérito genético pode ser conhecido mais cedo na vida dos touros e contribui para reduzir o intervalo de gerações.

Para a realização da seleção genômica, deve-se inicialmente genotipar uma população de referência e colher a informação fenotípica da característica para estimação dos efeitos dos SNPs. Posteriormente, os candidatos à seleção serão genotipados e ao combinar seus genótipos com os efeitos estimados dos SNPs, o

valor genético genômico (GEBV) será estimado para os candidatos selecionados (Meuwissen et al., 2016).

No “best linear unbiased prediction” (BLUP) tradicional, o valor genético estimado (EBV) é estimado usando fenótipos e pedigree, que se baseiam nas relações familiares dos animais. Por outro lado, diferentes metodologias bayesianas considerando diferentes distribuições *a priori* para a inclusão da informação genômica na avaliação genética dos animais tem sido propostas (De Los Campos et al., 2013). Uma abordagem infinitesimal, baseada em uma matriz de relacionamento com base nos genótipos (comumente denominada matriz G), em que se assume variância comum para todos os SNPs, tem sido comumente denominada GBLUP (VanRaden, 2008). A principal diferença entre o GBLUP e o BLUP é a utilização da matriz de informações genômicas, em vez da utilização apenas da matriz de pedigree (Meuwissen et al., 2016).

Para estimação do GEBV por meio do ssGBLUP utilizam-se fenótipos, pedigree e genótipos, incluindo todos os animais com ou sem alguma das informações na mesma avaliação. Esse é o principal diferencial entre GBLUP e ssGBLUP e dessa forma, espera-se obter maior precisão do parentesco entre os animais e sua acurácia (Misztal et al., 2013). De acordo com os autores, a utilização do ssGBLUP é tão acurada quanto ou mais acurada do que os métodos de “multi-step” (método de múltiplos passos), a inflação do GEBV costuma ser menor e o procedimento mais simples. O ssGBLUP é capaz de contabilizar o viés de seleção quando a seleção é baseada apenas em informação genômica (VanRaden, 2012).

3.4 Inferência bayesiana e amostragem de Gibbs

A teoria bayesiana foi documentada, pela primeira vez, nos trabalhos desenvolvidos por Thomas Bayes em 1761, porém a publicação dos trabalhos ocorreu apenas em 1763 (Faria et al., 2007). A escola Bayesiana procura obter a função de densidade probabilidade de um parâmetro para determinado conjunto de dados e, a partir dessa função de densidade, pode-se alcançar o valor mais provável do parâmetro estudado ou a probabilidade desse parâmetro estar dentro de certos limites. Já na escola frequentista, os parâmetros para um conjunto de dados são

valores fixos ou constantes, os quais não podem ser associados a qualquer distribuição (Blasco, 2001).

No sistema Bayesiano, as pressuposições iniciais são feitas a partir da distribuição *a priori* dos dados. O teorema de Bayes é utilizado para obtenção da distribuição *a posteriori* para um parâmetro desconhecido $\boldsymbol{\theta}$, calculando a probabilidade condicional de que o valor do parâmetro seja verdadeiro (Gianola e Fernando, 1986). De acordo com os autores, considera-se um vetor não observável $\boldsymbol{\theta}$ com dados $\mathbf{y}$ e sua densidade conjunta $\mathbf{f}(\boldsymbol{\theta}, \mathbf{y})$. A probabilidade de que dois eventos aconteçam conjuntamente é dada por:

$$\mathbf{f}(\boldsymbol{\theta}, \mathbf{y}) = \mathbf{f}(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta}) \cdot \mathbf{f}(\boldsymbol{\theta}) = \mathbf{f}(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y}) \cdot \mathbf{f}(\mathbf{y})$$

em que $\mathbf{f}(\boldsymbol{\theta})$ e $\mathbf{f}(\mathbf{y})$ são as densidades marginais de $\boldsymbol{\theta}$ e $\mathbf{y}$, respectivamente. De acordo com o Teorema de Bayes teremos:

$$\mathbf{f}(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y}) = \mathbf{f}(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta}) \cdot \mathbf{f}(\boldsymbol{\theta}) / \mathbf{f}(\mathbf{y})$$

em que $\mathbf{f}(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y})$ é a função de densidade *a posteriori*, a qual, além da informação contida nos dados $(\mathbf{y})$, reflete a incerteza relativa sobre os possíveis valores *a priori* do parâmetro $\boldsymbol{\theta}$, antes que o vetor de dados $\mathbf{y}$ seja realizado; $\mathbf{f}(\boldsymbol{\theta})$ é a densidade *a priori* de $\boldsymbol{\theta}$, que representa o que se sabe a respeito deste parâmetro antes que as informações estejam disponíveis; $\mathbf{f}(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta})$ é uma função de verossimilhança que representa a contribuição de $\mathbf{y}$ para o conhecimento sobre $\boldsymbol{\theta}$; e $\mathbf{f}(\mathbf{y})$ é a função de distribuição marginal dos dados observados (Gianola e Fernando, 1986).

Segundo Sorensen et al. (1994) o termo $\mathbf{f}(\mathbf{y})$ no denominador do teorema de Bayes é uma constante de normalização que independe de $\boldsymbol{\theta}$ e, portanto, corresponde à distribuição marginal do arquivo de dados. Desse modo, o teorema de Bayes pode ser apresentado como:

$$\mathbf{f}(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y}) \propto \mathbf{f}(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta}) \cdot \mathbf{f}(\boldsymbol{\theta})$$

em que $\propto$ significa proporcional a, ou seja, a distribuição *a posteriori* é equivalente ao produto entre a função de verossimilhança e a função *a priori*.

O método de Monte Carlo, baseado nas cadeias de Markov, intitulado "Markov Chain Monte Carlo" (MCMC), tornou viável a implementação do modelo bayesiano (Sorensen, 1996). Este é um método de integração numérica, que no caso da aplicação em inferência bayesiana (IB) consiste em simular as observações da distribuição *a posteriori* obtida a partir do Teorema de Bayes. O erro de Monte

Carlo é o erro na estimativa de parâmetros devido ao número de amostras usadas da cadeia de Gibbs, sendo inversamente proporcional ao comprimento da cadeia de Gibbs (Van Tessell e Van Vleck, 1996).

Os métodos de Monte Carlo via cadeias de Markov, permitem inferências sobre distribuições conjuntas ou marginais, mesmo que densidades apropriadas não possam ser explicitamente formadas (Geman e Geman, 1984) e sem a necessidade do cálculo de sua densidade de probabilidade (Blasco, 2001). O amostrador de Gibbs (AG), o MCMC mais utilizado em IB, gera vetores aleatórios a partir de uma distribuição conjunta por amostragem sucessiva a partir de distribuições condicionais de todas as variáveis aleatórias envolvidas no modelo (Sorensen et al*.,* 1994). Em relação a outro método MCMC, o AG apresenta a vantagem de não exigir a rejeição de amostras.

O uso dos MCMC permite a solução de problemas complexos, entretanto possuem alta demanda computacional devido ao grande número de iterações necessárias para a obtenção das estimações das distribuições (Van Tessell e Van Vleck, 1996). O período de descarte amostral, denominado “burn-in”, corresponde ao número de ciclos que serão descartados antes que as amostras produzidas pelo AG possam ser consideradas como amostras das distribuições *a posteriori* (Van Tessell e Van Vleck, 1996). Quando são estimados muitos parâmetros para uma distribuição, é necessário que se tenha uma amostra das observações independentes, que pode ser denominada como intervalo amostral ou “thin” e esse intervalo deve ser suficiente para evitar que as amostras utilizadas sejam correlacionadas (Faria et al., 2007).

3.5 Análise de agrupamento

A análise de agrupamento (cluster analysis), é uma técnica multivariada utilizada para classificar animais em grupos de animais semelhantes (Malhotra, 2006), de modo a maximizar a homogeneidade dentro de grupos (Hair et al., 2009). Desta forma, os animais em cada grupo tendem a ser semelhantes entre si, mas diferentes dos animais de outros grupos (Seidel et al., 2008). Alguns métodos de agrupamento usam medidas de semelhança entre as características dos animais a serem agrupados, as quais geralmente são expressas como medida de distância.

De acordo com Seidel et al. (2008), a distância euclidiana é, comumente, a medida de distância mais usual quando as variáveis estudadas são quantitativas. Utiliza-se essa medida para calcular medidas específicas, desse modo, a distância Euclidiana entre os indivíduos P e Q, sendo $p_1, p_2, \dots, p_n$ e $q_1, q_2, \dots, q_n$ os registros das características dos indivíduos, respectivamente, é calculada por:

$$d_{pq} = \sqrt{(p_1 - q_1)^2 + (p_2 - q_2)^2 + \dots + (p_n - q_n)^2} = \sqrt{\sum_{i=1}^{n}(p_i - q_i)^2}$$

O estudo dos EBVs dos animais de uma população por meio da análise de agrupamento permite a identificação de grupos de animais superiores para as características desejadas, assim como distinguir os níveis genéticos da população em estudo (Cruz et al., 2016). Na análise de agrupamento, ao contrário da análise discriminante, os grupos não são predefinidos, pois a técnica é utilizada para identificar os grupos com base na semelhança entre as características avaliadas (Hair et al., 2009).

A análise de agrupamento envolve três etapas. A primeira é determinar qual medida de similaridade será utilizada entre os animais para determinar quantos grupos realmente existem na amostra. A segunda etapa é a escolha do tipo de análise de agrupamento a ser aplicado no processo de agrupamento real, em que os animais serão separados em grupos (“clusters”). A etapa final consiste em traçar o perfil dos animais para determinar a composição dos grupos (Malhotra, 2006; Hair et al., 2009).

Existem dois tipos de análises de agrupamento, a hierárquica e a não-hierárquica. A análise de agrupamento hierárquica consiste no estabelecimento de uma hierarquia ou estrutura em forma de árvore para agrupar as observações de um conjunto de dados, com base nas características de agrupamento (Hair et al., 2009). O resultado disso é a ligação das observações por suas associações, produzindo uma representação gráfica chamada de dendrograma, a qual representa a formação dos “clusters” (Malhotra, 2006). Um método de agrupamento hierárquico muito utilizado é o método de Ward (1963), o qual é calculado pela soma de quadrados entre os dois grupos somados sobre todas as variáveis. De acordo com Hair et al. (2009), a utilização desse método retorna agrupamentos de tamanhos semelhantes devido a diminuição da variação intragrupo.

A análise de agrupamento não-hierárquica produz uma solução de grupos única, diferente da solução em forma de árvore, procura-se a melhor solução na formação de k grupos. Essa análise assume um valor central de agrupamento, denominado centroide e, em seguida, agrupa todas as observações que estão a menos de um valor pré-estabelecido do centro (Malhotra, 2006). Procedimentos não-hierárquicos não produzem resultados para todos os possíveis números de grupos, como é feito com um procedimento hierárquico. O K-means é um grupo de algoritmos de agrupamento não-hierárquico que proporciona observações em um número de grupos especificado pelo pesquisador e, em seguida, atribui observações até que alguma meta numérica relacionada à distinção dos grupos seja atendida (Hair et al., 2009).

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Descrição dos dados fenotípicos

O conjunto de dados analisado, contido na base de dados da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), pertence a rebanhos da raça Nelore participantes do Programa Nelore Brasil. O pedigree era composto por 192.483 animais, nascidos entre 1934 e 2016. As características analisadas foram ganho de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade (GP1), ganho de peso diário dos 120 aos 210 dias de idade (GP2), ganho de peso diário dos 210 aos 365 dias de idade (GP3), ganho de peso diário dos 365 aos 450 dias de idade (GP4), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea medida entre a 12ª e a 13ª costela (EGS) e espessura de gordura na garupa (EGP8), pertencentes a uma base de dados de 80.114 animais, composta por mensurações de várias características em machos e fêmeas.

Os ganhos de peso diário foram obtidos a partir dos dados de peso ao nascimento e pesos ajustados aos 120, aos 210, aos 365 e aos 450 dias de idade dos animais, por meio da razão entre o ganho em peso e o número de dias em cada período. As imagens utilizadas para mensuração das características de carcaça foram obtidas por meio do aparelho ALOKA 500V, com sonda linear de 17,2 cm, de 3,5MHz e um acoplador acústico em conjunto com um sistema de captura de

imagens (Blackbox, Biotronics, Inc., Ames, IA, EUA). A interpretação das imagens foi realizada pelo laboratório responsável pela qualidade dos dados (Aval Serviços Tecnológicos S/S). Utilizou-se óleo vegetal e um acoplante (“standoff”), no procedimento de ultrassonografia, para garantir o contato acústico entre a sonda linear e o corpo do animal. O procedimento foi realizado, em média, aos 550 dias de idade dos animais.

Os animais foram criados em regime de pastagem, desmamados entre 6 e 8 meses de idade. O manejo reprodutivo consistiu no uso de estação de monta de 60 a 120 dias, utilizando inseminação artificial ou monta natural controlada. A ANCP recomenda um índice bioeconômico aos produtores que participam do programa, denominado de MGTe (Mérito Genético Total Econômico), o qual utiliza informações de indicadores econômicos e produtivos, com o objetivo de avaliar a importância econômica de cada característica pelos seus valores econômicos.

