UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
CAMPUS JATAÍ
CURSO DE ZOOTECNIA

BRUNO CARLOS PIRES

MODELOS BAYESIANOS DE LIMIAR E LINEAR NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE

JATAÍ - GO
2010

BRUNO CARLOS PIRES

MODELOS BAYESIANOS DE LIMIAR E LINEAR NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE

Relatório de projeto orientado apresentado ao Colegiado do Curso de Zootecnia, como parte das exigências para a obtenção do título de Bacharel em Zootecnia.

Orientador

Prof. Dr. Marco Antônio de Oliveira Viu

JATAÍ - GO
2010

BRUNO CARLOS PIRES

MODELOS BAYESIANOS DE LIMIAR E LINEAR NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE

Relatório de projeto orientado apresentado ao Colegiado do Curso de Zootecnia, como parte das exigências para a obtenção do título de Bacharel em Zootecnia.

APROVADA em 26 de novembro de 2010

Prof. Dr. Marco Antônio de Oliveira Viu

Prof. Dr. Arthur dos Santos Mascioli

MSc. Rodrigo Arruda de Oliveira

Prof. Dr. Marco Antônio de Oliveira Viu
Orientador

JATAÍ - GO
2010

Dedico este trabalho ao meu pai Paulo Sérgio Pires, minha mãe Laudicéia Carlos Pires, minha irmã Pollyanna Pires e minha namorada Lanna Barbara Gonzato Fernandez que me encheram de alegria nos momentos difíceis.

AGRADECIMENTOS

Ao meu orientador **Marco Antônio de Oliveira Viu** por me despertar o interesse pela pesquisa e não medir esforços em transferir não só ensinamentos acadêmicos como também de vida.

Aos Professores **Carina Ubirajara de Faria**, **Dyomar Toledo Lopes** e **Arthur dos Santos Mascioli** pelo apoio, amizade e ensinamentos.

À **Alessandra Feijó Marcondes Viu, Luiza Marcondes Viu e Artur Marcondes Viu**, que me acolheram e propiciaram momentos felizes.

A todos meus colegas universitários, em especial **Ariadna Mendes da Abadia**, **Katilene Lima de Moares** e **Murillo Machado Cruz**, pelo companheirismo.

Á todos os professores e funcionários da Universidade Federal de Goiás.

E a todos aqueles que fizeram parte em algum momento na minha formação acadêmica, mas que não foram citados os nomes. Muito obrigado!!!

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

FIGURA 1 Representação esquemática das diferentes proporções que devem ser avaliadas pelas características Estrutura Corporal (E), Precocidade de Terminação (P) e Musculosidade (M) 5

QUADRO 1 Equipe executora do projeto..... 21

QUADRO 2 Cronograma das atividades a serem desenvolvidas durante a execução do projeto..... 29

QUADRO 3 Equipamentos necessários para a execução do projeto..... 29

QUADRO 4 Equipamentos disponíveis para a execução do projeto..... 30

QUADRO 5 Valor total do projeto, particionado em partida e contrapartida..... 30

LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS

ANCP	Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores
BLUP	Melhor preditor linear não viesado
CIVP	Classe de Idade da Vaca ao Parto
DEP	Diferença Esperada na Progênie
E	Estrutura Corporal
GC	Grupo de Contemporâneos
M	Musculosidade
MTGSAM	*Mutiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models*
P	Precocidade de Terminação
P120	Peso aos 120 dias de idade
SAM	Sistema de Avaliação Morfológica
SX	Sexo

SUMÁRIO

1 CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS..... 1

1.2 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... 7

2 CAPÍTULO 2 - PROJETO ORIENTADO..... 9

2.1 RESUMO..... 9

2.2 ABSTRACT..... 10

2.3 CARACTERIZAÇÃO DO PROBLEMA..... 11

2.4 JUSTIFICATIVA..... 15

2.5 OBJETIVOS..... 15

2.6 METAS..... 16

2.7 METODOLOGIA E ESTRATÉGIA DE AÇÃO..... 16

2.7.1 Banco de dados da ANCP..... 16

2.7.2 Constituição da base de dados..... 17

2.7.3 Modelo proposto para as análises preliminares..... 17

2.7.4 Análise de consistência e restrições..... 18

2.7.5 Modelo genético proposto para as estimativas dos parâmetros genéticos..... 18

2.8 RESULTADOS E IMPACTOS ESPERADOS..... 21

2.9 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... 23

2.10 CRONOGRAMA DE ATIVIDADES..... 29

2.11 ORÇAMENTO DO PROJETO..... 29

2.11.1 Partida..... 29

2.11.2 Contrapartida..... 30

2.11.3 Valor total do projeto..... 30

3 CAPÍTULO 3 - PRODUTOS OBTIDOS..... 31

3.1 RESUMO EXPANDIDO CONPEEX..... 31

3.2 ARTIGO REVISTA BRASILEIRA DE SAÚDE E PRODUÇÃO ANIMAL..... 37

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS..... 49

CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS

No Brasil as raças zebuínas têm papel fundamental na sustentação da pecuária de corte, constituindo cerca de 80% do rebanho nacional, dos quais 70% são bovinos da raça Nelore (NOGUEIRA, 2004). As importações direcionadas de zebuínos iniciaram-se a partir de 1870, por iniciativa de criadores dos Estados do Rio de Janeiro e da Bahia (OLIVEIRA et al., 2002).

A raça Nelore multiplicou-se em grande velocidade a partir dos núcleos que se formaram logo depois das importações provenientes da Índia. Essa grande aceitação foi devida aos índices de desempenho reprodutivo e produtivo da raça, de grande competitividade em climas tropicais, o que é em grande parte devido à cor da sua pele e pelagem que protege dos raios solares. Esses animais costumam ser rústicos, uma vez que os bezerros nascem e se reproduzem sem a necessidade de intervenções do homem. Em geral, seu parto é fácil, pois as fêmeas apresentam a garupa ligeiramente inclinada, aumentando a abertura de sua bacia. Além disso, os bezerros são considerados fortes e astutos, pois horas depois de nascidos, já se deslocam com o rebanho. Os recém nascidos apresentam maior facilidade para mamar devido à constituição do sistema mamário da raça, já que as fêmeas apresentam tetas pequenas. Outra característica importante da raça é a grande eficiência reprodutiva dos touros, devido ao porte alto e prepúcio bem inserido na parede abdominal (OLIVEIRA et al., 2002).

Considerando a sua rusticidade, os animais da raça Nelore mostraram que é possível produzir carne nos trópicos e nas condições mais adversas, como pastagens sujas de tocos e arbustos invasores, grandes extensões, dificuldades de manejo, entre outros. O sucesso do Nelore está na simplicidade do manejo o que facilita o retorno do investimento (NOGUEIRA, 2004).

Apesar da representatividade e adaptação do Nelore no Brasil, algumas características desses animais ainda precisam ser melhoradas, como por exemplo, a precocidade e a qualidade de carcaça. Essas duas características são essenciais para atender as exigências dos mercados interno e externo (FARIA et al., 2007).

Ao mesmo tempo em que o Brasil vem se apresentando ao mundo como um forte competidor em produção de carne, o país ainda é marcado por baixos

índices zootécnicos na pecuária nacional, e com a globalização, tanto os mercados interno quanto o externo buscam animais precoces e que atendam às exigências de qualidade do produto. Para se alcançar esses objetivos é necessário que o produtor rural aperfeiçoe suas técnicas de criação, a fim de se manter dentro da cadeia produtiva (LOPES, 2009).

Um dos principais fatores que influenciam os baixos índices zootécnicos do Brasil é o componente genético dos rebanhos. Neste cenário, os programas de melhoramento genético tiveram significante crescimento nos últimos anos, desenvolvendo novas pesquisas e tecnologias, que objetivam aumentar a produtividade a partir da identificação e multiplicação dos melhores genótipos para as características de produção (FARIA et al., 2007).

A tendência atual, na busca de animais precoces, que atendam às exigências do mercado em termos de quantidade e qualidade de carne, é a necessidade de mudanças nos critérios de seleção. Pois, além da seleção de animais tendo como critério dados de peso, se deve observar também, características de precocidade, crescimento e terminação (JORGE JÚNIOR et al., 2001).

Dessa forma, dentro das inovações dos programas de melhoramento genético, destacam-se as avaliações por escores visuais e a estimação de parâmetros genéticos utilizando a inferência bayesiana sob modelos de limiar.

As primeiras avaliações visuais foram realizadas nos Estados Unidos, mediante o sistema Ankony (LONG, 1973), que considera uma escala absoluta de um a dez para características como ausência de gordura excessiva, musculosidade, tamanho do esqueleto, aprumos, caracterização racial, sexual entre outras.

A avaliação por escores visuais permite a identificação de animais que, nas condições viáveis de criação e em consonância com o mercado consumidor, cumpram seu objetivo eficientemente em menos tempo, sendo, portanto, uma boa forma para se identificar animais de melhor conformação produtiva (FARIA, 2007). Segundo Nicholson & Butterworth (1986), um grande número de animais pode ser avaliado visualmente sem que estes precisem ser submetidos a mensurações, o que acelera o processo e minimiza o estresse dos animais, além de apresentar baixo custo de implantação.

No Brasil, há diferentes métodos de avaliação morfológica utilizados em associações e programas de melhoramento, dentre os quais, os mais conhecidos são: o método CPMU (ELER et al., 1996) que considera os escores de conformação, precocidade, musculosidade e umbigo; o método MERCOS (LOBÔ, 1996) que avalia os escores de musculosidade, estrutura física, aspectos raciais, conformação, ônfalo e aspectos sexuais; e o método EPMURAS (KOURY FILHO, 2005) que analisa os escores de estrutura corporal, precocidade de terminação, musculosidade, umbigo, caracterização racial, aprumos e sexualidade. Entretanto, ainda são escassos os trabalhos que relacionam características de produção com escores visuais para animais zebuínos no Brasil, podendo citar os de Eler et al. (1996); Cardoso et al. (2001); Jorge Júnior et al. (2001); Koury Filho (2005); Faria (2007), Yokoo et al. (2009); Faria et al., (2010); e Pires et al. (2010).

O sistema de avaliação morfológica (SAM), relatado por Koury Filho (2005), foi desenvolvido no Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Este método aplica modernos procedimentos de coleta de dados para estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M), sendo que atualmente essas características já possuem suas Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) e se encontram no sumário de touros do programa, podendo, assim, serem usadas como critério de seleção.