O índice inclui as seguintes características e suas respectivas ponderações do MGTe: idade ao primeiro parto (6%), probabilidade de parto precoce (9%), habilidade materna para peso aos 120 dias de idade (3%), habilidade materna para peso aos 210 dias de idade (5%), peso aos 210 dias de idade (16%), peso aos 450 dias de idade (24%), “stayability” (22%), perímetro escrotal aos 365 dias de idade (3%), perímetro escrotal aos 450 dias de idade (3%) e área de olho de lombo (9%). Para avaliar a possibilidade de inclusão no MGTe, as características GP1, GP2, GP3, GP4, EGS e EGP8 foram avaliadas nas análises de estimação de parâmetros genéticos.

4.2 Edição dos dados fenotípicos

Os efeitos fixos considerados nos modelos para todas as características foram os grupos de contemporâneos e a covariável idade da vaca ao parto. As análises dos efeitos fixos dos modelos foram realizadas pelo método dos quadrados mínimos, por meio da função GLM (“general linear model”) disponível no pacote “stats” do “software” R 3.4.3 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017). O efeito dos grupos de contemporâneos foi significativo ($p<0,05$) e o efeito linear e quadrático da idade da vaca ao parto (IVP), como covariável foi significativo

(p<0,0001) para todas as características, exceto para GP4, o qual apresentou apenas efeito linear (p<0,05) da IVP e o efeito dos GC (p<0,05).

Na edição dos dados, foram removidas observações com 3,5 desvios-padrão acima ou abaixo da média. Registros de animais com informação perdida para cada característica e de animais com mães desconhecidas, foram desconsiderados para melhorar a estrutura do pedigree. Os grupos de contemporâneos (GC) tanto para os ganhos de peso diário quanto para as características de carcaça foram formados a partir de animais com mesmo ano de nascimento, fazenda de origem, estação de nascimento, grupo de manejo e sexo. GC com menos de cinco animais e aqueles constituídos apenas por filhos do mesmo pai também foram removidos.

Realizou-se uma análise de conectabilidade entre os GC para cada característica com o auxílio do “software” AMC (Roso e Schenkel, 2006), com a finalidade de verificar se os GC eram conectados, de forma que os GC desconectados pudessem ser removidos. Foram verificados e excluídos 20 (GP1), 22 (GP2), 50 (GP3), 38 (GP4), 4 (AOL), 5 (EGS) e 4 (EGP8) GC desconectados para as características estudadas. Depois da edição dos dados, restaram observações de 54.904 animais, considerando cada animal com registro de, pelo menos, uma característica.

4.3 Descrição dos dados genotípicos e controle de qualidade dos genótipos

O arquivo original de dados genômicos continha a informação de 8.652 animais, incluindo machos e fêmeas, sendo 960 touros genotipados com painel de alta densidade (HD) (Bovine HDBeadChip), 1.000 animais genotipados com o painel de média densidade 50K (Illumina BovineSNP50 BeadChip) e posteriormente imputados para o painel de alta densidade e 6.692 animais genotipados com painel de baixa densidade 12K (Clarifide Nelore 2.0), posteriormente imputados para 50K e em seguida para alta densidade (HD), com 777.962 mil marcadores distribuídos ao longo do genoma.

O controle de qualidade dos genótipos foi realizado com o auxílio do pacote “snpStats” disponível no “software” R 3.4.3 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017). Após o controle de qualidade foram mantidos no banco de dados apenas SNPs (“single nucleotide polymorphism”) localizados em cromossomos

autossômicos, com “call rate” maior que 95%, MAF (“minor allele frequency”) maior ou igual a 0,05 e foram retirados SNPs com desvio significativo ($p<10^{-5}$) do Equilíbrio de Hardy-Weinberg. Após o controle de qualidade, restaram amostras com 456.241 SNPs e 8.652 animais genotipados.

Para as características analisadas, o arquivo possuía informação de dados genômicos de 6.302 animais, sendo 414 pais e 594 mães genotipados e que tinham registro de, pelo menos, uma característica (Tabela 1).

Tabela 1. Estrutura dos dados para os ganhos de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade (GP1), dos 120 aos 210 dias de idade (GP2), dos 210 aos 365 dias de idade (GP3), dos 365 aos 450 dias de idade (GP4), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura na garupa (EGP8)

Característica	N_{total}	N_{gen}	N_{pais}	P_{pdes} (%)	$N_{mães}$	$P_{mãe1}$ (%)	GC
GP1 (kg/dia)	30.567	3.700	1.506	1,79	22.074	72,25	696
GP2 (kg/dia)	38.345	4.428	1.964	24,08	29.344	77,01	1.019
GP3 (kg/dia)	25.706	3.732	1.553	5,92	20.670	80,23	823
GP4 (kg/dia)	25.351	3.595	1.506	3,32	20.041	79,29	799
AOL (cm²)	12.747	3.731	966	20,18	9.767	82,00	443
EGS (mm)	12.599	3.673	966	20,29	9.709	82,32	442
EGP8 (mm)	12.657	3.696	964	20,33	9.733	82,16	443

N_{total} = número de animais com fenótipo, N_{gen} = número de animais com genótipo, N_{pais} = número de pais, P_{pdes} = proporção de pais desconhecidos, $N_{mães}$ = número de mães, $P_{mãe1}$ = proporção de mães com apenas um filho, GC = grupos de contemporâneos

4.4 Estimativas dos parâmetros genéticos

A predição dos valores genéticos (EBV) foi obtida a partir da equação dos modelos mistos e metodologia bayesiana. Com a inclusão de informação genômica, os valores genéticos genômicos (GEBV) foram preditos por meio do melhor preditor genômico linear não-viesado de passo único (“single step genomic best linear unbiased” ssGBLUP).

Os componentes de (co)variância foram estimados empregando-se o modelo animal nas análises unicaracterísticas (para todas as características) e multicaracterísticas (com a combinação de cada GP com as três caraterísticas de carcaça). Nos modelos multicaracterística, foram utilizados os valores iniciais de variâncias e covariâncias obtidos nos modelos unicaracterísticas. O modelo estatístico utilizado nas análises para GP1 foi:

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

em que: y é o vetor de observações; β é o vetor de efeitos fixos (grupos de contemporâneos, idade da vaca ao parto); a, m e e são os vetores dos efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno e residual, respectivamente; X, Z e W são matrizes de incidência relacionando os efeitos às observações. Para o modelo assume-se que:

$$E\begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \; e \; Var\begin{bmatrix} a \\ m \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_a \otimes \mathrm{A} & G_{am} \otimes \mathrm{A} & 0 \\ G_{ma} \otimes \mathrm{A} & G_m \otimes \mathrm{A} & 0 \\ 0 & 0 & R \otimes \mathrm{I_r} \end{bmatrix}$$

em que G_a é a matriz de (co)variâncias de ordem *t x t* dos efeitos genéticos aditivos diretos, G_m é a matriz de (co)variâncias dos efeitos genéticos aditivos maternos, G_{am} = G_{ma} representam uma matriz de covariâncias entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno, *A* é a matriz de parentesco (*H* quando foi utilizado o ssGBLUP), *R* é a matriz de (co)variâncias residuais, I_r é a matriz identidade e ⊗ representa o produto direto ou de “Kronecker” entre matrizes.

O modelo estatístico utilizado nas análises para as demais características foi:

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

em que: y é o vetor de observações; β é o vetor de efeitos sistemáticos desconhecidos (grupos de contemporâneos, idade da vaca ao parto); a e e são os vetores dos efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual, respectivamente; X e Z são matrizes de incidência relacionando os efeitos às observações. Os efeitos genético aditivo materno e de ambiente permanente materno não apresentaram convergência nas análises uni ou multicaracterísticas para GP2, GP3 e GP4, fato que pode ser explicado devido a estrutura dos dados, considerando que a proporção de mães com apenas um filho por característica foi 77,01% (GP2), 80,23% (GP3) e 79,29% (GP4). Para as características de carcaça, os efeitos genéticos aditivo materno e de ambiente permanente materno não foram considerados. Para o modelo assume-se que:

$$E\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \; e \; Var\begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_a \otimes \mathrm{A} & 0 \\ 0 & R \otimes \mathrm{I_r} \end{bmatrix}$$

em que G_a é a matriz de (co)variâncias de ordem *t x t* dos efeitos genéticos aditivos diretos, *A* é a matriz de parentesco (*H* quando foi utilizado o ssGBLUP), *R* é a matriz

de (co)variâncias residuais, I_r é a matriz identidade e ⊗ representa o produto direto ou de “Kronecker” entre matrizes.

As acurácias (acc) dos EBVs e GEBVs foram calculadas, para cada característica, pela seguinte equação: $acc = \sqrt{1 - \frac{VEP}{\sigma_a^2}}$, em que VEP é a variância do erro de predição das estimativas de valor genético e σ_a^2 é a variância genética aditiva (Hayes et al., 2009). Os gráficos de acurácia para cada característica estudada foram obtidos a partir da relação entre a estimativa de acurácia média dos valores genéticos preditos (EBV) e dos valores genéticos genômicos (GEBV) dos touros, obtidos nas análises unicaracterísticas, em função do número de filhos por touro.

Os componentes de variância e covariância, bem como as estimativas de herdabilidade, correlação genética, correlação ambiental, valor genético predito (EBV) e valor genético genômico (GEBV), para as características foram estimados por meio de inferência bayesiana, via amostragem de Gibbs com o auxílio do “software” GIBBS2F90 (Misztal, 2015). Na implementação da Amostragem de Gibbs a partir das sequências de Monte Carlo e Markov (MCMC), para as análises unicaracterísticas, apenas com fenótipo e pedigree (matriz A), foram utilizadas 1.100.000 iterações, com descarte (“burn in”) dos primeiros 100.000 ciclos e período de amostragem (“thin”) a cada 100 ciclos. Para as análises multicaracterísticas apenas com fenótipo e pedigree utilizou-se 1.500.000 iterações, descarte de 100.000 e “thin” de 100. Para as análises unicaracterísticas com inclusão de informação genômica (matriz H) utilizou-se 500.000 iterações, descarte de 50.000 e “thin” de 100. Para as análises multicaracterísticas com inclusão de informação genômica utilizou-se 500.000 iterações, descarte de 10.000 e “thin” de 100. Foram necessárias quantidades diferentes de iterações para obtenção de convergência das análises.

As estimativas a *posteriori* dos componentes de (co)variâncias foram obtidas a partir do “software” POSTGIBBSF90 (Misztal, 2004). As estimativas médias das (co)variâncias, herdabilidades, correlações genéticas e ambientais foram obtidas pela média dos valores das respectivas amostras a *posteriori* por meio do “software” R 3.4.3 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017). As médias das

estimativas das correlações genéticas e das correlações ambientais foram submetidas ao teste *t* para verificar se foram significativamente (p<0,05) diferentes de zero. Intervalos de maior densidade a *posteriori* a 95% (HPD–95%) foram determinados para todos os parâmetros estimados, por meio do pacote BOA ("Bayesian Output Analysis") disponível no "software" R 3.4.3 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017).

4.5 Matriz de parentesco com informações de pedigree e genômicas

A inclusão da informação genotípica nos modelos de análise foi realizada por meio do método ssGBLUP, proposto por Misztal et al. (2009) e Legarra et al. (2009). Neste procedimento, a matriz de parentesco baseada no pedigree foi corrigida com a matriz de parentesco genômico para os animais genotipados. De acordo com Aguilar et al. (2010), a inversa da matriz de parentesco aditivo (A^{-1}) pode ser substituída pela inversa da matriz H (H^{-1}) como segue:

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

em que H^{-1} é a inversa da matriz de parentesco que considera a informação de animais apenas com fenótipos, com genótipos e fenótipos ou somente com genótipos, A^{-1} é a inversa da matriz dos coeficientes de parentesco para todos os animais com base no pedigree, A_{22}^{-1} é a inversa da matriz de parentesco para os animais que possuem genótipo conhecido e G^{-1} é a inversa da matriz de parentesco genômica (G). A matriz G foi determinada conforme proposto por VanRaden (2008):

$$G = \frac{ZZ'}{2\sum_{j=1}^{m} p_j(1-p_j)}$$

em que *Z* corresponde a subtração da matriz de marcadores (*M*) de dimensão *n* x *m* (em que *n* representa o número de indivíduos e *m* o número de marcadores) por uma matriz *P*, contendo a frequência do segundo alelo p_j, expresso como $2p_j$. M_{ij} foi codificado como 0 se o animal *i* genotipado para o SNP *j* era homozigoto para o primeiro alelo, 1 caso fosse heterozigoto e 2 se o genótipo era homozigoto para o segundo alelo. O método foi implementado nos modelos estatísticos com o auxílio dos programas da família BLUPF90 (Misztal, 2015).