Segundo Koury Filho (2005), a metodologia SAM consiste em avaliar visualmente animais pertencentes ao mesmo grupo de contemporâneos, ou seja, que tiveram as mesmas oportunidades de ambiente para expressar seu fenótipo, excetuando as diferenças em ambiente materno, que deverão ser minimizadas no momento da avaliação genética por modelos estatísticos apropriados.

Os escores são atribuídos às características de forma a evitar a avaliação do indivíduo como um todo, mas sim em partes, que por fim resultarão no “desenho” do animal, pois as características são relacionadas às proporções entre medidas corporais (KOURY FILHO, 2005).

A avaliação visual por escores para E, P e M é realizada individualmente para cada animal. Primeiramente observa-se todo o lote, que caracteriza um grupo de contemporâneos, e visualiza-se o perfil médio do lote para cada característica avaliada, que irá servir como base de comparação. Portanto, os escores são atribuídos de acordo com os respectivos grupos de contemporâneos.

Os animais são soltos em uma divisão do curral e avaliados individualmente, por um único avaliador habilitado que atribui escores variando de um a seis às características, sendoseis a maior expressão da característica e um a menor expressão da mesma. Conceitualmente os escores seis e cinco correspondem à cabeceira do lote, quatro e três ao meio e dois e um ao fundo do lote (KOURY FILHO, 2005).

Para esta avaliação, vale ressaltar, que quanto menores forem as diferenças de idade nos lotes apartados para o trabalho, mais justa será a comparação, facilitando o trabalho do técnico. Além disso, os resultados tendem a ter melhores distribuições dentro dos grupos de contemporâneos, sendo que a condição ideal é de que os animais tenham no máximo 45 dias de diferença de idade (KOURY FILHO, 2005).

Segundo Koury Filho (2005), o que se deve avaliar em cada característica é: a) **estrutura corporal (E)** - prediz visualmente a área que o animal abrange visto de lado, avaliando-se basicamente o comprimento corporal e a profundidade de costelas; maiores áreas correspondem a maiores escores; b) **precocidade de terminação (P)** - os maiores escores recaem sobre animais de maior proporção entre profundidade de costelas em relação à altura de seus membros; na prática, principalmente em idades mais jovens, muitas vezes os animais ainda não apresentam gordura de cobertura; o objetivo é identificar o “desenho”, baseado em proporções, que corresponda a indivíduos que irão depositar gordura de acabamento mais precocemente, com a expectativa de que sejam aqueles com mais costelas em relação à altura de seus membros; e c) **musculosidade (M)** - avaliada pela evidência das massas musculares, sendo que os indivíduos mais “grossos” e com musculatura mais convexa, em relação à média do lote, recebem as maiores notas e os mais “finos”, musculatura menos convexas, retilíneas e até com concavidades pelo corpo, as menores.

Os escores atribuídos às características E, P e M permitem que se tenha uma concepção espacial do animal, pois E estima a área que este abrange lateralmente e que, de forma bastante rudimentar, formará um retângulo. A característica E, analisada em conjunto com a característica P, indicará as proporções dos lados desse retângulo. Ao se incluir o escore da característica M, dar-se-á a terceira dimensão. O paralelepípedo formado traduz a estimativa do volume relativo e proporções do indivíduo (Figura 1).

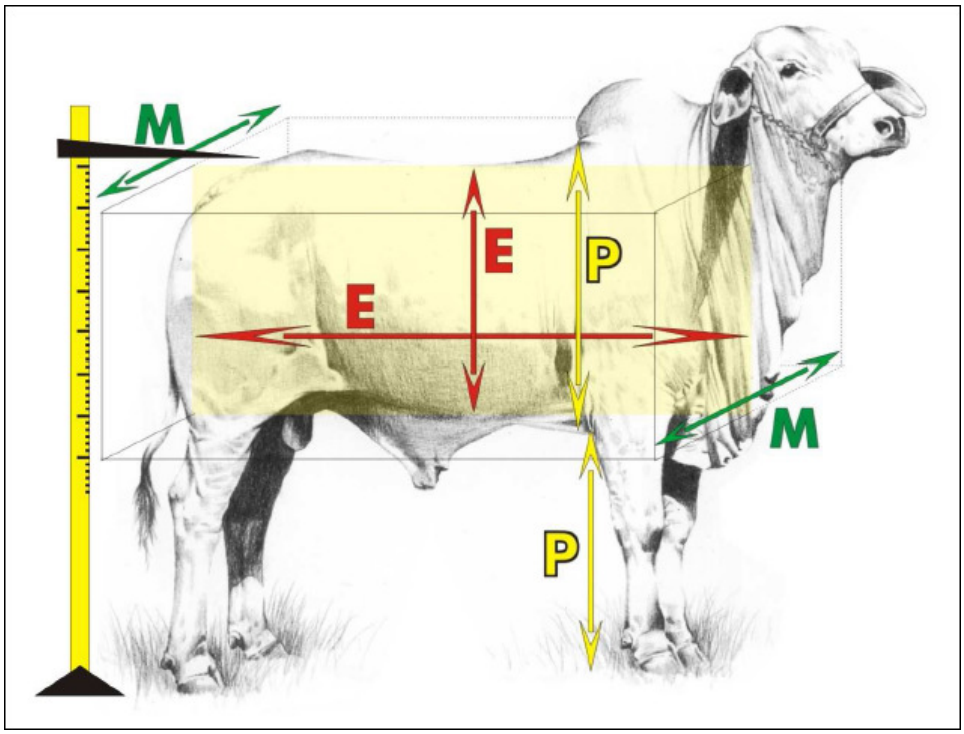

FIGURA 1 - Representação esquemática das diferentes proporções que devem ser avaliadas pelas características Estrutura Corporal (E), Precocidade de Terminação (P) e Musculosidade (M) (adaptado de Koury Filho, 2005)

Com o desenvolvimento dos métodos de avaliação por escores visuais, alguns trabalhos de estimação de parâmetros genéticos já foram desenvolvidos com o objetivo de se antever a possibilidade de sucesso com a seleção para as características trabalhadas. Esses trabalhos mostraram que as características E, P e M possuem significativa variabilidade genética e as herdabilidades encontradas são de moderada a alta magnitude (KOURY FILHO, 2005; YOKOO et al., 2009; FARIA et al., 2010; PIRES et al., 2010).

Por trabalhar com grande número de dados e modelos genéticos complexos as análises genéticas sempre necessitaram de avançadas ferramentas computacionais, o que era bastante restrito em tempos passados. O avanço da informática disponibilizou o uso de metodologias que até então eram inviáveis. A inferência bayesiana e modelos de limiar (*threshold)* são algumas das novas metodologias que estão sendo implementadas no melhoramento genético animal,

disponíveis em aplicativos como MTGSAM (VAN TASSEL et al., 1998) , DMU (MADSON et al., 2006) e THRGIBBS1F90 (TSURUTA & MIZTAL, 2006).

A avaliação morfológica por escores visuais é uma ferramenta importante na identificação de animais com biótipo apropriado para o mercado, pensando sempre na qualidade da carne bovina, e na relação benefício/custo da atividade. Neste contexto, a metodologia SAM, mostra-se uma ferramenta eficaz para exibir a variabilidade genética das características avaliadas, além de fornecer uma boa resposta a seleção.

1.2 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Fatores ambientais sobre escores de avaliação visual a desmama em bezerros Angus criados no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 30, n. 2, p. 318-325, 2001.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, P.R. Parâmetros genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 48, n. 2, p. 203-213, 1996.

FARIA, C.U. **Análise bayesiana de características morfológicas e suas relações com o desempenho produtivo de bovinos da raça nelore utilizando modelos de limiar**. 2007. 151p. Tese (Doutorado em Ciência Animal), Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

FARIA, C.U.; PIRES, B.C.; VOZZI, A.P.; MAGNABOSCO, C.U.; KOURY FILHO, W.; VIU, M.A.O; OLIVEIRA, H.N.; LÔBO R.B. Genetic correlations between categorical morphological traits in Nelore cattle by applying Bayesian analysis under a threshold animal model. **Journal of Animal Breeding and Genetics,** Berlim, vol.127, n.5, p.1-8, 2010.

JORGE JÚNIOR, J.; PITA, F.V.C.; FRIES, L.A.; ALBUQUERQUE, L. G. Influência de alguns fatores de ambiente sobre os escores de conformação, precocidade e musculatura à desmama em um rebanho da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.30, n. 6, p. 1697-1703, 2001.

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

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

LONG, R.L. **El sistema de evaluación de Ankony y su aplicación en la mejora del ganado**. Colorado. Ankony Corporation, 1973. 20 p.

LOPES, D.T. **Estudo genético quantitativo de características andrológicas e de carcaça, medidas *in vivo* por ultrassonografia, em touros da raça Nelore, utilizando inferência bayesiana**. 2009. 128p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

MADSON, P.; SORENSEN, P.; SU, G.; DAMGAARD, L.H.; THOMSEN, H.; LABOURIAU, R. DMU – A package for analyzing multivariate mixed models. In: PROC. 8th WORLD CONGR. GENET. APPL., 2006. **Proceddings...** Livest. Prod., 2006, p. 247.

NICHOLSON, M.J.; BUTTERWORTH, M.H. **A guide to condition scoring of zebu cattle**. Addis Ababa: International Livestock for Africa, 1986.

NOGUEIRA, G.P. Puberty in south american *Bos indicus* (Zebu) cattle. **Animal Reproduction Science,** Amsterdam, v.82, p.361-372, 2004.

OLIVEIRA, J.H.F.; MAGNABOSCO, C.U.; BORGES, A.M.S.M. Nelore: base genética e evolução seletiva no Brasil. Planaltina: **Embrapa Cerrados**, 2002, 54p. (Documentos/Embrapa Cerrados, ISSN 1571 - 5111; 49).

PIRES, B.C.; FARIA, C.U.; VIU, M.A.O.; TERRA, J.P.; LOPES, D.T.; MAGNABOSCO, C.U.; LÔBO, R.B. Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal,** Salvador, v.11, n.3, p.651-661, 2010.

TSURUTA, S.; MIZTAL, I. THRGIBBS1F90 for estimation of variance components with threshold and linear models. In: PROC. 8th WORLD CONGR. GENET. APPL., 2006. **Proceddings...** Livest. Prod., 2006, p. 253.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K. E. Bayesian Analysis of Twinning and Ovulation Rates Using a Multiple - Trait Threshold Model and Gibbs Sampling. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 76, n.8, p. 2048 -2061, 1998.