4.6 Análise de Convergência

Na análise de convergência das cadeias de Gibbs foram considerados critérios de avaliação de convergência das sequências de Markov pelos métodos propostos por Geweke (1992) e Heidelberger e Welch (1983) utilizando-se o pacote BOA, descrito por Smith (2007) e disponível para o "software" R 3.4.3 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017), além de inspeção visual das cadeias.
O método proposto por Geweke (1992), tem por objetivo comparar os valores iniciais e finais da cadeia de Markov, para verificar possíveis falhas de convergência. Portanto, para a hipótese de nulidade, afirma-se que houve convergência, se não há diferenças significativas ($p>0,05$) entre os valores testados. Valores de probabilidade abaixo de 0,05 indicam evidências contrárias à convergência das cadeias. O método proposto por Heidelberger e Welch (1983), testa a hipótese nula de estacionalidade da amostra gerada e, se essa for rejeitada, o teste é repetido após a eliminação das 10% iterações iniciais. Esse procedimento é repetido até que o descarte das iterações atinja no máximo 50%.

As análises unicaracterísticas, com e sem informação genômica, apresentaram convergência nos dois testes citados acima, enquanto que as multicaracterísticas obtiveram convergência em pelo menos um dos testes.

4.7 Tendência genética

As tendências genéticas para cada característica estudada foram estimadas a partir da regressão linear simples da média anual dos respectivos valores genéticos preditos (EBV) e dos valores genéticos genômicos (GEBV), obtidos nas análises unicaracterísticas, em função do ano de nascimento (1988 a 2016) dos animais. As equações das tendências genéticas foram obtidas utilizando a função "lm" do pacote "stats" do "software" R 3.4.3 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017). A significância ($p<0,05$) do coeficiente de regressão foi testada pelo teste *t*, cuja hipótese de nulidade considerada é que o coeficiente de regressão não difere de zero. As tendências genéticas foram obtidas com o objetivo de verificar se houve progresso genético para as características estudadas e comparar o progresso genético entre as tendências genéticas obtidas com EBV e aquelas com GEBV.

4.8 Análises de agrupamento hierárquicas e não-hierárquicas

As análises de agrupamento foram utilizadas para agrupar os animais com base nos EBVs e GEBVs dos animais para as características GP1, GP2, GP3, GP4, AOL, EGS e EGP8 e explorar o padrão genético em cada agrupamento obtido. Na análise de agrupamento hierárquica foi determinado o número de agrupamentos em que a população poderia ser dividida, com o auxílio do pacote “NbClust”, disponível no “software” R 3.4.3 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017), o qual determina o número mínimo e máximo de grupos em que o conjunto de dados pode ser dividido. A distância Euclidiana foi utilizada como medida de similaridade entre os animais e o algoritmo de agrupamento de Ward (1963) foi realizado para formar os grupos, por meio da função “hclust” do pacote “stats” disponível no “software” R 3.4.3 (The R Foundation For Statistical Computing, 2017).

A análise de agrupamento não-hierárquica realizada pelo método “k-means” foi executada a fim de explorar os agrupamentos de animais formados de acordo com a proximidade de seus valores genéticos para as características estudadas, após ter sido definida a quantidade de grupos pela análise anterior. Dois cenários foram utilizados para realização de ambas as análises de agrupamento. O primeiro apenas com fêmeas (19.732 animais) e o segundo apenas com machos (35.172 animais). Devido à grande demanda computacional, foram utilizados apenas os animais que possuíam registros fenotípicos para pelo menos uma característica. Em ambas análises de agrupamento, os EBVs e GEBVs dos animais, obtidos nas análises unicaracterísticas, foram utilizados para agrupar os indivíduos.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Tanto as características de ganho de peso diário, quanto as de carcaça apresentaram média, moda e mediana semelhantes ou iguais (Tabela 2) demonstrando que as mesmas possuíam distribuição simétrica ou que se aproximou de uma normal. Maiores ganhos de peso diário foram observados no período pré-desmame (GP1 e GP2), comparados aqueles observados no período pós-desmame (GP3 e GP4).

Tabela 2. Estatística descritiva para os ganhos de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade (GP1), dos 120 aos 210 dias de idade (GP2), dos 210 aos 365 dias de idade (GP3), dos 365 aos 450 dias de idade (GP4), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura na garupa (EGP8) em bovinos da raça Nelore

Características	N_{total}	Média ± DP	Moda	Mediana	Min.	Máx.	CV (%)
GP1 (kg/dia)	30.567	0,87±0,16	0,89	0,88	0,21	1,49	17,93
GP2 (kg/dia)	38.345	0,72±0,18	0,72	0,72	0,01	1,56	24,50
GP3 (kg/dia)	25.706	0,40±0,19	0,36	0,38	0,01	1,32	47,19
GP4 (kg/dia)	25.351	0,52±0,22	0,48	0,51	0,01	1,54	42,56
AOL (cm²)	12.747	55,73±12,26	57,98	55,66	18,59	104,64	21,99
EGS (mm)	12.599	2,69±1,51	1,81	2,21	0,45	13,72	55,93
EGP8 (mm)	12.657	3,86±1,97	3,58	3,56	0,51	15,75	51,17

N_{total} = número de observações, GC = número de grupos de contemporâneos, Média ± DP = média ± desvio padrão, Min. = valor mínimo, Máx. = valor máximo, CV (%) = coeficiente de variação

Os coeficientes de variação observados para GP3, GP4, EGS e EGP8 (Tabela 2), foram maiores do que para as demais características, provavelmente por sofrerem maior influência de fatores ambientais. A média observada para a GP3 (0,40±0,19 kg/dia) foi maior que aquela relatada (0,32±0,11 kg/dia) por Terakado et al. (2017). As médias observadas para GP1 e GP2 também foram maiores que a média de ganho de peso diário do nascimento ao desmame (0,71±0,14 kg/dia) descrita pelos mesmos autores para bovinos Nelore. Essas diferenças podem ser resultado de diferenças genéticas entre as populações e das diferentes condições ambientais nas quais os animais foram criados.

As médias observadas e seus respectivos desvios-padrão (DP) obtidos para AOL, EGS e EGP8 nesse estudo (Tabela 2) foram superiores as descritas por Zuin et al. (2012) de 52,93±10,48 cm² (AOL), 2,58±1,15 mm (EGS) e 3,29±1,67 mm (EGP8); Caetano et al. (2013) de 52,75±10,18 cm² (AOL), 2,48±1,11 mm (EGS) e 3,18±1,66 mm (EGP8); Paula et al. (2015) de 48,16±9,32 cm² (AOL), 2,14±0,79 mm (EGS) e 2,48±0,93 mm (EGP8) e Buzanskas et al. (2017) de 52,47±10,02 cm² (AOL), 2,42±0,82 mm (EGS) e 3,01±1,21 mm (EGP8), os quais também utilizaram dados disponibilizados pela ANCP. Essas diferenças podem ser explicadas devido ao progresso genético dentro da raça Nelore, aos diferentes critérios de edição de dados adotados em cada trabalho e devido as diferenças nas quantidades de observações e no ano de nascimento dos animais estudados.

As estimativas de herdabilidade médias (h^2) para as características avaliadas neste estudo, por meio das duas metodologias utilizadas (Tabela 3), indicaram que

houve variação fenotípica atribuída aos efeitos genéticos aditivos para estas características em bovinos da raça Nelore. Portanto, é possível a obtenção de progresso genético por meio do processo de seleção para essas características.

Tabela 3. Estimativas médias de herdabilidade (**h²**) direta e materna (**[a]**), variância genética aditiva ($\boldsymbol{\sigma_a^2}$) direta e materna (**[b]**) e variância residual ($\boldsymbol{\sigma_e^2}$), com seus respectivos desvios-padrão (**DP**) e intervalos de maior densidade a *posteriori* a 95% (**HPD – 95%**) para características de ganho de peso diário e de carcaça em bovinos da raça Nelore, com utilização da matriz A (apenas pedigree e fenótipo) e da matriz H (com inclusão de informação genômica)

Matriz A						
Característica	**h² ± DP**	**HPD – 95%**	$\boldsymbol{\sigma_a^2}$ **± DP**	**HPD – 95%**	$\boldsymbol{\sigma_e^2}$ **± DP**	**HPD – 95%**
GP1 (kg/dia)	0,14±0,02 0,19±0,02[a]	0,11–0,17 0,16–0,23[a]	0,002±0,000 0,003±0,000[b]	0,002–0,003 0,003–0,004[b]	0,011±0,000	0,011–0,012
GP2 (kg/dia)	0,18±0,01	0,15–0,21	0,003±0,000	0,002–0,003	0,012±0,000	0,012–0,012
GP3 (kg/dia)	0,14±0,02	0,11–0,18	0,001±0,000	0,001–0,002	0,008±0,000	0,007–0,008
GP4 (kg/dia)	0,12±0,02	0,08–0,15	0,002±0,000	0,001–0,002	0,015±0,000	0,015–0,016
AOL (cm²)	0,37±0,03	0,31–0,43	13,75±1,30	11,38–16,43	23,48±0,98	21,54–25,39
EGS (mm)	0,17±0,02	0,13–0,21	0,092±0,011	0,071–0,113	0,452±0,010	0,434–0,473
EGP8 (mm)	0,28±0,02	0,23–0,33	0,338±0,033	0,274–0,403	0,883±0,027	0,829–0,934
Matriz H						
Característica	**h² ± DP**	**HPD – 95%**	$\boldsymbol{\sigma_a^2}$ **± DP**	**HPD – 95%**	$\boldsymbol{\sigma_e^2}$ **± DP**	**HPD – 95%**
GP1 (kg/dia)	0,17±0,02 0,17±0,01[a]	0,13–0,21 0,14–0,20[a]	0,003±0,000 0,003±0,000[b]	0,002–0,003 0,002–0,003[b]	0,011±0,000	0,010–0,011
GP2 (kg/dia)	0,19±0,01	0,16–0,22	0,003±0,000	0,002–0,003	0,012±0,000	0,012–0,012
GP3 (kg/dia)	0,15±0,02	0,12–0,18	0,001±0,000	0,001–0,002	0,007±0,000	0,007–0,008
GP4 (kg/dia)	0,11±0,01	0,08–0,13	0,002±0,000	0,001–0,002	0,015±0,000	0,015–0,016
AOL (cm²)	0,32±0,02	0,27–0,37	11,99±1,04	9,82–13,96	24,82±0,78	23,26–26,36
EGS (mm)	0,18±0,02	0,15–0,22	0,100±0,010	0,080–0,121	0,443±0,010	0,424–0,462
EGP8 (mm)	0,25±0,02	0,22–0,29	0,308±0,025	0,257–0,357	0,900±0,021	0,860–0,942

GP1 = ganho de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade; GP2 = ganho de peso diário dos 120 aos 210 dias de idade; GP3 = ganho de peso diário dos 210 aos 365 dias de idade; GP4 = ganho de peso diário dos 365 aos 450 dias de idade; AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; EGP8 = espessura de gordura na garupa

As estimativas de herdabilidade direta (0,14±0,02 e 0,17±0,02 utilizando matriz A e matriz H, respectivamente) para GP1 foram inferiores a relatada por Caetano et al. (2013), que obtiveram estimativa de herdabilidade igual a 0,24±0,01. Por outro lado, as estimativas de herdabilidade materna encontradas para GP1 (Tabela 3) foram consideravelmente superiores a descrita pelos mesmos autores, de 0,07±0,01 para GP1, em bovinos Nelore. Para GP1, as estimativas de herdabilidade materna foram superiores as de herdabilidade direta, dado que nessa fase existe maior dependência dos bezerros em relação as mães (Ribeiro et al., 2001). Isto

indica, também, que uma parte do fenótipo observado nos indivíduos é atribuível diretamente ao potencial genético de suas mães. A habilidade materna está diretamente relacionada com o ganho em peso nos períodos iniciais da vida dos bezerros.

De acordo com Pimenta Filho et al. (2001), a inclusão do efeito genético aditivo materno nos modelos para a avaliação genética de características de crescimento (peso aos 205, aos 365 e aos 550 dias de idade) dos animais é essencial e possui efeito significativo ($p<0,05$) em todas as idades estudadas pelos autores. Para o presente trabalho foi testada a inclusão do efeito genético aditivo materno nos modelos estatísticos para cada característica estudada, porém devido a estrutura dos dados e da grande proporção de mães com apenas um filho (79,32% em média), as análises não convergiram para a maioria das características, exceto para GP1, para a qual obteve-se convergência da análise nas duas metodologias estudadas.

As estimativas de herdabilidade direta para GP1 e GP2 (nas duas metodologias; Tabela 3) no presente estudo foram inferiores as estimativas obtidas por Martins et al. (2000) para ganho de peso diário do nascimento ao desmame em bovinos Nelore (0,35±0,17). Tais diferenças estão relacionadas ao fato de as características serem mensuradas em períodos diferentes e, também, devido aos mesmos autores não terem utilizado o efeito genético aditivo materno no modelo, o que pode superestimar a estimativa de herdabilidade direta.

As estimativas de herdabilidade direta para as características de ganho de peso diário nos períodos pré e pós-desmame (Tabela 3) também foram menores do que as relatadas por Laureano et al. (2011), que estimaram herdabilidade direta de 0,21 e materna de 0,06 para ganho de peso diário do nascimento ao desmame e herdabilidade direta de 0,23 para ganho de peso diário do desmame ao sobreano. Essas diferenças podem ser explicadas pela diferença no intervalo da idade em que as características foram mensuradas. As estimativas de herdabilidade materna foram maiores para GP1 do que a relatada pelos mesmos autores. Isso pode demonstrar que até os 120 dias de idade o efeito genético aditivo materno pode ter maior influência do que até o desmame. A estimativa de herdabilidade direta para

GP3 (0,14±0,02) foi semelhante a encontrada por Caetano et al. (2013), igual a 0,16±0,01.

As estimativas de herdabilidade média estimadas para AOL e EGP8 (Tabela 3) foram maiores do que as descritas por Zuin et al. (2012) (0,29±0,03 e 0,23±0,03), Caetano et al. (2013) (0,34±0,02 e 0,31±0,03) e Buzanskas et al. (2017) (0,32±0,03 e 0,19±0,02), para essas características, respectivamente. Para EGS, a estimativa de herdabilidade média (0,17±0,02) foi menor do que as descritas por Zuin et al. (2012) (0,21±0,02) e Caetano et al. (2013) (0,23±0,02), e semelhante à descrita por Buzanskas et al. (2017) (0,16±0,02). Os autores citados, utilizaram dados pertencentes ao mesmo banco de dados da ANCP e tais diferenças encontradas podem ter ocorrido devido aos critérios adotados de edição dos dados, devido as quantidades diferentes de animais e anos de nascimento e mudanças nos critérios de seleção ao longo dos anos.

Os intervalos de maior densidade a *posteriori* a 95% (HPD–95%) para as estimativas de herdabilidade e para as variâncias (Tabela 3) tiveram pequena amplitude, tanto quando utilizada a matriz A, quanto a matriz H. Portanto, considerou-se que o tamanho da cadeia de Gibbs utilizado foi suficiente para obtenção da convergência das análises. Assim, pode-se afirmar que estimativas de parâmetros genéticos e ambientais foram confiáveis em ambas as metodologias.

As estimativas médias de herdabilidade para as características estudadas obtidas pelos dois métodos foram semelhantes (Tabela 3). As estimativas podem ter sido similares devido ao número de animais com fenótipos disponíveis ser maior que o número de animais genotipados. Portanto, a inclusão da matriz genômica não acrescentou informações suficientes para proporcionar grandes alterações nessas estimativas.

Gordo et al. (2016) em estudo com bovinos Nelore, com mensuração da carcaça após o abate, obtiveram estimativas de herdabilidade para AOL de 0,13±0,09 e para EGS de 0,07±0,06 com o método BLUP e de 0,29±0,06 para AOL e 0,16±0,05 para EGS com o método ssGBLUP, as estimativas com o uso de informação genômica foram superiores em relação aquelas estimadas sem informação genômica. Os autores concluíram que, se disponível, a informação genômica deve ser incluída nas análises para a estimação de componentes de

variância, covariância e valores genéticos, principalmente quando a característica possui pequeno número de observações e alta porcentagem de pais desconhecidos. No presente trabalho, a quantidade de pais desconhecidos foi maior para GP2, AOL, EGS e EGP8 (Tabela 1).

As correlações genéticas médias obtidas pelos métodos BLUP e ssGBLUP para as características de crescimento e as características de carcaça, foram muito semelhantes (Tabela 4). Em geral, essas foram de baixa a moderada magnitude, positivas e favoráveis, em ambos os métodos. Portanto, a seleção para qualquer uma dessas características favorecerá as demais.

A correlação genética entre EGS e EGP8 apresentou alta magnitude (Tabela 4), com médias de 0,69±0,05 (matriz A) e 0,66±0,04 (matriz H), indicando que a seleção para uma das características favorecerá a outra. Correlação genética semelhante foi descrita por Buzanskas et al. (2017), entre essas características, a qual foi igual a 0,59±0,07. De acordo com esses autores, a alta estimativa de correlação genética entre essas características indica que ambas são influenciadas, em sua maioria, por um conjunto comum de genes de ação genética aditiva.

Tabela 4. Correlações genéticas entre as características de crescimento e de carcaça com os respectivos desvios-padrão e intervalos de maior densidade a *posteriori* a 95% (**HPD – 95%**) obtidas por metodologia Bayesiana (matriz A) e ssGBLUP (matriz H) em bovinos da raça Nelore

Matriz A						
Característica	**AOL**	**HPD–95%**	**EGS**	**HPD–95%**	**EGP8**	**HPD–95%**
GP1 (kg/dia)	0,34±0,10	0,15–0,54	0,08±0,10	-0,14–0,27	0,06±0,09	-0,13–0,24
GP2 (kg/dia)	0,52±0,06	0,40–0,64	0,30±0,09	0,14–0,48	0,20±0,08	0,03–0,34
GP3 (kg/dia)	0,37±0,09	0,20–0,53	0,29±0,10	0,09–0,47	0,26±0,09	0,07–0,45
GP4 (kg/dia)	0,19±0,10	-0,00–0,37	0,24±0,11	0,00–0,45	0,18±0,10	-0,01–0,37
AOL (cm²)	–	–	0,08±0,08	-0,07–0,23	0,12±0,07	-0,01–0,27
EGS (mm)	–	–	–	–	0,69±0,05	0,60–0,77
Matriz H						
Característica	**AOL**	**HPD–95%**	**EGS**	**HPD–95%**	**EGP8**	**HPD–95%**
GP1 (kg/dia)	0,40±0,08	0,25–0,55	0,10±0,08	-0,07–0,26	0,04±0,07	-0,10–0,18
GP2 (kg/dia)	0,48±0,06	0,37–0,61	0,26±0,07	0,11–0,40	0,14±0,07	0,00–0,26
GP3 (kg/dia)	0,39±0,07	0,24–0,53	0,26±0,09	0,10–0,43	0,24±0,08	0,08–0,41
GP4 (kg/dia)	0,25±0,09	0,07–0,44	0,21±0,10	0,03–0,40	0,16±0,08	-0,00–0,32
AOL (cm²)	–	–	0,07±0,07	-0,07–0,21	0,13±0,06	0,01–0,24
EGS (mm)	–	–	–	–	0,66±0,04	0,58–0,74

GP1 = ganho de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade; GP2 = ganho de peso diário dos 120 aos 210 dias de idade; GP3 = ganho de peso diário dos 210 aos 365 dias de idade; GP4 = ganho de peso diário dos 365 aos 450 dias de idade; AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; EGP8 = espessura de gordura na garupa

Animais com desenvolvimento muscular precoce tendem a ser precoces na deposição de gordura e apresentar melhor qualidade de carcaça. Desse modo, a seleção para ganho de peso nas fases iniciais de crescimento poderá trazer melhorias futuras às características de carcaça, resultando em carcaças com melhor acabamento. Porém, a seleção para o aumento dos ganhos de peso diário pré e pós-desmame e AOL favorece o aumento da gordura subcutânea, que é medida por EGS e EGP8, as quais devem ser uniformes e não em excesso (Buzanskas et al., 2017). É importante ressaltar que a quantidade de gordura subcutânea seja proporcional a quantidade de carne na carcaça, portanto ambas devem aumentar juntas para garantir a maciez da carne (Caetano et al., 2013).

O GP2 foi o ganho de peso diário que apresentou maiores estimativas de correlações genéticas com AOL e EGS, 0,52±0,06 e 0,30±0,09 (matriz A) e 0,48±0,06 e 0,26±0,07 (matriz H), respectivamente, indicando que a seleção para GP2 poderá trazer ganhos genéticos indiretos para AOL e EGS. O GP3 apresentou maior correlação genética com a EGP8, sendo 0,26±0,09 (matriz A) e 0,24±0,08 (matriz H; Tabela 4).

As correlações genéticas entre GP1 e EGS, GP1 e EGP8, GP4 e AOL, GP4 e EGP8, e AOL e EGS (matriz A) e as correlações genéticas entre GP1 e EGS, GP1 e EGP8, GP4 e EGP8, e AOL e EGS (matriz H) apresentaram DP elevados e HPD–95% variando entre números negativos e positivos (Tabela 4), demonstrando que as estimativas se aproximam de zero, portanto as correlações genéticas entre essas características podem ser consideradas nulas. As correlações ambientais entre estas mesmas características (Tabela 5), para os dois métodos, foram maiores que as correlações genéticas e apresentaram menores DP e HPD–95% positivos. Portanto, pode-se considerar que a associação fenotípica entre essas características é explicada principalmente por fatores ambientais e fatores genéticos não aditivos.

As correlações ambientais médias para as características de crescimento e de carcaça obtidas pelos dois métodos utilizados neste estudo, apresentaram estimativas semelhantes (Tabela 5). Estas correlações foram positivas e favoráveis e apresentaram de baixa a moderada magnitude, em ambos os métodos, assim como as correlações genéticas (Tabela 4).

Tabela 5. Correlações ambientais entre as características de crescimento e de carcaça com os respectivos desvios-padrão e intervalos de maior densidade a *posteriori* a 95% (**HPD – 95%**) obtidas por metodologia Bayesiana (matriz A) e ssGBLUP (matriz H) em bovinos da raça Nelore

Matriz A						
Característica	**AOL**	**HPD–95%**	**EGS**	**HPD–95%**	**EGP8**	**HPD–95%**
GP1 (kg/dia)	0,40±0,03	0,34–0,45	0,06±0,02	0,02–0,11	0,05±0,03	0,00–0,10
GP2 (kg/dia)	0,23±0,02	0,12–0,28	0,05±0,02	0,00–0,09	0,04±0,02	-0,00–0,09
GP3 (kg/dia)	0,20±0,03	0,15–0,25	0,11±0,02	0,07–0,15	0,10±0,02	0,05–0,15
GP4 (kg/dia)	0,23±0,03	0,18–0,29	0,11±0,02	0,07–0,16	0,16±0,02	0,11–0,21
AOL (cm²)	–	–	0,21±0,02	0,17–0,25	0,18±0,03	0,13–0,23
EGS (mm)	–	–	–	–	0,48±0,01	0,46–0,51
Matriz H						
Característica	**AOL**	**HPD–95%**	**EGS**	**HPD–95%**	**EGP8**	**HPD–95%**
GP1 (kg/dia)	0,38±0,02	0,33–0,42	0,07±0,02	0,02–0,11	0,07±0,02	0,02–0,11
GP2 (kg/dia)	0,25±0,02	0,20–0,29	0,06±0,02	0,02–0,10	0,06±0,02	0,01–0,10
GP3 (kg/dia)	0,19±0,02	0,15–0,24	0,11±0,02	0,07–0,16	0,11±0,02	0,06–0,15
GP4 (kg/dia)	0,22±0,02	0,17–0,27	0,12±0,02	0,08–0,16	0,17±0,02	0,12–0,21
AOL (cm²)	–	–	0,21±0,02	0,17–0,24	0,18±0,02	0,14–0,22
EGS (mm)	–	–	–	–	0,49±0,01	0,46–0,51

GP1 = ganho de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade; GP2 = ganho de peso diário dos 120 aos 210 dias de idade; GP3 = ganho de peso diário dos 210 aos 365 dias de idade; GP4 = ganho de peso diário dos 365 aos 450 dias de idade; AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; EGP8 = espessura de gordura na garupa

As maiores correlações ambientais estimadas neste trabalho foram entre GP1 e AOL e entre EGS e EGP8, em ambas as metodologias (Tabela 5). As correlações ambientais entre EGS e EGP8 foram semelhantes às descritas por Zuin et al. (2012) e Buzanskas et al. (2017), as quais foram iguais a 0,50±0,02 e 0,48±0,01, respectivamente. Isto demonstra que tais características respondem proporcionalmente à variação de ambiente e de efeitos genéticos não aditivos.

As estimativas médias dos valores genéticos estimados e dos valores genéticos genômicos (Tabela 6), para os ganhos de peso diário, utilizando todos os animais do pedigree, foram muito semelhantes, provavelmente devido as pequenas proporções de animais genotipados para essas características, que foram iguais a 12,10%, 11,55%, 14,52%, 14,18%, respectivamente para GP1, GP2, GP3 e GP4. Porém, as acurácias médias para essas características foram um pouco maiores com a inclusão das informações genômicas. Deve-se notar que o número de animais genotipados (6.302) é pequeno se comparado com a quantidade de animais com registros fenotípicos (42.110). Portanto, espera-se que o uso de maior número de animais genotipados leve a resultados mais acurados.

As características de carcaça, utilizadas neste estudo, possuem a proporção de animais genotipados igual a 29,27%, 29,15% e 29,20%, respectivamente para AOL, EGS e EGP8. Estas características apresentaram maiores GEBVs do que os EBVs (Tabela 6) e a adição de informações genômicas resultou em aumento nas acurácias. O valor genético médio estimado para AOL aumentou de 0,16±1,48 para 0,64±1,49 quando se adicionou informação genômica às análises. EGS e EGP8 tiveram pequenos aumentos, com adição de 0,02 ao valor da acurácia dos GEBVs. Gordo et al. (2016) também observaram aumento nas acurácias dos valores genéticos para características de carcaça com a adição de informações genômicas.