YOKOO, M.J.I.; WERNECK, J.N.; PEREIRA, M.C.; ALBUQUERQUE L.G.; KOURY FILHO, W.; SAINZ, R.D.; LÔBO, R.B.; ARAÚJO, F.R.C. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília vol.44, n.2, p.197-202, 2009.

CAPÍTULO 2 - PROJETO ORIENTADO

2.1 RESUMO

A avaliação morfológica por escores visuais é uma importante ferramenta para identificar animais que produzam mais carne ou carcaça desejável em menor tempo. Por constituir um banco de dados de caráter discreto, as análises genéticas para as características de avaliação morfológica necessitam de atenção especial, uma vez que os dados não possuem uma distribuição normal. O aperfeiçoamento de métodos para a estimação dos componentes de variância tem sido uma constante busca dos pesquisadores e para se solucionar o problema das características categóricas em análises genéticas tem-se proposto a utilização da inferência bayesiana sob modelos de limiar. Nesse contexto, o presente estudo objetiva comparar as estimativas de parâmetros genéticos para as características do Sistema de Avaliação Morfológica (estrutura corporal, precocidade de terminação e musculosidade) obtidas por meio de análises bayesianas, a partir dos modelos de limiar e linear, de bovinos da raça Nelore. O presente projeto testará metodologias de análise genética para características discretas, tendo como perspectivas a obtenção de parâmetros genéticos mais acurados, ou seja, os valores preditos serão mais próximos dos valores reais, o que aumentará as chances de sucesso do processo de seleção. Espera-se também ter maior conhecimento dos *priors* informativos das características de avaliação morfológicas por escores visuais, facilitando assim futuros estudos em melhoramento genético com as características trabalhadas.

Palavras-chave: Bovinos de Corte, Escores Visuais, Inferência Bayesiana

2.2 ABSTRACT

The morphologic evaluation for visual scores is an important tool to identify animals that produce more meat or desirable carcass in smaller time. For constituting a database of discreet character, genetic analyses for those characteristics need special attention, once the data don't possess a normal distribution. The improvement of methods for estimate of variance components has been a constant looks for of the researchers and to solve problem of categorical characteristics in genetic analyses have been proposing the use of bayesian inference under threshold models. In that context, present study aims at to compare the estimates of genetic parameters for characteristics of System of Morphologic Evaluation (structures corporal, ending precocity and muscling) obtained through bayesians analyses, starting from threshold models and lineal, of bovine of Nelore breed. The present project will test methodologies of genetic analysis for discreet characteristics, tends as perspectives the obtaining of genetic parameters more perfected, in other words, the predicted values will be closer of real values, what will increase chances of success selection process. It is also hoped to have larger knowledge of informative priors of morphologic evaluation characteristics for visual scores, facilitating like this futures studies in genetic improvement with worked characteristics.

Key-words: Bayesian inference, Beef cattle, Visual scores

2.3 - CARACTERIZAÇÃO DO PROBLEMA

A avaliação morfológica por escores visuais é uma ferramenta ímpar para auxiliar a identificação e multiplicação dos animais com melhor conformação produtiva. Trabalhos realizados com escores de avaliações visuais para animais zebuínos no Brasil mostraram que as características avaliadas possuem significativa variabilidade genética e as herdabilidades encontradas são de moderada a alta magnitude (FARIA et al., 2010). A escolha dos animais que irão gerar descendentes na próxima geração é baseada no valor genético de cada animal, esse valor é predito por análises genéticas que consideram as mensurações de desempenho dos animais e seus parentescos (EUCLIDES FILHO, 2000).

Os componentes de variância, importantes na predição do mérito genético dos indivíduos, têm sido estimados por diferentes métodos que evoluem à medida que novas teorias e técnicas computacionais são desenvolvidas. O método de estimação é um fator importante na obtenção dos parâmetros genéticos, juntamente com o estabelecimento de um modelo matemático que descreva corretamente os dados. A maioria dos métodos de estimação de componentes de (co)variância em uso, evoluíram com a disponibilidade de maiores recursos computacionais, inclusive novas técnicas e algoritmos (FARIA, 2007).

Atualmente, a Máxima Verossimilhança Restrita é um dos métodos mais utilizados nos programas de melhoramento genético e seu uso foi intensificado pela disponibilidade de programas computacionais como o MTDFREML desenvolvido por Boldman et al. (1995). Para avaliação de características discretas, os modelos lineares têm sido preferidos em relação aos modelos de limiar, o que teoricamente não seria adequado, uma vez que os dados categóricos não apresentam distribuição normal. Porém, devido à facilidade de aplicação, tanto em modelo animal como modelo de touro, os modelos lineares têm sido utilizados em diversos estudos com dados categóricos como os de Smother et al. (1993); Eler et al. (1996); Weigel & Rekaya (2000); Carnier et al. (2000); Bennett & Gregory (2001); Cardoso et al. (2001); Koury Filho (2001); Koury Filho (2005); e Kippert et al. (2006).

Miztal (1999) desenvolveu o *software* BLUPF90THR que utiliza a Máxima Verossimilhança Restrita sob modelos de limiar (*threshold models)*. Este

programa foi utilizado com êxito em trabalho realizado por Ramirez Valverde et al. (2001), para avaliar a dificuldade de parto em bovinos de corte da raça Gelbvieh.

O método $\Re$ (REVERTER et al. 1994) surgiu como uma alternativa em relação à Máxima Verossimilhança Restrita, e tem como principal vantagem, a utilização de um algoritmo que requer apenas os valores genéticos preditos, os quais podem ser obtidos por método iterativo, gerando maior velocidade no processamento e menor demanda de memória nos computadores (VAN MELIS et al., 2003). Alguns pesquisadores têm utilizado o método $\Re$ sob modelo linear em análises genéticas para características categóricas (CHOY et al., 2002; VAN MELIS et al., 2003 e SILVA et al., 2005). Van Melis et al. (2003) recomendaram a utilização do método $\Re$ em substituição ao método da Máxima Verossimilhança Restrita, somente por razões computacionais, uma vez que suas propriedades teóricas ainda não são totalmente conhecidas. O programa utilizado que aplica as propriedades do método $\Re$ é derivado do BLUP90IOD que pertence ao pacote BLUPF90 (MIZTAL, 1999).

Atualmente, a análise bayesiana, em melhoramento genético animal, proposta por Gianola e Fernando (1986), tem sido utilizada com sucesso na solução de problemas para as estimativas de componentes de variância em modelos de limiar para dados categóricos (HOESCHELE et al., 1995; SORENSEN et al., 1995; MATOS et al., 1997; ALTARRIBA et al., 1998; VAN TASSEL et al., 1998; VARONA et al., 1999; LUO et al., 2001; KIZILKAYA et al., 2002; KORSGAARD et al., 2003; MARCONDES, 2003 e SILVA et al., 2003). O *software* MTGSAM *Threshold* desenvolvido por Van Tassel et al. (1998), que utiliza a Amostragem de Gibbs, tem sido aplicado para dados categóricos sob modelo de touro e modelo touro avô-materno. Em modelo animal, alguns autores (MORENO et al., 1997; LUO et al., 2001; MARCONDES, 2003; PHOCAS & LALOE, 2003) encontraram dificuldades para atingir a convergência da cadeia de Gibbs, tanto em análises uni-características como bi-características. Recentemente, foram desenvolvidos os softwares DMU (MADSON et al., 2006) e THRGIBBS1F90 (TSURUTA & MIZTAL, 2006), que aplicam a inferência bayesiana na estimação de componentes de (co)variâncias de características categóricas utilizando modelos lineares e limiares.

Assim, as metodologias empregadas no melhoramento animal, como a Máxima Verossimilhança Restrita, método $\Re$ e Inferência Bayesiana, têm sido

utilizadas na estimação de componentes de variância e valores genéticos de características categóricas. Porém, as dúvidas referem-se à definição do modelo: linear ou limiar?

As metodologias empregadas assumindo modelo linear ignoram a natureza discreta dos dados categóricos, e a análise procede como se os dados fossem de caráter contínuo. Já no modelo de limiar, assume-se como distribuição normal, a variável não observável, que é subjacente para a variável discreta, sendo que a conexão da variável discreta com a escala subjacente contínua é conseguida por um conjunto de limiares fixos. Desta forma, a variável subjacente é descrita pelo modelo linear, mas a relação da subjacente com a escala observada é não linear, caracterizando o modelo de limiar (FERREIRA, 2008).

O questionamento ao uso da metodologia de modelos lineares é devido a esta não ser teoricamente adequada para características categóricas, podendo subestimar os parâmetros genéticos e gerar conclusões equivocadas referentes ao ganho genético destas características quando submetidas à seleção. Desta forma, Gianola & Foulley (1983), Harville & Mee (1984) e Gilmour et al. (1985) desenvolveram a aplicação do modelo de limiar na avaliação genética de características categóricas. Posteriormente, Janss & Foulley (1993) e Van Tassel et al. (1998) tornaram possíveis as análises multi-características incluindo dados contínuos (modelo linear) e dados categóricos (modelo de limiar). Para modelos de limiar assume-se que existe uma variável subjacente de distribuição contínua em relação à variável discreta (SORENSEN et al., 1995), sendo que a resposta de uma categoria é observada, se o seu valor na escala subjacente, estiver localizado entre os limiares que definem esta categoria. Assim, a distribuição de probabilidade das respostas para dados categóricos depende da posição da média da distribuição subjacente contínua em relação aos limiares fixos. Aplicações no melhoramento animal de modelos de limiar podem ser encontradas em diversos trabalhos, como os de Sorensen et al. (1995); Matos et al. (1997); Altarriba et al. (1998); Van Tassel et al. (1998); Varona et al., (1999); Luo et al. (2001); Ramirez Valverde et al. (2001); Rekaya et al., (2001); Marcondes (2003); Silva et al., (2003); Wiggans et al. (2003); Faria et al., (2010); e Pires et al., (2010).

Desta maneira, o uso de modelos de limiar pode proporcionar estimativas de parâmetros genéticos mais adequadas, uma vez que relacionam a resposta

observada na escala categórica com uma escala subjacente normal contínua (SILVA et al., 2005). Ducrocq et al. (1988) afirmaram que os métodos de limiar podem ter maior habilidade para a detecção da variabilidade genética do que os métodos lineares. De acordo com Gianola (1982), o melhor preditor linear não viesado (BLUP) pode não ser apropriado para características categóricas, pois estas violariam várias pressuposições existentes nas metodologias de modelos mistos. Alguns dos problemas descritos por Gianola (1982) são: as variâncias das características categóricas são heterogêneas; as soluções do BLUP não consideram a restrição de que a soma das probabilidades de resposta tenha que ser igual a um entre todas as categorias de resposta; e a variância genética aditiva na escala observada depende da incidência da característica na população dada.