Tabela 6. Estimativas médias dos valores genéticos estimados (**EBV**) e valores genéticos genômicos (**GEBV**) com suas respectivas acurácias (**Acc**) e seus respectivos desvios-padrão (**DP**) para características de crescimento e de carcaça em bovinos da raça Nelore

Característica	EBV ± DP	Acc ± DP	GEBV ± DP	Acc ± DP
GP1 (kg/dia)	0,01 ± 0,02	0,34 ± 0,16	0,01 ± 0,02	0,37 ± 0,16
GP2 (kg/dia)	0,02 ± 0,03	0,42 ± 0,17	0,02 ± 0,03	0,44 ± 0,16
GP3 (kg/dia)	0,01 ± 0,01	0,38 ± 0,16	0,01 ± 0,01	0,39 ± 0,16
GP4 (kg/dia)	0,01 ± 0,01	0,36 ± 0,16	0,01 ± 0,02	0,36 ± 0,15
AOL (cm²)	0,16 ± 1,48	0,37 ± 0,18	0,64 ± 1,49	0,38 ± 0,17
EGS (mm)	0,02 ± 0,10	0,33 ± 0,16	0,04 ± 0,11	0,35 ± 0,16
EGP8 (mm)	-0,01 ± 0,21	0,35 ± 0,17	0,01 ± 0,22	0,35 ± 0,16

GP1 = ganho de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade; GP2 = ganho de peso diário dos 120 aos 210 dias de idade; GP3 = ganho de peso diário dos 210 aos 365 dias de idade; GP4 = ganho de peso diário dos 365 aos 450 dias de idade; AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; EGP8 = espessura de gordura na garupa

Em termos de acurácia do valor genético é possível observar que o uso da informação genômica é mais vantajoso, principalmente para os touros mais jovens, os quais possuem poucos filhos (Figura 1). Conforme o número de filhos por touro aumenta, as diferenças entre as acurácias dos EBVs e as acurácias dos GEBVs tendem a diminuir, especialmente para GP1, GP4, AOL e EGS, pois os touros que possuem elevado número de informações já possuem alta acurácia. O aumento no valor de acurácia do GEBV em touros mais jovens pode favorecer a redução do intervalo de gerações por meio da seleção desses touros.

A AOL, se comparada a EGS e EGP8, foi a característica de carcaça que apresentou maior diferença entre acurácia do GEBV e do EBV, em touros jovens, isto pode ser devido a mesma fazer parte do índice bioeconômico da ANCP (MGTe) para bovinos Nelore.

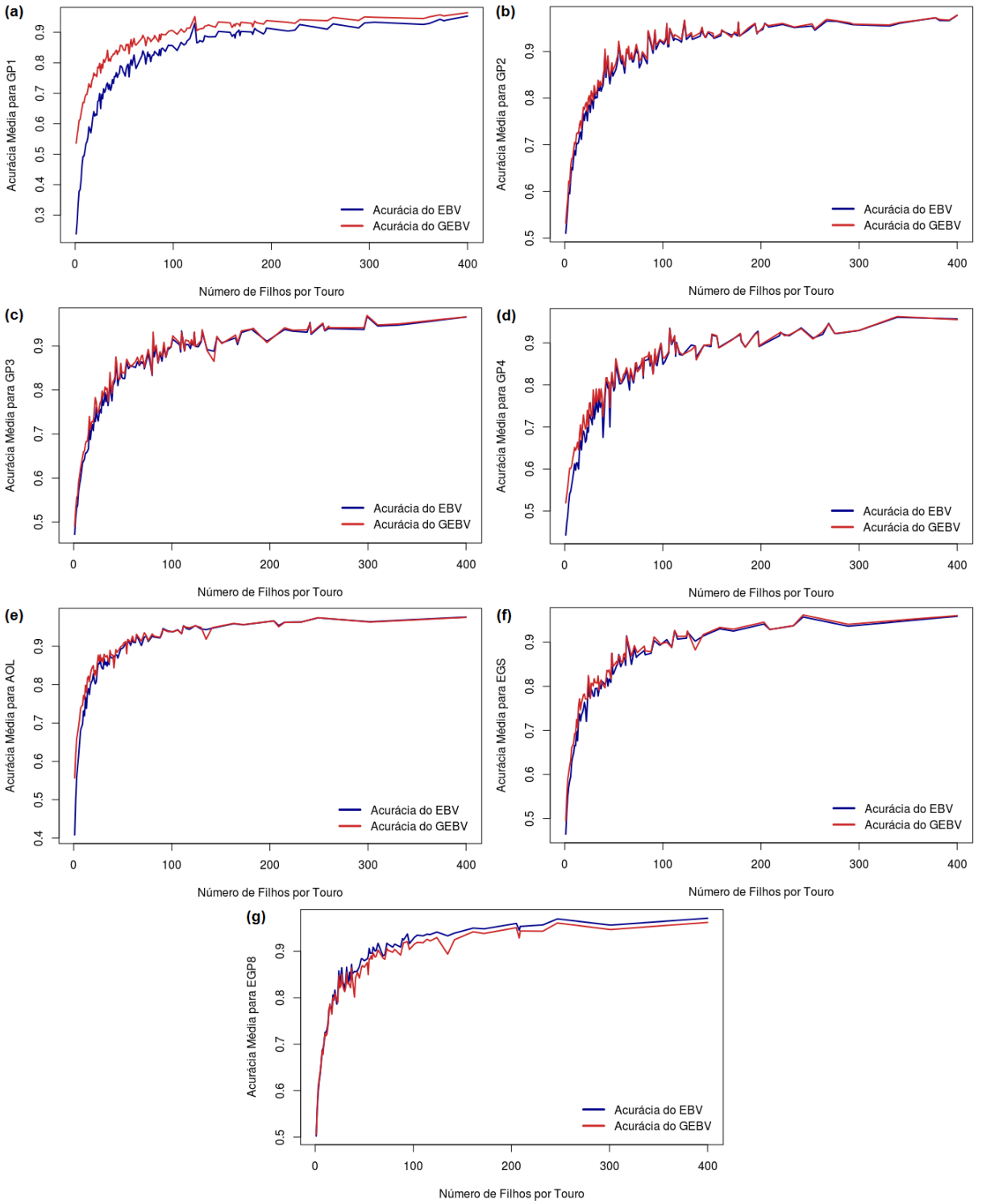


Figura 1. Estimativas de acurácia média dos valores genéticos estimados (**EBV**) e valores genéticos genômicos (**GEBV**) dos touros em relação ao número de filhos por touro para **(a)** ganho de peso diário do nascimento aos 120 dias (GP1), **(b)** dos 120 aos 210 dias (GP2), **(c)** dos 210 aos 365 dias (GP3), **(d)** dos 365 aos 455 dias (GP4), **(e)** área de olho de lombo (AOL), **(f)** espessura de gordura subcutânea (EGS) e **(g)** espessura de gordura na garupa (EGP8) em bovinos da raça Nelore

Nas análises para obtenção das tendências genéticas por meio de regressão linear considerando a variação dos EBVs e dos GEBVs médios anuais em função do ano de nascimento (Figuras 2 a 8), obteve-se coeficiente angular significativo ($p<0,05$) para a maioria das características estudadas, exceto a tendência genética com o uso do GEBV para EGP8 (Figura 8b). Em geral, o progresso genético foi evidenciado para as características estudadas, tanto para os GEBVs como para os EBVs.

Os coeficientes de determinação (R^2) das tendências genéticas, utilizando GEBV em função do ano de nascimento dos animais, para os ganhos de peso diário (Figuras 2 a 6) foram menores quando comparados aos R^2 das tendências genéticas utilizando EBV. Isso indicou menor proporção de ajuste ao modelo de regressão linear das estimativas de GEBV do que aquelas de EBV em relação ao ano de nascimento. Todavia, as tendências genéticas obtidas com GEBV e EBV foram semelhantes, possivelmente devido a pequena proporção de animais genotipados para essas características.

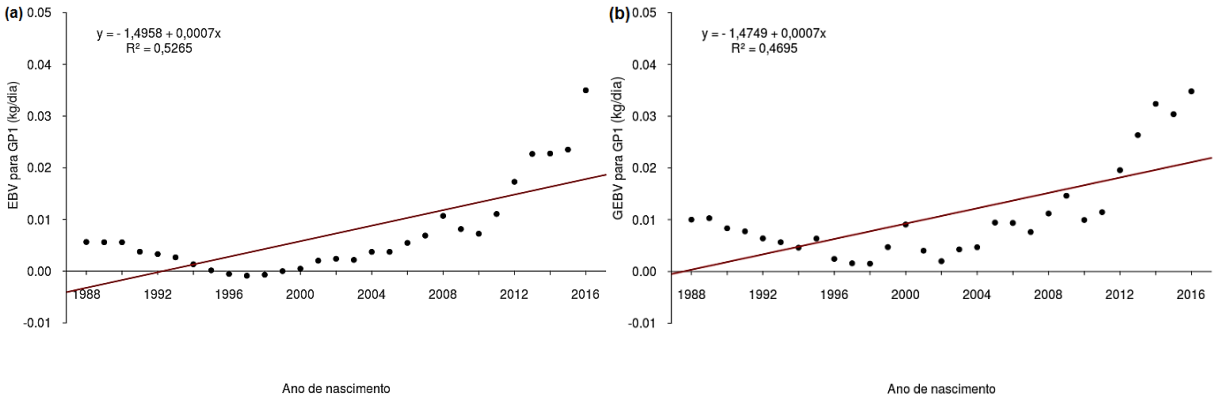


Figura 2. Tendência genética a partir da regressão linear das médias **(a)** dos valores genéticos (EBV) e **(b)** dos valores genéticos genômicos (GEBV) da característica ganho de peso diário do nascimento aos 120 dias (GP1) em função do ano nascimento, em bovinos da raça Nelore. Os coeficientes de regressão foram significativamente ($p<0,0001$) diferentes de zero pelo teste *t*

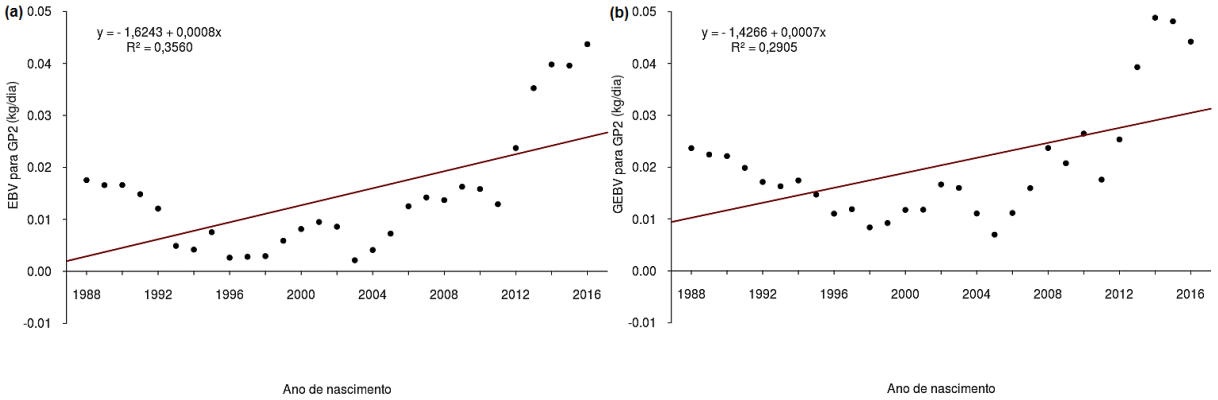


Figura 3. Tendência genética a partir da regressão linear das médias **(a)** dos valores genéticos (EBV) e **(b)** dos valores genéticos genômicos (GEBV) da característica ganho de peso diário dos 120 dias aos 210 dias (GP2) em função do ano nascimento, em bovinos da raça Nelore. O coeficiente de regressão foi significativamente (p<0,0001) diferente de zero pelo teste *t* quando utilizado o EBV e quando utilizado o GEBV foi significativamente (p<0,001) diferente de zero pelo teste *t*

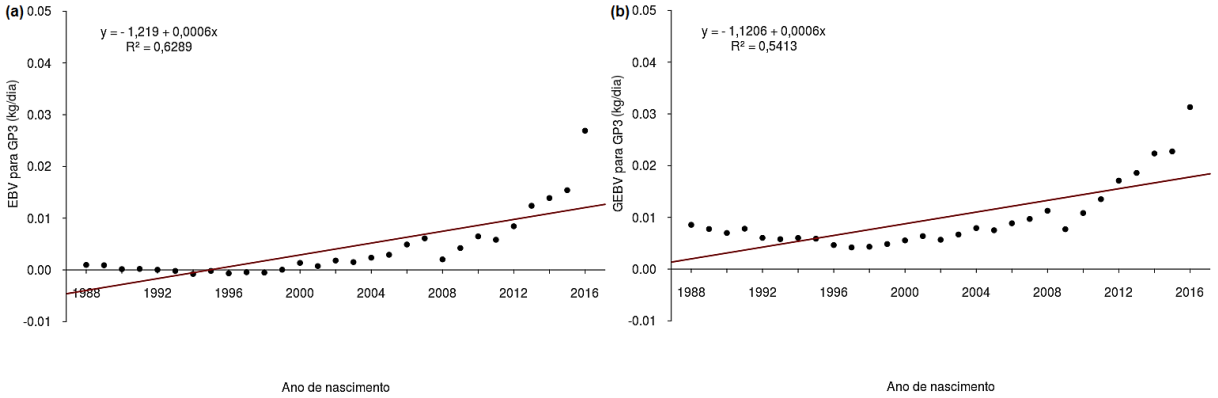


Figura 4. Tendência genética a partir da regressão linear das médias **(a)** dos valores genéticos (EBV) e **(b)** dos valores genéticos genômicos (GEBV) da característica ganho de peso diário dos 210 dias aos 365 dias (GP3) em função do ano nascimento, em bovinos da raça Nelore. Os coeficientes de regressão foram significativamente (p<0,0001) diferentes de zero pelo teste *t*

Nas tendências genéticas para GP1, GP3 e GP4 (Figuras 2, 4 e 5), quando o EBV foi utilizado como variável dependente, o R^2 dos modelos de regressão linear para essas características variou de 0,5265 a 0,6522. Isso significa que os modelos de regressão linear explicaram em torno de 52,65% a 65,22% da variação observada dos EBVs em função do ano de nascimento dos animais. Nas tendências genéticas para GP2, AOL e EGS (Figuras 3, 6 e 7), utilizando EBV, os valores de R^2, variaram entre 0,3560 e 0,3865. Portanto, os modelos de regressão linear

explicaram apenas de 35,60% a 38,65% da variação dos EBVs em função do ano de nascimento, para essas características.

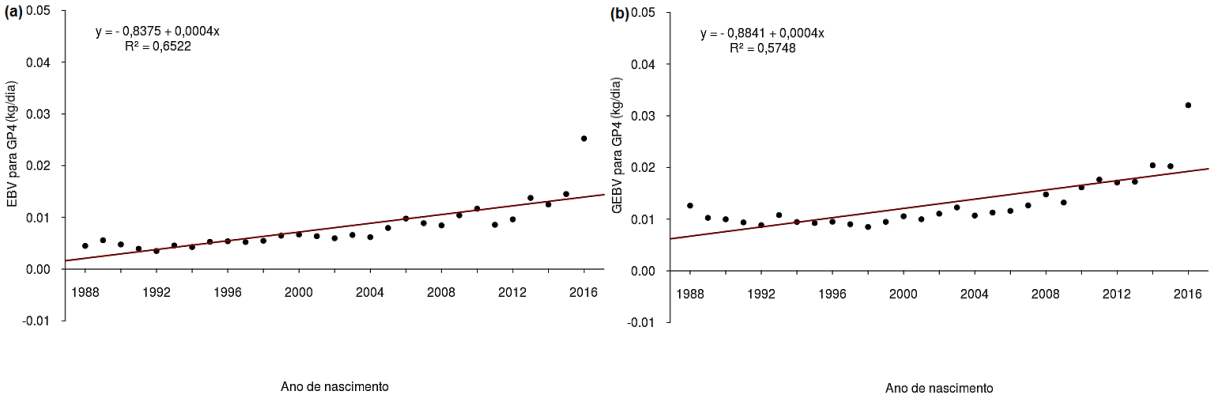


Figura 5. Tendência genética a partir da regressão linear das médias **(a)** dos valores genéticos (EBV) e **(b)** dos valores genéticos genômicos (GEBV) da característica ganho de peso diário dos 365 dias aos 450 dias (GP4) em função do ano nascimento, em bovinos da raça Nelore. Os coeficientes de regressão foram significativamente ($p<0,0001$) diferentes de zero pelo teste *t*

As tendências genéticas para os ganhos de peso pós-desmame (Figuras 4 e 5) apresentaram maiores R^2 e distribuição dos dados linear e crescente se comparadas as tendências genéticas para os ganhos de peso pré-desmame (Figuras 2 e 3), as quais apresentaram uma maior dispersão das médias ao longo dos anos e maior progresso genético a partir de 2010. Tais resultados estão de acordo com aos descritos por Laureano et al. (2011), em estudo realizado com bovinos da raça Nelore.

Para AOL, a tendência genética (Figura 6) utilizando o GEBV teve maior R^2 (0,4962), do que quando utilizado EBV, indicando que esse modelo de regressão linear explicou melhor a variação dos valores genéticos. Assim como observado na Tabela 6, a média dos GEBVs para AOL foi consideravelmente maior do que a média dos EBVs. O progresso genético para AOL era esperado, tendo em vista que a característica faz parte do MGTe. Pode-se notar maior progresso genético para AOL e EGS a partir de 2010. Portanto, este fato pode ser devido ao processo de seleção direta para esta característica ao longo dos anos.

A EGS (Figura 7) e as características de ganho de peso diário (Figuras 2 a 5) apresentaram mudanças lineares significativas ($p<0,05$) dos EBVs e GEBVs em função do ano de nascimento dos animais, mesmo não fazendo parte do MGTe. Por

conseguinte, essas características podem estar sendo influenciadas pela seleção das características que fazem parte do MGTe, como os pesos mensurados em diferentes idades e a AOL.

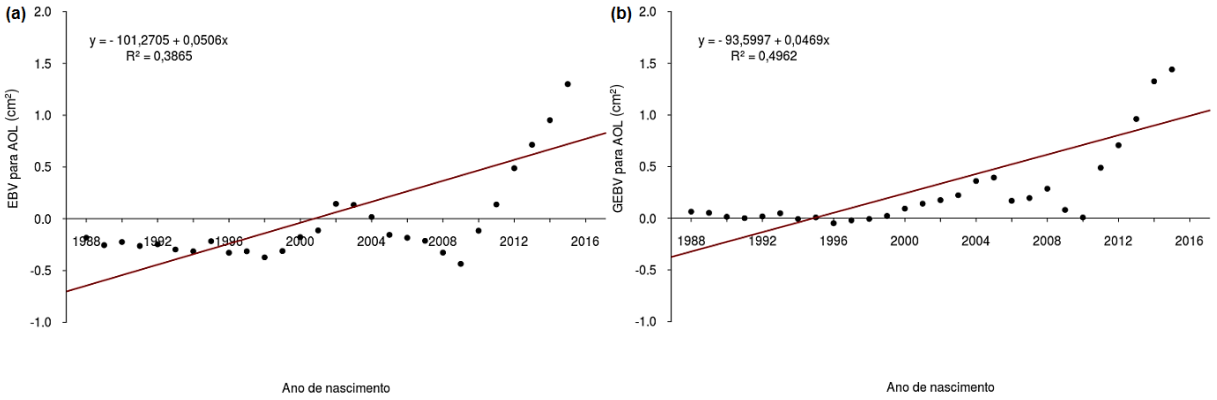


Figura 6. Tendência genética a partir da regressão linear das médias **(a)** dos valores genéticos (EBV) e **(b)** dos valores genéticos genômicos (GEBV) da característica área de olho de lombo (AOL) em função do ano nascimento, em bovinos da raça Nelore. Os coeficientes de regressão foram significativamente (p<0,0001) diferentes de zero pelo teste *t*

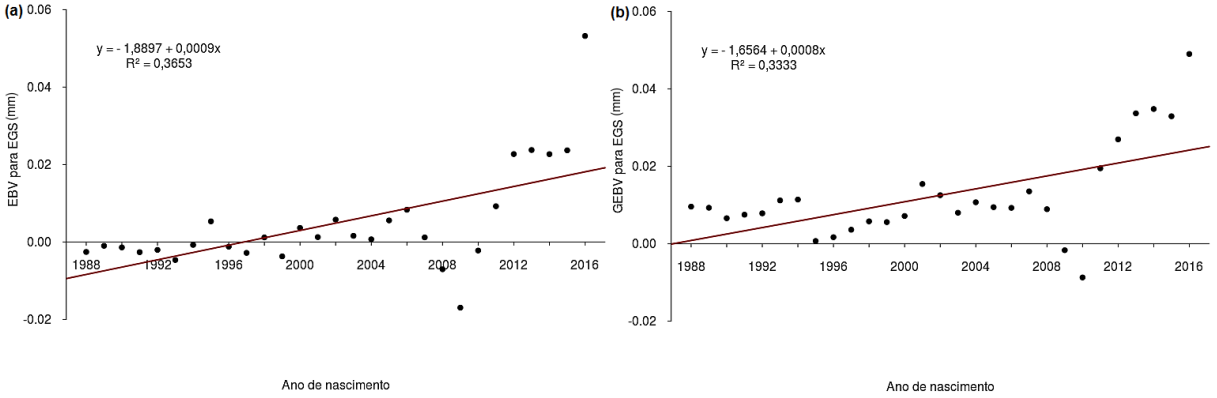


Figura 7. Tendência genética a partir da regressão linear das médias **(a)** dos valores genéticos (EBV) e **(b)** dos valores genéticos genômicos (GEBV) da característica espessura de gordura subcutânea (EGS) em função do ano nascimento, em bovinos da raça Nelore. O coeficiente de regressão foi significativamente (p<0,0001) diferente de zero pelo teste *t* quando utilizado o EBV e quando utilizado o GEBV foi significativamente (p<0,001) diferente de zero pelo teste *t*

Tendo em vista que as características de carcaça começaram a ser mensuradas e fazer parte do programa de melhoramento genético da raça Nelore apenas em 2008, pode-se observar maior progresso genético para AOL e EGS a partir de 2010. Também é notável que as características de crescimento (Figuras 2 a 5) possuem progresso genético mais acentuado a partir de 2010, deste modo pode-

se comprovar a moderada correlação genética (Tabela 4) positiva e favorável entre tais características, as quais podem estar favorecendo a seleção indireta para as características de carcaça.

Nas tendências genéticas para EGP8 (Figura 8), os baixos valores para o R^2, indicaram que os modelos de regressão linear explicam apenas uma pequena proporção da variação dos valores genéticos. O coeficiente de regressão foi significativamente ($p<0,01$) diferente de zero pelo teste *t* utilizando o EBV e, quando utilizado o GEBV, o coeficiente de regressão não foi significativamente ($p>0,05$) diferente de zero. Com inclusão da informação genômica ocorreu menor dispersão dos GEBVs em função do ano de nascimento.

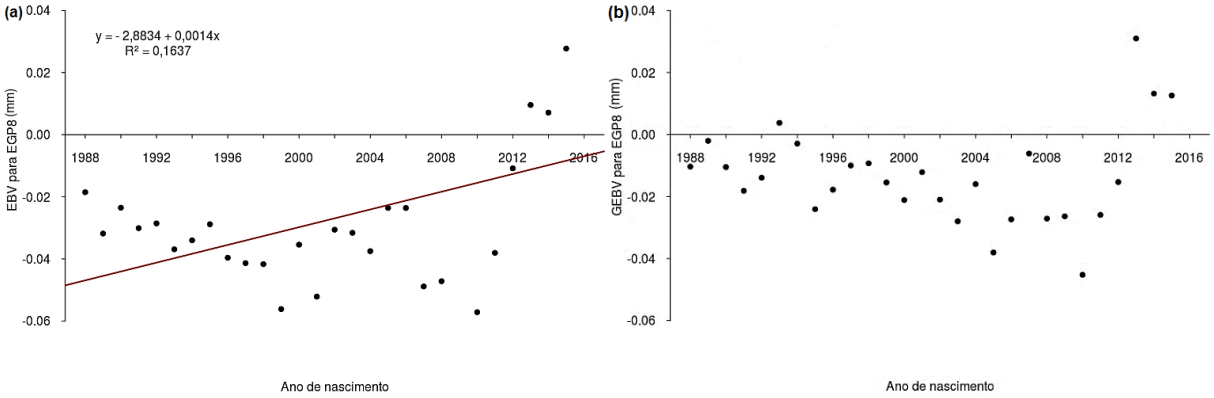


Figura 8. Tendência genética a partir da regressão linear das médias **(a)** dos valores genéticos (EBV) e **(b)** dos valores genéticos genômicos (GEBV) da característica espessura de gordura na garupa (EGP8) em função do ano nascimento, em bovinos da raça Nelore. O coeficiente de regressão foi significativamente ($p<0,01$) diferente de zero pelo teste *t* somente quando utilizado o EBV

Em ambos os cenários propostos para as análises de agrupamento, os animais foram divididos em quatro grupos tanto nas análises de agrupamento hierárquicas (Apêndices A e B), quanto nas análises de agrupamento não-hierárquicas (Figuras 9 e 10), ambas utilizando os EBVs e GEBVs dos animais como critério para a formação dos grupos.

No cenário 1, somente com fêmeas, para a análise de agrupamento não-hierárquica (Figura 9), os animais do grupo 2 (EBV e GEBV) apresentaram valores genéticos acima da média padronizada para a maioria das características, se comparados aos demais grupos. Os GP2 e GP3 utilizando EBV e o GP2 utilizando

GEBV foram os ganhos de peso diário com maior média padronizada em relação aos demais.