Ramirez Valverde et al. (2001) compararam a acurácia de diversos modelos para obtenção dos valores genéticos para dificuldade de parto de bovinos *Gelbvieh*. Foram avaliados modelos de limiar *versus* lineares e modelo animal *versus* modelo touro-avô materno em análises uni-característica e bicaracterística. Os autores observaram que o modelo animal de limiar foi melhor que o modelo animal linear para predição dos valores genéticos. Na análise bicaracterística obteve-se melhores acurácias dos valores genéticos preditos para os efeitos aleatórios diretos em relação à análise uni-característica. No entanto, não houve diferença entre as estimativas obtidas pelo modelo de limiar ou linear considerando o modelo touro-avô materno. Os autores também concluíram que para a avaliação genética da dificuldade de parto, o modelo animal de limiar representou a melhor escolha para predizer os efeitos genéticos aditivos direto e maternal.

Estes resultados divergem das conclusões obtidas por Moreno et al. (1997), Luo et al. (2001) e Marcondes et al. (2005). Os autores recomendaram a utilização do modelo de limiar touro-avô materno em análises bayesianas para dados categóricos. De acordo com Hoeschele et al. (1995), o uso do modelo touro ou touro-avô materno pode ser aplicado com sucesso em análises bayesianas de limiar para dados categóricos com menores frequências, sendo que, nesta situação, o amostrador de Gibbs pode não convergir sob modelo animal. No entanto, para análises de dados categóricos com uma característica contínua, o modelo animal pode ser mais adequado que o modelo touro-avô materno. Por

outro lado, Marcondes (2003) não obteve sucesso em várias tentativas com análises bi-características limiar-linear sob modelo touro ou touro-avô materno, gerando matrizes de (co)variâncias genéticas não positiva-definida.

Marcondes et al. (2005) em análise envolvendo a característica permanência no rebanho de fêmeas da raça Nelore, concluíram que não houve diferenças na classificação dos animais quando os valores genéticos foram preditos pelos modelos bayesianos de limiar ou linear. Devido ao menor tempo computacional, os autores recomendaram o uso dos modelos lineares para dados categóricos. Jamrozik et al. (1991) estudaram cinco características de conformação em bovinos da raça Holandesa e observaram que a classificação dos touros foi a mesma para ambos os modelos de limiar e linear. Porém, as características de conformação estudadas possuíam de nove até dezoito categorias, aproximando-se mais de uma distribuição normal. Matos et al. (1997) em trabalho com dados categóricos de características reprodutivas de ovelhas das raças *Rambouillet* e *Finnsheep*, concluíram que os modelos de limiar, embora apresentem melhor habilidade em detectar a variância genética aditiva, não se mostraram mais adequados na obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos.

2.4 JUSTIFICATIVA

Trabalhos realizados para estimar parâmetros genéticos de características morfológicas demonstraram que ainda existe dúvida sobre qual a metodologia deve ser empregada para as avaliações genéticas.

As avaliações morfológicas por escores visuais apresentam hoje importante papel para atender as exigências do mercado consumidor. No entanto, ainda são poucos os estudos realizados sobre a estimação dos parâmetros genéticos para tais características, uma vez que, a mensuração das avaliações morfológicas resulta em um banco de dados com características categórica e contínuas.

Neste contexto é necessária a realização de novos trabalhos que solucionem as dúvidas metodológicas das avaliações genéticas para características de dados categóricos. Quando este objetivo for alcançado, as estimativas encontradas pelas avaliações serão mais acuradas e as tomadas de

decisões realizadas nos processos de melhoramento genético serão mais confiáveis.

2.5 OBJETIVOS

O presente trabalho pretende estudar as metodologias de avaliação genética de modelos de linear e limiar utilizando a inferência bayesiana na estimação de parâmetros genéticos das características de avaliação visual por escores visuais: estrutura corporal, precocidade de terminação e musculosidade.

2.6 METAS

O presente estudo tem como metas produzir em dois anos resultados relacionados à avaliação genética de dados categóricos por modelos lineares e de limiar e testar as metodologias de estimação de parâmetros genéticos para as avaliações de escores visuais, criando subsídio para sua futura inclusão nos programas de melhoramento genético.

2.7 METODOLOGIA E ESTRATÉGIA DE AÇÃO

A seguir descreve-se: a origem e composição da base de dados; as análises preliminares, de consistência e restrições; o modelo estatístico preliminar; e o modelo genético proposto para as estimativas dos parâmetros genéticos.

2.7.1 Banco de dados da ANCP

Para o desenvolvimento deste trabalho, será utilizado um banco de dados cedido gentilmente pelo Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) sediada hoje, na cidade de Ribeirão Preto no estado de São Paulo.

A ANCP desenvolve um dos principais programas de melhoramento genético em bovinos de corte do Brasil. Este programa já identificou ao longo dos anos, centenas de touros jovens que atualmente, são touros renomados e consagrados na pecuária nacional.

Com 21 anos de coleta de dados, a base do programa conta com 4.031.202 pesagens, 690.823 medidas de perímetro escrotal e 1.303.996 animais na matriz de parentesco, pertencentes a 438 rebanhos avaliados. O sumário de touros do programa encontra-se hoje em sua 16º edição e são 22 as características avaliadas.

2.7.2 Constituição da base de dados

A base de dados do presente trabalho será constituída por mensurações de avaliação morfológica em bovinos da raça Nelore, avaliados ao sobreano, seguindo uma variação de idade de 490 a 610 dias. O método de avaliação visual utilizado será o Sistema de Avaliação Morfológica relatado por Koury Filho (2005), em que serão estudadas as características de estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M).

O banco de dados também terá informações de pai, mãe, grupo de animais contemporâneos à desmama e ao sobreano, idade do animal no momento da coleta, classe de idade da vaca ao parto, informação de sexo e peso aos 120 dias de idade (P120). Buscando-se o controle das fontes ambientais de variação os animais serão categorizados em grupos contemporâneos definidos segundo Faria et al. (2010), que considerarão a fazenda, ano, estação de nascimento, lote de manejo e o técnico que avaliará os animais de um mesmo lote de manejo.

Estas características serão analisadas para compor o modelo genético proposto para as avaliações.

2.7.3 Modelo proposto para as análises preliminares

As análises de crítica e consistência dos dados serão realizadas por meio do procedimento UNIVARIATE (SAS, 2000) para determinar se os erros

experimentais das variáveis possuem distribuição normal de probabilidade e homogeneidade de variância. Serão realizadas análises de variância utilizando-se o método dos quadrados mínimos por meio do procedimento GLM (SAS, 2000). As médias ajustadas serão obtidas através da opção “statement” LSMEANS do procedimento GLM. Para estas análises usar-se-á o modelo, cuja equação é:

$$\mathbf{Y_{ijkl} = \mu + Sx_i + GC_j + CIVP_k + e_{ijkl}}$$

onde:

Y_{ijk} é a observação do animal k, pertencente ao i-ésimo grupo contemporâneo e coletado no j-ésimo ano;

Sx_i é o efeito fixo do i-ésimo sexo (1, 2);

GC_j é o efeito fixo do j-ésimo grupo contemporâneo (1, 2,3,...,353);

$CIVP_k$ é o efeito fixo do k-ésima classe da idade da vaca ao parto (1,2, 3, ...,7); e

e_{ijkl} é o erro aleatório associado a cada observação ijk, pressuposto normalmente distribuído e independente com média zero e variância σ^2.

A idade do animal na data da respectiva avaliação será incluída no modelo como covariável.

2.7.4 Análise de consistência e restrições

Para a realização das análises genéticas serão impostas restrições ao banco de dados. Serão retirados do banco de dados inicial aqueles animais sem dados de pai e mãe confiáveis, serão excluídos touros com menos de cinco filhos, e os grupos contemporâneos com menos de oito animais e que não apresentararem variabilidade genética para as características estudadas.

2.7.5 Modelo genético proposto para as estimativas dos parâmetros genéticos

Para estimação dos parâmetros genéticos será utilizada a inferência bayesiana por meio do aplicativo *Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models* conhecido como MTGSAM, desenvolvido por Van Tassel et al. (1998).

O modelo para a estimativa dos parâmetros genéticos de todas as carcterísticas estudadas considerará o efeito de sexo (dois níveis) e de classe de idade da vaca ao parto (sete níveis) como efeitos aleatórios e a idade do animal no momento da coleta como covariável (efeito linear). Os grupos contemporâneos serão considerados como efeito aleatório, segundo as recomendações de Varona et al. (1999), que preconizaram tal procedimento devido às dificuldades em predizer os valores genéticos de características categóricas, quando se tem grande número de níveis de efeitos fixos no modelo animal de limiar.

O modelo completo pode ser representado em notação matricial como:

$$y = X\beta + Z_1 a + Z_2 c + e$$

em que *y* é o vetor das observações (escala subjacente contínua para as características morfológicas, *β* é o vetor dos efeitos fixos, *a* é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos diretos de cada animal, *c* é o vetor dos efeitos aleatórios não correlacionados, *e* é o vetor dos efeitos residuais, e X, Z_1, e Z_2 são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos e aos efeitos aleatórios genético aditivo direto e não correlacionados respectivamente.

No modelo de limiar assume-se que a escala subjacente apresenta distribuição normal contínua sendo representada como:

$$\mathrm{U} \mid \theta \sim \mathrm{N}(\mathrm{W}\theta, \mathrm{I}\sigma_e^2)$$

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

$$\Pr(y_i = j \mid \beta, a, c, t) = \Pr(t_{j-1} < U_i < t_j \mid \beta, a, c, t)$$
$$= \Phi(t_j - X_i^{'}\beta - z_i^{'}a - z_i^{'}c) - \Phi(t_{j-1} - x_i^{'}\beta - z_i^{'}a - z_i^{'}c) = p(y_i \mid \beta, a, c, t)$$

As características categóricas são determinadas por variáveis contínuas não observáveis, em escala subjacente, sendo fixados valores iniciais de limiares, em que $t_1 < t_2 ... < t_{j-1}$, com $t_0 = -\infty$ e $t_j = \infty$, onde j é o número de categorias. Os dados observáveis são dependentes da variável subjacente que é limitada entre dois limiares não observáveis (GIANOLA & SORENSEN, 2002). Assim, as categorias ou escores de y_i (características morfológicas ao sobreano) para cada animal i são definidos por U_i, na escala subjacente:

$$y_i = \begin{cases} 1 & t_0 < U_i \leq t_1 \\ 2 & t_1 < U_i \leq t_2 \\ 3 & t_2 < U_i \leq t_3 \\ 4 & t_3 < U_i \leq t_4 \\ 5 & t_4 < U_i \leq t_5 \\ 6 & t_5 < U_i \leq t_6 \quad i = 1, \ldots, n \end{cases}$$

em que, n é o número de observações para cada escore. Após as especificações dos limiares t_0 a t_6, é necessário que dois limiares (de t_1 a t_5) sejam ajustados a uma constante arbitrária (VAN TASSELL et al., 1998). Assim, a variância residual será estimável, bem como a covariância residual entre as características, e assumir-se-á $t_1 = 0$ e $t_2 = 1$.