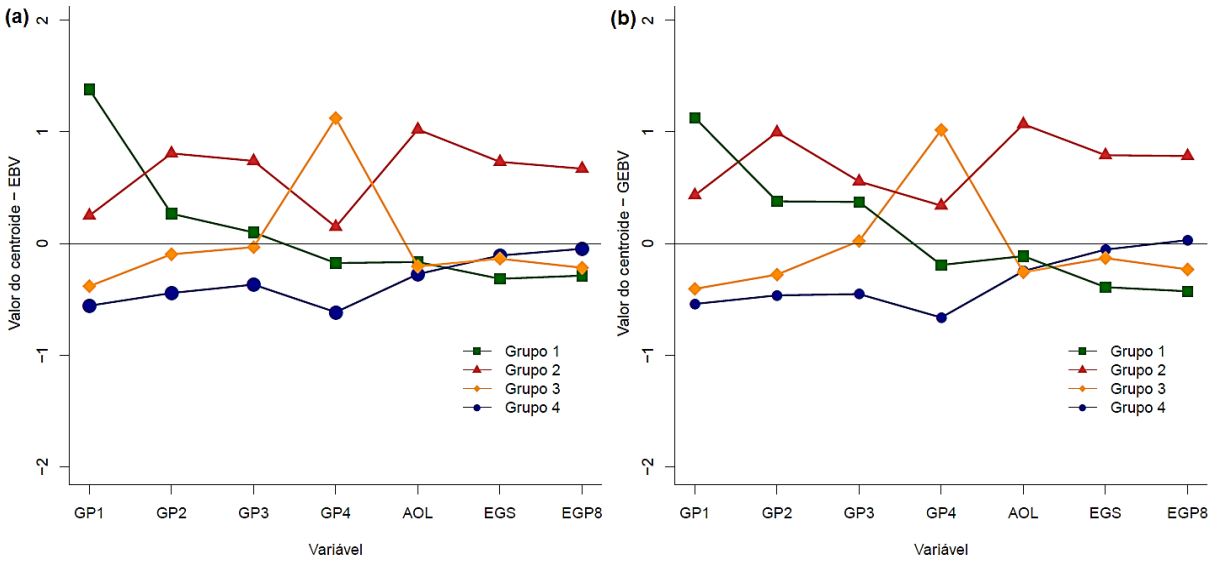


Figura 9. Análise de agrupamento não-hierárquica obtida pelo método K-means para fêmeas bovinas da raça Nelore, **(a)** utilizando os valores genéticos (EBV) e **(b)** os valores genéticos genômicos (GEBV), para os ganhos de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade (GP1), dos 120 aos 210 dias de idade (GP2), dos 210 aos 365 dias de idade (GP3), dos 365 aos 450 dias de idade (GP4); área de olho de lombo (AOL); espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura na garupa (EGP8)

No cenário 2, somente com machos, para a análise de agrupamento não-hierárquica (Figura 10) os animais do grupo 2 (EBV e GEBV) apresentaram valores genéticos acima da média padronizada para todas as características, exceto para GP1 e GP4 quando utilizado o EBV. Se comparado aos demais grupos, o grupo 2 apresentou maiores médias padronizadas para quase todas as características. Os valores centrais de agrupamento (centroide) para todas as características foram superiores nas análises de agrupamento não-hierárquicas utilizando GEBV (Figura 10), mesmo com a pequena proporção de animais com informação genotípica em relação a quantidade de animais com informação fenotípica.

Em ambos os cenários (Figuras 9 e 10), G2 e GP3 apresentaram maiores médias padronizadas, em relação a GP1 e GP4, tais características são correlacionadas geneticamente (Tabela 4) com AOL, EGS e EGP8, apresentando moderada a alta magnitude, tanto quando utilizado EBV como quando utilizado GEBV. Portanto, ao selecionar os animais dos grupos 2 para alguma dessas

características será possível obter respostas correlacionas para as demais. Enquanto que GP1 e GP4 apresentaram correlações baixas ou até nulas com AOL, EGS e EGP8.

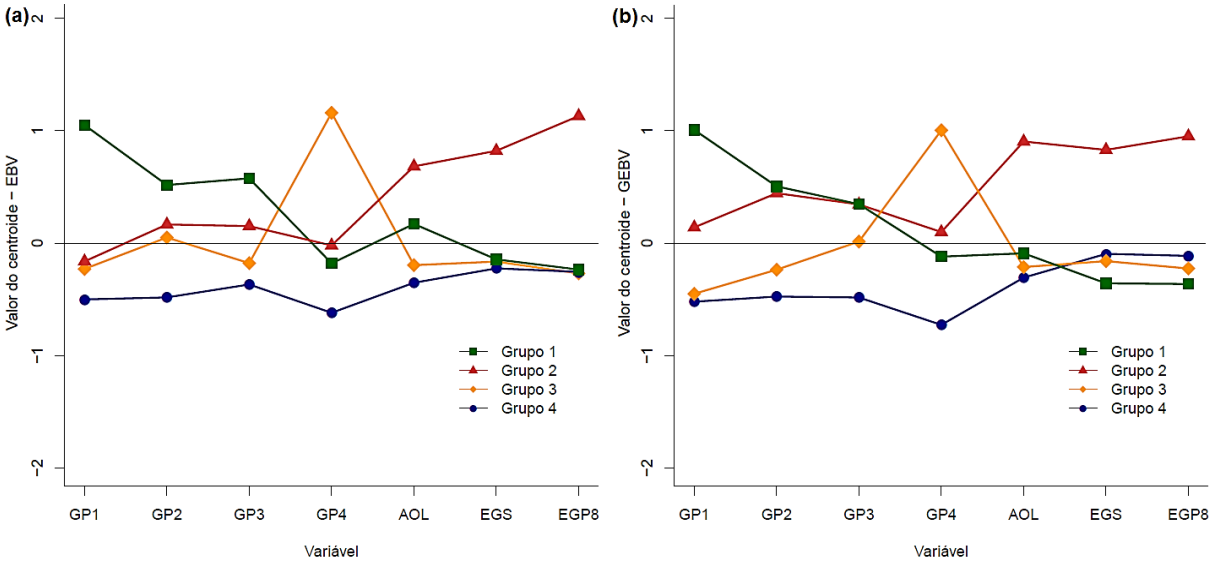


Figura 10. Análise de agrupamento não-hierárquica obtida pelo método K-means para machos bovinos da raça Nelore, **(a)** utilizando os valores genéticos (EBV) e **(b)** os valores genéticos genômicos (GEBV), para os ganhos de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade (GP1), dos 120 aos 210 dias de idade (GP2), dos 210 aos 365 dias de idade (GP3), dos 365 aos 450 dias de idade (GP4); área de olho de lombo (AOL); espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura na garupa (EGP8)

As análises de agrupamento não-hierárquicas para as fêmeas (Figura 9) apresentaram as seguintes quantidades de animais por grupos utilizando os EBVs: 3.768 (grupo 1), 3.634 (grupo 2), 4.439 (grupo 3) e 7.891 (grupo 4) e utilizando os GEBVs: 4.089 (grupo 1), 3.333 (grupo 2), 4.659 (grupo 3) e 7.651 (grupo 4). Utilizando os EBVs dos machos para análises de agrupamento não-hierárquicas (Figura 10), os grupos apresentaram as seguintes quantidades de animais: 8.562 (grupo 1), 6.451 (grupo 2), 7.970 (grupo 3) e 12.189 (grupo 4) e quando utilizados os GEBVs: 8.699 (grupo 1), 6.704 (grupo 2), 8.534 (grupo 3) e 11.235 (grupo 4).

Embora os grupos com os EBVs e os GEBVs obtidos nas análises de agrupamento não-hierárquicas tenham apresentado quantidades aproximadas de animais, observa-se que existem diferenças em relação aos animais agrupados em cada grupo. Por exemplo, nem todos os animais do grupo 1 com EBV e do grupo 1 com GEBV são os mesmos, tal fato ocorre em ambos os cenários (Tabelas 7 e 8).

Isso comprova a existência de mudanças nos valores genéticos dos animais quando a informação genômica é adicionada às análises, mesmo sendo de uma pequena proporção de animais. Portanto, caso todos os animais do grupo 2 com GEBV sejam utilizados para seleção, apenas 26,78% dos animais do grupo 2 com EBV também serão selecionados.

Tabela 7. Proporção (%) de animais em comum entre os quatro grupos formados pelas análises de agrupamento não-hierárquicas obtidas pelo método K-means utilizando valor genético (EBV[a]) e valor genético genômico (GEBV[b]) para características de crescimento e de carcaça em fêmeas bovinas da raça Nelore

GRUPO		GEBV[b]			
		1 (4.089)	**2 (3.333)**	**3 (4.659)**	**4 (7.651)**
EBV[a]	**1 (3.768)**	26,78[a]/24,68[b]	20,57[a]/23,25[b]	23,35[a]/18,89[b]	29,30[a]/14,43[b]
	2 (3.634)	30,35[a]/26,97[b]	33,76[a]/36,82[b]	17,81[a]/13,89[b]	18,08[a]/8,59[b]
	3 (4.439)	18,99[a]/20,62[b]	14,67[a]/19,53[b]	25,34[a]/24,15[b]	41,00[a]/23,79[b]
	4 (7.891)	14,37[a]/27,73[b]	8,62[a]/20,40[b]	25,43[a]/43,08[b]	51,58[a]/53,20[b]

Tabela 8. Proporção (%) de animais em comum entre os quatro grupos formados pelas análises de agrupamento não-hierárquicas obtidas pelo método K-means utilizando valor genético (EBV[a]) e valor genético genômico (GEBV[b]) para características de crescimento e de carcaça em machos bovinos da raça Nelore

GRUPO		GEBV[b]			
		1 (8.699)	**2 (6.704)**	**3 (8.534)**	**4 (11.235)**
EBV[a]	**1 (8.562)**	30,27[a]/28,80[b]	25,15[a]/32,11[b]	22,52[a]/22,59[b]	22,06[a]/16,82[b]
	2 (6.451)	27,59[a]/20,46[b]	23,10[a]/22,23[b]	22,85[a]/17,28[b]	26,46[a]/15,19[b]
	3 (7.970)	24,52[a]/22,46[b]	17,42[a]/20,70[b]	24,40[a]/22,79[b]	33,66[a]/23,88[b]
	4 (12.189)	19,47[a]/27,28[b]	13,72[a]/24,96[b]	26,15[a]/37,34[b]	40,66[a]/44,11[b]

Os coeficientes de variação para as características estudadas (Tabela 1) indicaram que existe alta variabilidade fenotípica entre os animais, assim como existe alta variabilidade genética, indicada pelos desvios-padrão das médias dos valores genéticos (genômicos) de cada característica (Tabela 6), o que pode estar influenciando nas diferenças entre os animais dos grupos com EBV e com GEBV. A

quantidade de animais por grupo nos dois cenários indica que há grande diferença entre grupos (Figuras 9 e 10) com EBV e com GEBV. Portanto, a seleção baseada no agrupamento de animais que apresentam melhor desempenho para os ganhos de peso diário e para as características de carcaça dependeria dos objetivos de seleção.

As análises de agrupamento utilizando os EBVs e os GEBVs provenientes das análises utilizando a matriz A (BLUP) e a matriz H (ssGBLUP), respectivamente, podem auxiliar na seleção genética dos animais baseada no valor genético aditivo médio de cada grupo para as características estudadas. Com base na distribuição dos valores centrais de agrupamento (centroide) e nas correlações genéticas, os animais do grupo 2 de ambos os cenários (Figuras 9 e 10) apresentaram valores genéticos acima da média para a maioria das características e poderiam, portanto, ser indicados para seleção.

6 CONCLUSÕES

A inclusão de informação genômica resultou em pequeno aumento nas estimativas de acurácia dos valores genéticos, para as características estudadas, em relação aqueles obtidos com base apenas no fenótipo e no pedigree. Touros mais jovens, com poucos filhos, apresentaram maiores acurácias dos GEBVs se comparadas as dos EBVs para GP1, GP4, AOL e EGS, portanto, a seleção desses touros pode favorecer a redução do intervalo de gerações.

As características de crescimento, em geral, apresentaram associação genética favorável com as características de carcaça, portanto essa associação poderá ser considerada em programas de melhoramento genético de bovinos de corte, de modo a auxiliar na seleção para tais características.

As análises de agrupamento não-hierárquicas podem ajudar a visualizar as associações genéticas existentes entre as características estudadas, definir quais os animais mais indicados para atender aos objetivos de seleção e observar as diferenças nos valores genéticos dos animais com e sem o uso de informação genômica.

7 REFERÊNCIAS

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

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

Boligon AA, Albuquerque LG, Mercadante MEZ, Lôbo RB (2010) Study of relations among age at first calving, average weight gains and weights from weaning to maturity in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia** 39:746-751.

Buzanskas ME, Pires PS, Chud TCS, Bernardes PA, Rola LD, Savegnago RP, Lôbo RB, Munari DP (2017) Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology** 92:204–209.

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

Cassar-Malek I, Picard B (2016) Expression Marker-Based Strategy to Improve Beef Quality. **The Scientific World Journal**, 2016, Article ID 2185323.

Chud TCS, Caetano SL, Buzanskas ME, Grossi DA, Guidolin DGF, Nascimento GB, Rosa JO, Lôbo RB, Munari DP (2014) Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. **Livestock Science** 170:16–21.

Costa RB, Camargo GMF, Diaz IDPS, Irano N, Dias MM, Carvalheiro R, Boligon AA, Baldi F, Oliveira HN, Tonhati H, Albuquerque LG (2015) Genome-wide association study of reproductive traits in Nellore heifers using Bayesian inference. **Genetics Selection Evolution** 47.