As distribuições iniciais das (co)variâncias serão assumidas como uma Wishart Invertida (uma forma multivariada da distribuição X^2 invertida) para os efeitos aleatórios genéticos, não correlacionados e residuais das características estudadas. Serão definidas distribuições iniciais uniformes tanto para os efeitos fixos como para os limiares. O parâmetro *v* é o grau de liberdade correspondente à distribuição Wishart Invertida indicando o grau de confiabilidade da distribuição inicial. Neste estudo, o parâmetro *v* utilizado será igual a zero (*flat prior*), ou seja, não refletirá grau de conhecimento sobre os parâmetros.

Na implementação da Amostragem de Gibbs, será utilizado um tamanho de cadeia de 1.000.000 ciclos, sendo que os primeiros 300.000 ciclos serão descartados (*burn in*) e o intervalo de amostras retiradas (*thinning interval*) será de 1.000 ciclos, totalizando 700 amostras. As análises das amostras, da

correlação serial e da convergência da cadeia de Gibbs serão realizadas com o auxílio do programa GIBANAL (VAN KAAM, 1998).

O erro de Monte Carlo, de grande utilidade para garantir a convergência das cadeias de Monte Carlo, será estimado calculando a raiz da divisão da variância das amostras retiradas para cada estimativa de herdabilidade pelo número de amostras. As soluções dos valores genéticos serão utilizadas para calcular as correlações de posto ou correlações de Spearman entre os modelos comparados.

2.8 RESULTADOS E IMPACTOS ESPERADOS

O presente projeto testará metodologias de análise genética para características discretas, tendo como perspectivas a obtenção de parâmetros genéticos mais acurados, o que aumentará as chances de sucesso no processo de seleção.

Espera-se também ter maiores conhecimentos de *priores* informativos das características de avaliação morfológicas por escores visuais. Estes resultados poderão ser utilizados em futuros estudos na estimação de (co)variâncias em análises genéticas utilizando a inferência bayesiana.

A presente proposta encontra-se inserida em conformidade com as linhas de pesquisa dos membros da equipe e complementa ações de pesquisa sendo desenvolvidas em projetos coordenados por estes indivíduos.

Com este projeto espera-se, também, êxito em estimular a formação de recursos humanos, no meio acadêmico e científico, em razão de oferecer treinamento de cunho multidisciplinar, em resposta à contínua interação interinstitucional entre os membros da equipe.

Finalizando, os resultados obtidos no presente estudo poderão contribuir para o aumento da produção da bovinocultura de corte do país.

2.9 EQUIPE EXECUTORA DO PROJETO

Conforme enumeradas anteriormente, tais tarefas, só poderão ser realizadas quando equipes multidisciplinares (Quadro 1) se organizarem em prol deste objetivo, ressaltando-se a importância de aliar colaboradores de *expertise*

complementar, conforme atesta o *Curriculum lattes* dos mesmos, condição necessária à execução dessa proposta.

QUADRO 1 - Equipe executora do projeto.

Colaboradores	Instituição
Marco Antônio de Oliveira Viu	Professor Doutor UFG - Jataí
Carina Ubirajara de Faria	Professora Doutora UFU - Uberlândia
Dyomar Toledo Lopes	Professor Doutor UFG - Jataí
Cláudio de Ulhôa Magnabosco	Pesquisador CPAC - Planaltina
Raysildo Barbosa Lôbo	Diretor ANCP - Ribeirão Preto
Rodrigo Pereira Carvalho	Graduando em Medicina Veterinária UFG - Jataí
Murillo Machado Cruz	Graduando em Zootecnia UFG - Jataí

2.10 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALTARRIBA, J.; VARONA, L.; GARCIA-CORTÉS, L.A.; MORENO, C. Bayesian inference of variance components for litter size in rasa Aragonesa sheep. **Journal of Animal Science***,* Champaign, v. 76, n.1, p. 23-28, 1998.

BENNETT, G.L.; GREGORY, K.E. Genetic (co)variances for calving difficulty score in composite and parental populations of beef cattle: I. Calving difficulty score, birth weight, weaning weight, and postweaning gain. **Journal of Animal Science***,* Champaign, v. 79, n.1, p. 45-51, 2001.

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D.; VAN TASSEL, C.P.; KACHMAN, S.D. **A manual for use of MTDFREML.** A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [draft]. USA-ARS, 1995.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Fatores ambientais sobre escores de avaliação visual a desmama em bezerros Angus criados no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 30, n. 2, p. 318-325, 2001.

CARNIER, P.; ALBERA, A.; DAL ZOTTO, R.; GROEN, A.F.; BONA, M.; BITTANTE, G. Genetic parameters for direct and maternal calving ability over parities in Piedmontese cattle. **Journal of Animal Science***,* Champaign, v. 78, n.10, p. 2532-2539, 2000.

CHOY, Y.H.; BRINKS, J.S.; BOURDON, R.M. Repeated-measure animal models to estimate genetic components of mature weight, hip height, and body condition score. **Journal of Animal Science***,* Champaign, v. 80, n.8, p. 2071-2077, 2002.

DUCROCQ, V.; QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J.; CASELLA, G. Lenght of productive life of dairy cows. 2. Variance component estimation and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 71, n.11, p. 3071-3079, 1988.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, P.R. Parâmetros genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 48, n. 2, p. 203-213, 1996.

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil. Fundamentos história e importância.** Campo Grande: EMBRAPA-CNPGC, 2000. 63p. (EMBRAPA-CNPGC. Documentos, 75).

FARIA, C.U. **Análise bayesiana de características morfológicas e suas relações com o desempenho produtivo de bovinos da raça nelore utilizando modelos de limiar**. 2007. 151p. Tese (Doutorado em Ciência Animal), Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; BORJAS, A.R.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. Inferência bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v. 8, n. 1, p. 75-86, 2007.

FARIA, C.U.; PIRES, B.C.; VOZZI, A.P.; MAGNABOSCO, C.U.; KOURY FILHO, W.; VIU, M.A.O; OLIVEIRA, H.N.; LÔBO R.B. Genetic correlations between categorical morphological traitsin Nelore cattle by applying Bayesian analysis under a threshold animal model. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlim, vol.127, n.5, p.1-8, 2010.

FERREIRA, W.J. Avaliação genética de animais para características categóricas - uma revisão. **Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia**, Umuarama, v.11, n.2, p.121-128, 2008.

GIANOLA, D. Theory and analysis of threshold characteres. **Journal of Animal Science**,Champaing, v. 54, n. 5, p. 1079-1096, 1982.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, Champaing, v. 63, n.1, p. 217, 1986.

GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Sire evaluation for orderer categorical data with a threshold model. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v.15, n.2, p.201-224, 1983.

GIANOLA D.; SORENSEN, D. **Likelihood, bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. 2.ed. Statistics for Biology and Health: Springer, 2002. 740p.

GILMOUR, A.R.; ANDERSON, R.D.; RAE, A.C. The analysis of binomial data by a generalized linear mixed model. **Biometrika**, London, v. 72, n.3, p. 593-599, 1985.

HARVILLE, D.A.; MEE, R.W. A mixed-model procedure for analyzing ordered categorical data. **Biometrics**, Washington, v. 40, p. 393-408, 1984.

HOESCHELE, I.; TIER, B.; GRASER, H.U. Multiple trait genetic evaluation for one polychotomous trait and several continuous traits with missing data and unequal models. **Journal of Animal Science**, Champaing, v. 73, n. 6, p. 1609-1627, 1995.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R.; BURNSIDE, E.B.; SULLIVAN, B.P. Threshold models applied to Holstein conformation traits. **Journal of Dairy Science**, Champaing, v. 74, n. 9, p. 3196-3201, 1991.

JANSS, J.L.; FOULLEY, J.L. Bivariate analysis for one continuous and one threshold dichotomous trait with unequal design matrices and an application to birth weight and calving difficulty. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.33, n.3, p.183-198, 1993.

KIPPERT, C.J.; RORATO, P. R.N.; CAMPOS, L.T.; BOLIGON, A.A.; WEBER, T.; GHELLER, D.G.; LOPES, J.S. Efeito de fatores ambientais sobre escores de avaliação visual à desmama e estimativa de parâmetros genéticos, para bezerros da raça Charolês. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 2, p. 579-585, 2006.

KIZILKAYA, K.; BANKS, B.D.; CARNIER, P.; ALBERA, A.; BITTANTE, G.; TEMPELMAN, R.J. Bayesian inference strategies for the prediction of genetic merit using threshold models with an application to calving ease scores in Italian Piemontese cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlim, v.119, n.4, p.209-220, 2002.

KORSGAARD, I.R.; LUND, M.S.; SORENSEN, D.; MADSEN, P.; JENSEN, J. Multivariate bayesian analysis of Gaussian, right censored Gaussian, ordered categorical and binary traits using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v.35, n.2, p.159-183, 2003.

KOURY FILHO, W. **Análise genética de escores visuais e suas respectivas relações com desempenho ponderal na raça Nelore**. 2001. 71 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade de São Paulo, Pirassununga.

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

LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R. Bayesian inference for categorical traits with an application to variance component estimation. **Journal of Dairy Science**, Champaing, v. 84, n. 3, p. 694-704, 2001.

MADSON, P.; SORENSEN, P.; SU, G.; DAMGAARD, L.H.; THOMSEN, H.; LABOURIAU, R. DMU – A package for analyzing multivariate mixed models. In: PROC. 8th WORLD CONGR. GENET. APPL., 2006. **Proceddings...** Livest. Prod., 2006, p. 247.

MARCONDES, C.R. **Análise bayesiana da probabilidade de permanência no rebanho como característica de seleção para a raça Nelore**. 2003. 83 f. Tese (Doutorado em Genética) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.

MARCONDES, C.R.; PANETO, J.C.C.; SILVA, J.A.V.; OLIVEIRA, H.N.; LÔBO, R.B. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 57, n. 2, p. 234-240, 2005.

MATOS, C.A.P.; THOMAS, D.L.; GIANOLA, D.; TEMPELMAN, R.J.; YOUNG, L.D. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters. **Journal of Animal Science**,Champaing, v.75, n.1, p. 76-87, 1997.

MORENO, C.; SORENSEN, D.; GARCIA-CORTÉS, L.A.; VARONA, L.; ALTARRIBA, J. On biased inferences about variance components in the binary threshold model. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v.29, n.2, p.145-160, 1997.

MIZTAL, I. Complex models, more data: Simpler programming? In: INTERBULL PROCEDDINGS OF THE COMPUTACIONAL CATTLE BREEDING, 1999. **Proceddings...** Bull, 1999. v.42, p.20-33.

PHOCAS, F.; LALOE, D. Evaluation models and genetic parameters for calving difficulty in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaing, v.81, n.4, p.933-938, 2003.

PIRES, B.C.; FARIA, C.U.; VIU, M.A.O.; TERRA, J.P.; LOPES, D.T.; MAGNABOSCO, C.U.; LÔBO, R.B. Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal,** Salvador**,** v.11, n.3, p.651-661, 2010.

RAMIREZ VALVERDE, R.; MIZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic

effects on calving difficulty in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaing, v.79, n.2, p.333-338, 2001.

REKAYA, R.; WEIGEL, K.A.; GIANOLA, D. Threshold model for misclassified binary responses with applications to animal breeding. **Biometrics**, Washington, v.57, n.4, p.1123-1129, 2001.

REVERTER, A.; GOLDEN, B.L.; BOURDON, R.M.; BRINKS, J.S. Method R variance components procedure: application on the simple breeding value model. **Journal of Animal Science**, Champaing, v.72, n.9, p.2247-2253, 1994.

SORENSEN, D.A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D.; KORSGAARD, I. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v.27, n.3, p.229-249, 1995.

SILVA, J.A.V.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; OLIVEIRA, H.N. Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.3, p.598-604, 2003.

SILVA, J.A.V.; DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G. Estudo genético da precocidade sexual de novilhas em um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.34, n.5, p.1568-1572, 2005.

SMOTHER, C.D.; PEARSON, R.E.; HOESCHELE, I. Herd final score and its relationship to genetic and environmental parameters of conformation traits of United States Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaing, v.76, n.6, p. 1671-1677, 1993.

TSURUTA, S.; MIZTAL, I. THRGIBBS1F90 for estimation of variance components with threshold and linear models. In: PROC. 8th WORLD CONGR. GENET. APPL., 2006. **Proceddings...** Livest. Prod., 2006, p. 253.

VAN KAAM, J.B.C.H.M. **Gibanal 2.9: Analyzing Program for Markov Chain Monte Carlo Sequences**. Dep. Anim. Sci., Wageningen Agricultural University, Wageningen, The Netherlands, 1998.

VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P.; SILVA, J.A.V.; FERRAZ, J.B.S. Estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e R. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 6, p. 1624-1632, 2003.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K. E. Bayesian Analysis of Twinning and Ovulation Rates Using a Multiple - Trait Threshold Model and Gibbs Sampling. **Journal of Animal Science**, Champaing, v.76, n.8, p.2048 -2061, 1998.

VARONA, L.; MIZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Threshold-linear versus linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: I. Variance Component Estimation. **Journal of Animal Science**, Champaing, v.77, n.8, p.1994-2002, 1999.

WEIGEL, K.A.; REKAYA, R. Genetic parameters for reproductive traits of Holstein cattle in California and Minnesota. **Journal of Dairy Science**, Champaing, v.83, n.5, p.2541-2548, 2000.

WIGGANS, G.R.; MIZTAL, I.; VAN TASSEL, C.P. Calving ease (co)variance components for a sire-maternal grandsire threshold model. **Journal of Dairy Science**, Champaing, v. 86, n. 5, p. 1845-1848, 2003.

2.11 CRONOGRAMA DE ATIVIDADES

O projeto será executado no período de janeiro de 2009 a dezembro de 2010. As atividades desenvolvidas e o cronograma de execução estão sumarizada no Quadro 2.

QUADRO 2 - Cronograma das atividades a serem desenvolvidas durante a execução do projeto.

Atividades	semestre/2009		semestre/2010	
	1º	2º	1º	2º
revisão bibliográfica do tema	X	X	X	X
preparação do banco de dados	X			
análises estatísticas preliminares		X		
análises genéticas			X	
estudo e discussão dos resultados			X	X
produção de material técnico ciêntifico				X

2.12 ORÇAMENTO DO PROJETO

2.12.1 Partida

QUADRO 3 - Equipamentos necessários para a execução do projeto

Quantidade	Descrição	Valor Unitário	Valor Total
01	computador Intel® Core 2 Duo E7400 2.8GHz 4GB 500GB	R$ 1.500,00	R$ 1.500,00
01	impressora HP laserjet P1005	R$ 350,00	R$ 350,00
02	Nobreak 700 VA 220v	R$ 450,00	R$ 900,00
01	HD externo USB 500GB	R$ 250,00	R$ 250,00
01	despesas com materiais diversos	R$ 350,00	R$ 350,00
		Subtotal	R$ 3.350,00

2.11.2 Contrapartida

QUADRO 4 - Equipamentos disponíveis para a execução do projeto

Quantidade	Descrição	Valor Unitário	Valor Total
01	computador Intel® Core 2 Duo E7400 2.8GHz 4GB 500GB	R$ 1.500,00	R$ 1.500,00
02	estabilizador 1000VA Bivolt	R$ 200,00	R$ 400,00
01	impressora HP Officejet 6300	R$ 350,00	R$ 350,00
01	nobreak 600 VA Bivolt	R$ 350,00	R$ 350,00
		Subtotal	R$ 3.100,00

2.11.3 Valor Total do Projeto

QUADRO 5 - Valor total do projeto, particionado em partida e contrapartida.

Item	Descrição	Valor do Subtotal
2.11.1	Partida	R$ 3.350,00
2.11.2	Contrapartida	R$ 3.100,00
2.11.3	Valor Total do Projeto	R$ 6.450,00

CAPÍTULO 3 - PRODUTOS OBTIDOS

3.1 RESUMO EXPANDIDO CONPEEX

Resumo intitulado "**Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore"** publicado e apresentado nos anais do VI congresso de Pesquisa Ensino e Extensão realizado na Universidade Federal de Goiás no ano de 2009.

Anais do VI Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão "Ciência e Desenvolvimento Regional"
27 a 30 de outubro de 2009

Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore

Pires, B.C. [1]; Faria, C.U.[2]; Terra, J.P.[1]; Lopes, D.T.[3]; Magnabosco, C.U.[4]; Lôbo, R.B.[5]; Viu, M. A. O.[1]

Palavras-chave: amostragem de gibbs, escores visuais, modelo animal

Justificativa

Atualmente, a avaliação visual de bovinos de corte é de grande importância para programas de melhoramento genético. A avaliação do biótipo animal por meio da atribuição de escores visuais permite identificar animais com melhor precocidade de terminação e musculosidade. Outro benefício é a facilidade de manejo, já que os animais não precisam ser submetidos a mensurações, o que acelera o processo e minimiza o estresse dos animais, além de apresentar baixo custo de implantação.

O Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), desenvolveu o sistema de avaliação morfológica (KOURY FILHO, 2005) por escores visuais que aplica modernos procedimentos de coleta de dados para a estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M), visando à avaliação genética e, consequentemente, a geração de novos índices de seleção. Entretanto, para se obter sucesso com a utilização dos escores visuais como critérios de seleção, é necessário conhecer os parâmetros genéticos dessas características, e para isso o método de estimação é um fator importante na obtenção desses parâmetros. Deve se destacar, que são poucos os trabalhos que estimaram os parâmetros genéticos e ambientais para estas características morfológicas (KOURY FILHO, 2005; FARIA et al., 2009; YOKOO et al., 2009).

Objetivo

Objetivou-se comparar estimativas de parâmetros genéticos de características categóricas morfológicas E, P e M, além do peso padronizado aos 120 dias de idade (P120), obtidas a partir de análises multicaracterísticas utilizando os modelos bayesianos de limiar e linear.

Metodologia

Utilizaram-se dados de escores visuais de 4.155 bovinos da raça Nelore, ao sobreano (entre 490 e 610 dias de idade), pertencentes aos rebanhos participantes do Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Os animais foram avaliados visualmente pelo método denominado SAM (Sistema de Avaliação Morfológica), desenvolvido por KOURY FILHO (2005), em que: para E avalia-se o comprimento corporal e a altura do animal, que corresponde a indivíduos de maior tamanho corporal; em P avalia-se a relação entre a profundidade de costelas e altura de membros, e corresponde a indivíduos que irão depositar gordura de acabamento mais precocemente; e para M verifica-se a distribuição muscular do indivíduo, além do volume e comprimento dos músculos, sendo que os indivíduos com musculatura mais convexa recebem escores mais altos. Para cada característica morfológica obteve-se escores de um a seis pontos (Tabela 1).

[1]Universidade Federal de Goiás, CAJ, Jataí, GO, e-mail: brunopires01@hotmail.com; pereiraterra20@hotmail.com e marcoviu@yahoo.com.br
[2]Universidade Federal de Uberlândia, FAMEV, Uberlândia, MG, e-mail: carinauf@famev.ufu.br
[3]Universidade Federal de Goiás, EV, Goiânia, GO, e-mail: dyomix@yahoo.com.br
[4]Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, e-mail: mclaudio@cpac.embrapa.br
[5]Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, SP, e-mail: raysildo@ancp.org.br

Tabela 1. Distribuição (%) por escores para as características de estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M) avaliadas ao sobreano em bovinos da raça Nelore.

Característica	Número	Média[a]	Escores					
			Um	Dois	Três	Quatro	Cinco	Seis
E	4.155	3,92	4,40	12,20	20,96	26,45	21,13	14,85
P	4.154	3,86	5,73	13,96	19,91	24,34	20,97	15,09
M	4.155	3,62	7,51	16,51	22,62	22,98	20,00	10,37

[a]Média estimada pela fórmula dos valores esperados das variáveis aleatórias multinomiais.