Cruz DAC, Savegnago RP, Santana ABB, Peixoto MGCD, BruneliI FAT, El Faro L (2016) Cluster analysis of breeding values for milk yield and lactation persistency in Guzerá cattle. **Ciência Rural** 46.

De Los Campos G, Hickey JM, Pong-Wong R, Daetwyler HD, Calus MPL (2013) Whole-Genome Regression and Prediction Methods Applied to Plant and Animal Breeding. **Genetics** 193:327–345.

Faria CU, Magnabosco CU, De Los Reyes A, Lôbo RB, Bezerra LAF (2007) Inferência bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira** 8:75-86.

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

Fernandes Júnior GA, *et al.* (2016) Genomic prediction of breeding values for carcass traits in Nellore cattle. **Genetics Selection Evolution** 48:1-8.

Ferraz JBS, Felício PE (2010) Production systems – An example from Brazil. **Meat Science** 84:238–243.

Geman S, Geman D (1984) Stochastic relaxation, Gibbs distributions and the Bayesian restoration of images. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence** 6:721.

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

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

Gordo DGM, et al. (2016) Genetic parameter estimates for carcass traits and visual scores including or not genomic information. **Journal of Animal Science** 94:1821-1826.

Hair JF, Black WC, Babin BJ, Anderson RE (2009) **Multivariate data analysis**, Upper Saddle River: Prentice Hall 7:785.

Hayes BJ, Bowman PJ, Chamberlain AC, Verbyla K, Goddard ME (2009) Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. **Genetics Selection Evolution** 41:51

Hayes BJ, Lewin HA, Goddard ME (2013) The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation. **Trends in Genetics** 29.

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

Holanda MCR, Barbosa SBP, Ribeiro AC, Santoro KR (2004) Tendências genéticas para crescimento em bovinos nelore em Pernambuco, Brasil. **Archivos de Zootecnia** 53:185-194.

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

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

Magnabosco CU, et al. (2006) Avaliação genética e critérios de seleção para características de carcaça em Zebuínos: Relevância econômica para mercados globalizados. In: **Simpósio de Produção de Gado de Corte** 5.

Malhotra, N. (2006) Pesquisa de marketing: uma orientação aplicada. Trad. Laura Bocco. Porto Alegre: Bookman, ed.4.

Mariante AS, Zancaner A (2017) Crescimento e reprodução em gado Nelore – Visão do criador e de pesquisador. **Idea Editora**, Bauru, SP 166p, ed.2.

Martins GA, Martins Filho R, Lima FAM, Lôbo RNB (2000) Influência de fatores genéticos e de meio sobre o crescimento de bovinos da raça Nelore do estado do Maranhão. **Revista Brasileira de Zootecnia** 29(1):103-107.

Meirelles SL, Alencar MM, Oliveira HN, Regitano LCA (2010) Efeitos de ambiente e estimativas de parâmetros genéticos para características de carcaça em bovinos da raça Canchim criados em pastagem. **Revista Brasileira de Zootecnia** 39:1437-1442.

Meuwissen T, Hayes B, Goddard M (2016) Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. **Animal Frontiers** 6.

Misztal I. POSTGIBBSF90 manual. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/blupf90.pdf>. [2004] Acesso em: 10 março de 2018.

Misztal I. Manual BLUPF90 family of programs. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf> [2015] Acesso em: 20 março de 2017.

Misztal I, Legarra A, Aguilar I (2009) Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science** 92:4648–4655.

Misztal I, Aggrey SE, Muir WM (2013) Experiences with a single-step genome evaluation. **Poultry Science** 92:2530–2534.

Nichele EM, Moraes EHBK, Araújo CV, Pina DS, Moraes KAK, Hoffmann A (2015) Eficiência bioeconômica de bovinos de corte em confinamento. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal** 16:699-711.

Paula EJH, Martins EN, Oliveira CAL, Magnabosco CU, Sainz RD, Geron LJV, Souza Neto EL, Porto EP, Miguel GZ (2015) Associations between reproductive and carcass traits in Nellore. **Semina: Ciências Agrárias** 36:4423-4434.

Pimenta Filho EC, Martins GA, Sarmento JLR, Ribeiro MN, Martins Filho R (2001) Estimativas de Herdabilidade de Efeitos Direto e Materno de Características de Crescimento de Bovinos Guzerá, no Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia** 30(4):1220-1223.

Prado CS, Pádua JT, Corrêa MPC, Ferraz JBS, Miyagi ES, Resende LS (2004) Comparação de diferentes métodos de avaliação da área de olho de lombo e cobertura de gordura em bovinos de corte. **Ciência Animal Brasileira** 5:141-149.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. The R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2017. Disponível em: <https://www.R-project.org>. Acesso em: 15 jun. 2018.

Ribeiro MN, Pimenta Filho EC, Martins GA, Sarmento JLR, Martins Filho R (2001) Herdabilidade para efeitos direto e materno de características de crescimento de bovinos Nelore no estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia** 30(4):1224-1227.

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

Seidel EJ, Moreira Júnior FJ, Ansuj AP, Noal MRC (2008) Comparação entre o método Ward e o método K-médias no agrupamento de produtores de leite. **Ciência e Natura** 30:7- 15.

Silva AM, Alencar MM, Freitas AR, Barbosa RT, Barbosa PF, Oliveira MCS, Corrêa LA, Novaes AP, Tullio RR (2000) Herdabilidades e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia** 29:2223–2230.

Smith, BJ (2007) BOA: An R package for MCMC output convergence assessment and posterior inference. **Journal of Statistical Software** 21:1–37.

Sorensen DA, Wang CS, Jensen J, Gianola D (1994) Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution** 26:333-360.

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

Terakado APN, Costa RB, Camargo GMF, Irano N, Bresolin T, Takada L, Carvalho CVD, Oliveira HN, Carvalheiro R, Baldi F, Albuquerque LG (2017) Genome-wide association study for growth traits in Nelore cattle. **The Animal Consortium**, 1-5.

VanRaden PM (2008) Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science** 91:4414–4423.

VanRaden PM (2012) Avoiding bias from genomic pre-selection in converting daughter information across countries. **Interbull bulletin** 45.

Van Tessell CP, Van Vleck LD (1996) Multiple-trait gibbs sampler for animal models: flexible programs for bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science** 74:2586–2597.

Visscher PM, Hill WG, Wray NR (2008) Heritability in the genomics era – concepts and misconceptions. **Nature Reviews Genetics** 9:255-266.

Vitezica ZG, Aguilar I, Misztal I, Legarra A (2011) Bias in genomic prediction in populations under selection. **Genetics Research** 93:357–366.

Ward JH (1963) Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association** 58:236-244.

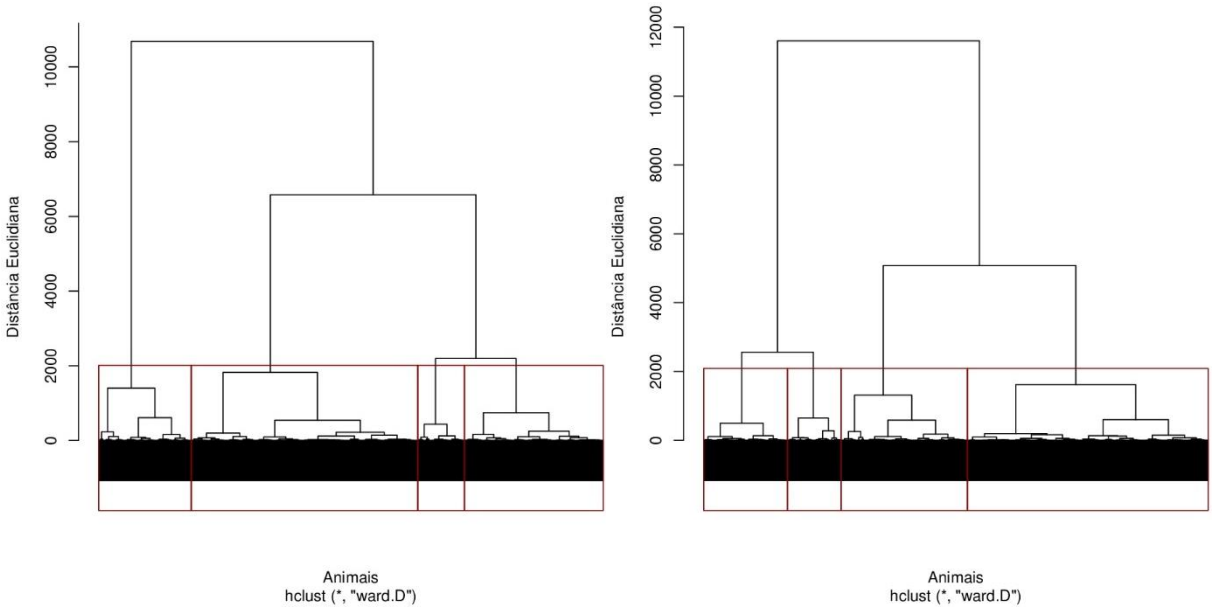
Weber T, Rorato PRN, Lopes JS, Comin JG, Dornelles MA, Araújo RO (2009) Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas e de conformação na fase pré-desmama em uma população da raça Aberdeen Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia** 38:832-842.

Yokoo MJI, Werneck JN, Pereira MC, Albuquerque LG, Koury Filho W, Sainz RD, Lobo RB, Araujo FRC (2009) Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 44:197-202.

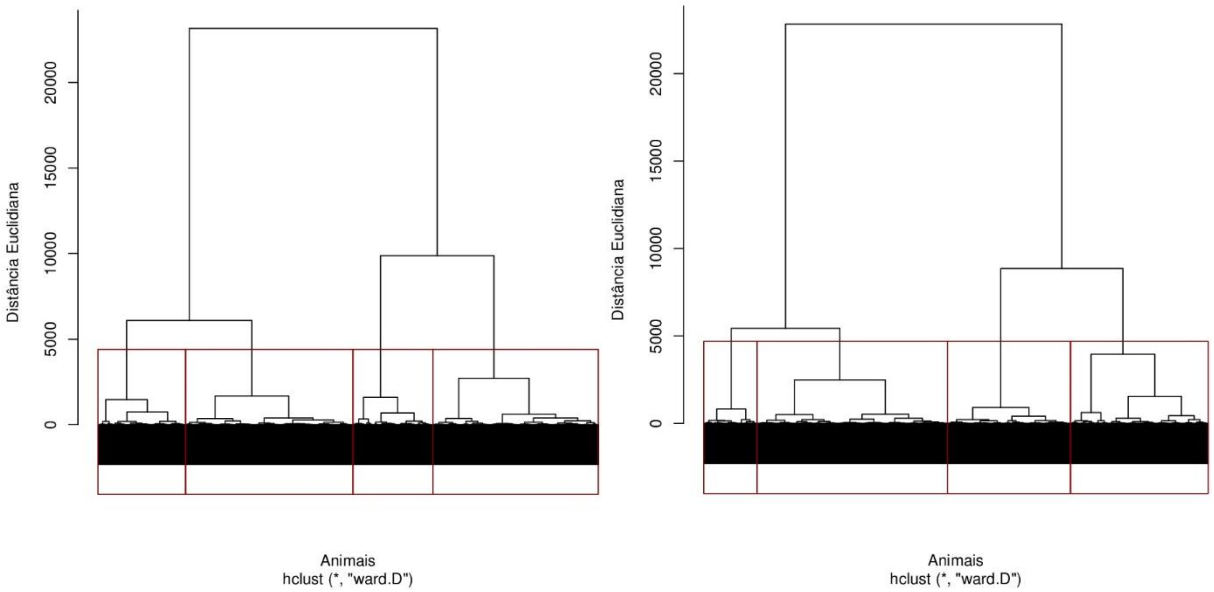
Yokoo MJ, Lobo RB, Araujo FRC, Bezerra LAF, Sainz RD, Albuquerque LG (2010) Genetic associations between carcass traits measured by real-time ultrasound and scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science** 88:52-58.

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

APÊNDICES



Apêndice A. Dendrograma baseado nos valores genéticos (EBV) (esquerda) e nos valores genéticos genômicos (GEBV) (direita), obtido pela análise de agrupamento hierárquica pelo método de Ward, para os ganhos de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade (GP1), dos 120 aos 210 dias de idade (GP2), dos 210 aos 365 dias de idade (GP3), dos 365 aos 450 dias de idade (GP4); área de olho de lombo (AOL); espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura na garupa (EGP8), para fêmeas bovinas da raça Nelore. Os quadrados vermelhos indicam os grupos que foram divididos a partir da distância Euclidiana



Apêndice B. Dendrograma baseado nos valores genéticos (EBV) (esquerda) e nos valores genéticos genômicos (GEBV) (direita), obtido pela análise de agrupamento hierárquica pelo método de Ward, para os ganhos de peso diário do nascimento aos 120 dias de idade (GP1), dos 120 aos 210 dias de idade (GP2), dos 210 aos 365 dias de idade (GP3), dos 365 aos 450 dias de idade (GP4); área de olho de lombo (AOL); espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura na garupa (EGP8), para machos bovinos da raça Nelore. Os quadrados vermelhos indicam os grupos que foram divididos a partir da distância Euclidiana