Os parâmetros genéticos foram estimados, para fins de comparação de modelos de linear e limiar, mediante análises unicaracterísticas, sob modelo animal de linear e limiar, e análises bicaracterísticas entre peso padronizado aos 120 dias de idade (P120) e as características morfológicas E, P e M, sob modelo animal de linear-linear e linear-limiar, utilizando a inferência bayesiana por meio do aplicativo MTGSAM Threshold (Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models) desenvolvido por VAN TASSEL et al. (1998).

Para análise das características morfológicas considerou-se o efeito de sexo (dois níveis) e de classe de idade da vaca ao parto (seis níveis) como efeitos fixos, os grupos de contemporâneos (animais nascidos na mesma fazenda, ano, estação de nascimento, lote de manejo e o técnico de avaliação) como efeitos aleatórios e a idade do animal no momento da coleta como covariável (efeito linear).

Em relação ao P120, não foi incluído o efeito genético aditivo materno devido à dificuldade de se estimar todas as (co)variâncias genéticas sob o modelo de limiar. No entanto, foi incluído como efeito aleatório o ambiente permanente materno, buscando evitar possíveis superestimações. Como efeito fixo foi incluído os efeitos de sexo e grupo contemporâneo aos 120 dias de idade. O modelo completo pode ser representado em notação matricial como:

$$y = X\beta + Z_1 a + Z_2 c + e$$

Em que **y** é o vetor das observações (características morfológicas ao sobreano e P120), **β** é o vetor dos efeitos fixos (sexo e classe de idade da vaca ao parto para características morfológicas, e grupo de contemporâneos e classe de idade da vaca ao parto para P120), **a** é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos diretos de cada animal, **c** é o vetor de efeitos aleatórios não correlacionados (grupo de contemporâneos para características morfológicas e ambiente permanente materno para P120), **e** é o vetor de efeitos aleatórios residuais, e X, Z_1, e Z_2 são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos e aos efeitos aleatórios genético aditivo direto e não correlacionados, respectivamente. O arquivo de genealogia incluiu 38.479 animais da raça Nelore.

Na implementação da Amostragem de Gibbs, foi utilizado um tamanho de cadeia de 1.000.000 ciclos, sendo que os primeiros 300.000 ciclos foram descartados e as amostras retiradas a cada 1.000 ciclos, totalizando 700 amostras. O erro de Monte Carlo foi estimado calculando a raiz da divisão da variância das amostras retiradas para cada estimativa de herdabilidade pelo número de amostras. As soluções dos valores genéticos foram utilizadas para calcular as correlações de posto ou correlações de Sperman entre os modelos comparados. Para os cálculos foi usado o procedimento PROC CORR (SAS, 2000).

Resultados e discussão

Os modelos de limiar e linear atingiram a convergência da cadeia de Gibbs, fato demonstrado pela estimação do erro de Monte Carlo (Tabela 2). Este erro avalia se a implementação da Amostragem de Gibbs foi adequada para gerar as médias posteriores das distribuições marginais dos componentes de (co)variância (VAN TASSEL e VAN

VLECK, 1996). No presente estudo, o erro de Monte Carlo das herdabilidades foi pequeno em todas as análises, indicando que o tamanho da cadeia de Gibbs foi suficiente para obter estimativas precisas das médias posteriores. É importante ressaltar que o erro de Monte Carlo é considerado pequeno quando seu valor somado à estimativa média da distribuição posterior dos coeficientes de herdabilidade não altera o valor dessa estimativa, considerando até a segunda casa decimal da herdabilidade (FARIA et al., 2008).

Tabela 2. Erro de Monte Carlo das estimativas de herdabilidade para as características estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M), obtidas em análises unicaracterísticas sob modelos de linear e limiar, e bicaracterísticas sob modelos linear-linear e linear-limiar.

Erro de Monte Carlo	Análise Unicaracterística		Análise Bicaracterística	
	Linear	Limiar	Linear-Linear	Linear-Limiar
E	0,0013	0,0013	0,0007	0,0015
P	0,0018	0,0018	0,0006	0,0013
M	0,0015	0,0015	0,0007	0,0014

Na Tabela 3 está sumarizada a estatística descritiva das estimativas de herdabilidade para as características morfológicas, estimadas em análises bayesianas unicaracterísticas, utilizando modelos de linear e limiar. De modo geral, os resultados foram semelhantes para os dois modelos, sendo que os intervalos de maior densidade a posteriori a 95% quase se sobrepõem em ambos os modelos. Outro resultado importante é que os valores de média e moda são muito próximos, sugerindo uma distribuição normal, que de acordo com as pressuposições bayesianas, indica que a convergência foi atingida.

Tabela 3. Estatística descritiva das estimativas de herdabilidade para estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M) avaliadas ao sobreano em bovinos da raça Nelore, obtidas a partir de análises bayesianas unicaracterísticas, em modelo animal de limiar e linear.

Estatística descritiva		Média±Desvio Padrão	Moda	Mediana	HPD (95%)[1]
E	Linear	0,15±0,03	0,16	0,16	0,10 a 0,22
	Limiar	0,16±0,03	0,17	0,16	0,10 a 0,24
P	Linear	0,31±0,04	0,31	0,31	0,22 a 0,39
	Limiar	0,32±0,05	0,33	0,32	0,23 a 0,42
M	Linear	0,22±0,04	0,23	0,22	0,15 a 0,30
	Limiar	0,22±0,04	0,20	0,22	0,15 a 0,30

[1]intervalos de maior densidade a posteriori a 95%

Resultados semelhantes, de comparação de modelos de linear e limiar, foram encontrados por FARIA et al. (2008) ao utilizar dados de escores visuais de bovinos da raça Nelore. Entretanto, RAMIREZ VALVERDE et al. (2001) e MARCONDES et al. (2005) obtiveram estimativas de menor magnitude para o modelo linear em relação ao modelo limiar.

Em relação às análises bicaracterísticas (Tabela 4) observa-se que as estimativas de média, moda e mediana para a herdabilidade do P120 foram muito próximas, considerando ambos os modelos, porém, de menor magnitude para as estimativas de correlações genéticas considerando o modelo linear. De acordo com SILVA et al. (2005), o uso de modelos de limiar seria mais adequado para estimar parâmetros de dados categóricos, por relacionar a resposta observada na escala categórica a uma escala subjacente normal contínua. Entretanto, observa-se que o modelo linear-limiar apresentou maiores intervalos de densidade a posteriori a 95%, apesar dos desvios padrões terem sido pequenos em

todos os modelos. Deve-se salientar que ao utilizar o modelo limiar, aumentou-se o tempo de processamento e demanda computacional.

Tabela 4. Estatística descritiva das estimativas de parâmetros genéticos para as características morfológicas E, P e M avaliadas ao sobreano, e o P120, obtidas a partir de análises bayesianas bicaracterísticas, sob modelo animal de linear-limiar e linear-linear[(1)].

Análises		Linear-Linear				Linear-Limiar			
		Média±DP	Mo	Md	HPD 95%	Média±DP	Mo	Md	HPD 95%
$P120_1$ + E_2	h_1^2	0,40±0,03	0,40	0,40	0,34 a 0,45	0,40±0,03	0,41	0,40	0,34 a 0,46
	h_2^2	0,39±0,02	0,38	0,39	0,35 a 0,43	0,26±0,04	0,25	0,26	0,18 a 0,33
	r_g	0,58±0,04	0,60	0,58	0,50 a 0,67	0,73±0,05	0,75	0,74	0,62 a 0,83
$P120_1$ + P_2	h_1^2	0,39±0,03	0,39	0,39	0,34 a 0,45	0,39±0,03	0,39	0,39	0,34 a 0,45
	h_2^2	0,45±0,02	0,45	0,45	0,42 a 0,49	0,41±0,04	0,41	0,41	0,34 a 0,48
	r_g	-0,01±0,06	0,01	0,01	-0,12 a 0,09	0,01±0,06	0,03	0,01	-0,11 a 0,12
$P120_1$ + M_2	h_1^2	0,39±0,03	0,39	0,38	0,33 a 0,44	0,37±0,03	0,36	0,37	0,31 a 0,42
	h_2^2	0,40±0,02	0,40	0,40	0,36 a 0,44	0,32±0,04	0,32	0,32	0,25 a 0,39
	r_g	0,04±0,06	0,05	0,04	-0,09 a 0,16	0,04±0,07	0,03	0,04	-0,09 a 0,17

[(1)]DP: desvio padrão; Mo: moda; Md: mediana; HPD: intervalo de maior densidade a posteriori a 95%; h^2: herdabilidade; r_g: correlação genética; os valores subscritos 1 e 2 indicam, respectivamente, características 1 e 2 da análise bi-característica.

Esses resultados (Tabela 4) diferem daqueles encontrados por FARIA et al. (2008) que trabalharam com análises bicaracterísticas linear-linear e linear-limiar de peso padronizado aos 210 dias com características morfológicas de conformação, musculosidade e estrutura corporal e, não encontraram diferença entre os modelos comparados. MARCONDES et al. (2005) não verificaram vantagens no uso de modelos de limiar ao trabalhar com a característica *stayability*, e ainda afirmam que os modelos de limiar exigem maior suporte computacional e tempo de processamento. RAMIREZ-VALVERDE et al. (2001) trabalharam com dados de dificuldade de parto e destacaram vantagens nos modelos de limiar sob modelo animal. VARONA et al. (1999) estudaram a mesma característica e apontaram vantagens no uso de modelo animal de limiar sobre o de linear.

Quanto às correlações de posto ou correlações de Spearman, todas foram maiores que 99% nas análises unicaracterísticas que correlacionaram os modelos de linear com os de limiar. Já nas análises bicaracterísticas, que correlacionaram os modelos de linear-linear com os de linear-limiar, obteve-se: P120 com P > 99%; P120 com M > 98% e P120 com E > 97%. Esses resultados indicam que a classificação dos animais foi muito próxima, consequentemente, os diferentes modelos não influenciaram na classificação dos animais. Resultados semelhantes foram encontrados por MARCONDES et al. (2005) e FARIA et al. (2008) que não encontraram diferenças na classificação dos animais utilizando modelos de linear ou de limiar.

Conclusões

Não houve diferenças nas estimativas de parâmetros genéticos considerando os modelos bayesianos de linear e limiar em análises unicaracterísticas.

Na avaliação genética, pode-se utilizar tanto o modelo de limiar quanto o modelo linear, uma vez que não há alterações na classificação dos animais avaliados.

Referência bibliográfica

FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G. et al. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** v.43, n.7, p.835-841, 2008.

FARIA, C. U.; KOURY FILHO, W.; MAGNABOSCO, C. U. et al. Bayesian inference in genetic parameter estimation of visual scores in Nellore beef-cattle. **Genetics and Molecular Biology,** São Paulo, 2009. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1415-47572009005000066&lng=en &nrm=iso>. Acesso em: 10. set. 2009.

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

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

RAMIREZ-VALVERDE, R.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.333-338, 2001.

SAS - STATISTICAL ANALYSIS SISTEM. **User's Guide: Statistic**. Version 8. Cary: 2000, 295p.

SILVA, J. A. V.; DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G. Estudo genético da precocidade sexual de novilhas em um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v.34, p.1568-1572, 2005.

YOKOO, M.J.I.; WERNECK, J.N.W.; PEREIRA, M.C.; ALBUQUERQUE, L.G., KOURY FILHO, W.; SAINZ, R.D.; LÔBO, R.B.; ARAUJO, F.R.C. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v.44, n.2, p.197-202, 2009.

VARONA, L.; MIZTAL, I.; BERTRAND, J. K. Threshold-linear versus linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: I. Variance Component Estimation. **Journal of Animal Science,** v.77, p.1994-2002, 1999.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.

VAN TASSELL, C. P.; VAN VLECK, L. D.; GREGORY, K. E. Bayesian Analysis of Twinning and Ovulation Rates Using a Multiple - Trait Threshold Model and Gibbs Sampling. **Journal of Animal Science,** v.76, p.2048 -2061, 1998.

3.2 ARTIGO REVISTA BRASILEIRA DE SAÚDE E PRODUÇÃO ANIMAL

Artigo intitulado "**Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore"** publicado na Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal no ano de 2010.

Rev. Bras. Saúde Prod. An., v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010 http://www.rbspa.ufba.br
ISSN 1519 9940

Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore

Threshold and linear bayesian models in the genetic parameters estimation for morphological traits in Nelore cattle

PIRES, Bruno Carlos[1*], FARIA, Carina Ubirajara[2], VIU, Marco Antônio de Oliveira[1], TERRA, Juliano Pereira[1], LOPES, Dyomar Toledo[1], MAGNABOSCO, Cláudio Ulhôa[3], LÔBO, Raysildo Barbosa[4]

[1]Universidade Federal de Goiás, Jataí, Goiás, Brasil.
[2]Universidade Federal de Uberlândia, Faculdade de Medicina Veterinária, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.
[3]Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil.
[4]Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, São Paulo, Brasil.
*Endereço para correspondência: brunopires01@hotmail.com

RESUMO

Objetivou-se comparar as estimativas de parâmetros genéticos para as características morfológicas de estrutura corporal, precocidade de terminação e musculosidade, obtidas através de análises bayesianas, a partir dos modelos de limiar e linear. Foram utilizados dados de escores visuais, ao sobreano, de 4.155 bovinos da raça Nelore, pertencentes a rebanhos participantes do Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores. Os animais foram avaliados visualmente pelo método denominado SAM (Sistema de Avaliação Morfológica). Para a estimação dos parâmetros genéticos, foram realizadas análises unicaracterísticas a partir dos modelos de limiar e linear (características morfológicas) e análises bicaracterísticas que levavam em conta os modelos de linear-limiar e linear-linear (incluindo o peso aos 120 dias de idade como característica âncora). Nas análises unicaracterísticas, verificou-se que as estimativas de herdabilidade foram semelhantes para ambos os modelos. Para as análises bicaracterísticas, as estimativas de herdabilidade obtidas no modelo linear-linear apresentaram maior magnitude do que aquelas obtidas no modelo linear-limiar. Entretanto, as correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para os diferentes modelos (limiar e linear ou linear-linear e linear-limiar) mostraram haver mínima alteração na colocação dos animais, e essa modificação foi insuficiente para alterar sua classificação quanto ao percentil, ou seja, todos os animais TOP1%, quando utilizados modelos lineares, continuaram TOP1%, com a utilização de modelos de limiar. Na avaliação genética de características morfológicas, avaliadas por escores visuais, pode-se utilizar tanto o modelo de limiar quanto o modelo linear.

Palavras-chave: bovinos de corte, escores visuais, inferência bayesiana

SUMMARY

It was aimed to compare the estimates of genetic parameters for body structure, finishing precocity and muscling obtained in single-trait and two-trait bayesian analyses under linear and threshold models. Visual scores obtained from 4,155 Nelore cattle at yearling, belonging to the Brazilian Nelore Program, were used. The animals were evaluated visually by method SAM (System of Morphologic Evaluation). Genetic parameters were estimated by single-trait bayesian analysis considering linear and threshold models (morphological traits) and two-trait bayesian analysis considering linear-linear and linear-threshold models (including the weight to the 120 days). In single-trait analysis, it was verified that heritability estimated were similar for both the models. When considering two-trait analysis, the heritability estimates obtained in the linear-linear model had presented greater magnitude than that in the linear-threshold model. However, the Spearman correlations among the breeding values for different models

Rev. Bras. Saúde Prod. An., v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010 http://www.rbspa.ufba.br
ISSN 1519 9940

(linear or threshold and linear-linear or linear-threshold) showed low alteration in the placement of the animals, and it was an insufficient modification to alter their classification as for the percentile, in other words, all the animals TOP1%, when linear models were used, continued being TOP1% when used threshold models. In the genetic evaluation of animals for morphological traits, the linear or threshold model can be used in genetic improvement programs.

Key-words: bayesian inference, beef cattle, visual scores

INTRODUÇÃO

A avaliação morfológica tem sido amplamente utilizada em programas de melhoramento genético de bovinos de corte, especialmente, em rebanhos da raça Nelore. Pesquisas já realizadas sugerem que a seleção baseada em escores visuais pode ser efetiva, visto que as estimativas de herdabilidade obtidas são de média à alta magnitude (KIPPERT et al., 2006; FORNI et al., 2007; FARIA et al., 2008; FARIA et al., 2009; YOKOO et al., 2009).

Recentemente, no Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) foi desenvolvido o Sistema de Avaliação Morfológica (KOURY FILHO, 2005) que aplica modernos procedimentos de coleta de dados para a estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M), com vistas à avaliação genética e à geração de novos índices de seleção. Entretanto, devido à crescente demanda pela predição de valores genéticos para tais características, faz-se necessário que as metodologias de avaliação genética sejam corretamente aplicadas.

A estimativa dos parâmetros genéticos não é uma tarefa fácil, no entanto, é de fundamental importância na obtenção de índices que maximizem a resposta à seleção e, consequentemente, a produção (ARAÚJO et al., 2008; MALHADO et al., 2009). Nesse contexto, o aprimoramento dos métodos de estimação dos parâmetros genéticos tem sido uma constante busca dos pesquisadores, pois esses precisam ser corretamente estimados para que os valores genéticos preditos fiquem o mais próximo possível dos valores reais.

As características morfológicas não apresentam distribuição normal dos dados, e uma melhor atenção deve ser dada às análises genéticas, uma vez que os modelos lineares, usuais na avaliação genética, consideram tais características como contínuas, de modo que seja ignorada a natureza discreta dos dados (LUO et al., 2002). Dessa forma, propõe-se a utilização de modelos de limiar que são baseados na suposição de que as classes de dados categóricos estão relacionadas a um delineamento de uma escala subjacente normal (GIANOLA & SORENSEN, 2002). Verificam-se poucos estudos em relação à aplicação de modelos de limiar na avaliação genética de características morfológicas (FARIA et al., 2008; FARIA et al., 2009)

Objetivou-se comparar as estimativas de parâmetros genéticos para as características morfológicas de estrutura corporal, precocidade de terminação e musculosidade, obtidas através de análises bayesianas a partir dos modelos de limiar e linear.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de escores visuais de 4.155 bovinos da raça Nelore, avaliados ao sobreano, provenientes de rebanhos participantes do Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP).

Rev. Bras. Saúde Prod. An., v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010 http://www.rbspa.ufba.br
ISSN 1519 9940

Os animais foram avaliados visualmente pelo método denominado SAM (Sistema de Avaliação Morfológica), desenvolvido por KOURY FILHO (2005), em que: para estrutura corporal avalia-se o comprimento corporal e a altura do animal, que corresponde a indivíduos de maior tamanho corporal; em precocidade de terminação avalia-se a relação entre a profundidade de costelas e altura de membros, e corresponde a indivíduos que irão depositar gordura de acabamento mais precocemente; para musculosidade verifica-se a distribuição muscular do indivíduo, além do volume e comprimento dos músculos, e os indivíduos com musculatura mais convexa recebem escores mais altos.

A estruturação do arquivo de dados foi realizada com a utilização do programa Statistical Analysis System (SAS, 2004). Para a consistência dos dados das características morfológicas, o intervalo de idade dos animais seguiu uma variação de 490 a 610 dias. A definição dos grupos de animais contemporâneos para as características categóricas morfológicas foi realizada a partir de fazenda, ano, estação de nascimento, lote de manejo e o técnico que avaliou os animais de um mesmo lote de manejo. Foram eliminados os animais cujo peso aos 120 dias de idade (P120) apresentou 3,5 desvios padrão acima ou abaixo da média do seu grupo contemporâneo. Também foram eliminados os grupos contemporâneos que continham menos de quatro animais e sem variabilidade para as características estudadas.

Os parâmetros genéticos foram estimados, para fins de comparação, mediante análises bayesianas unicaracterísticas, sob modelo animal de linear e limiar, e análises bayesianas bicaracterísticas (entre peso padronizado aos 120 dias de idade e as características morfológicas) sob modelo animal de linear-linear e linear-limiar, por meio do aplicativo MTGSAM Threshold (Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models) desenvolvido por VAN TASSELL et al. (1998). Para minimizar o efeito de pré-seleção, o peso padronizado aos 120 dias de idade (P120) foi usado como característica "âncora" nas análises bicaracterísticas.

Neste estudo, para análises das características morfológicas, considerou-se o efeito de sexo (dois níveis) e de classe de idade da vaca ao parto (seis níveis) como efeitos fixos, os grupos de contemporâneos como efeitos aleatórios e a idade do animal no momento da coleta como covariável (efeito linear). Os grupos contemporâneos foram considerados como efeito aleatório, segundo as recomendações de VARONA et al. (1999), que preconizam tal procedimento devido às dificuldades em predizer os valores genéticos de características categóricas, quando se tem grande número de níveis de efeitos fixos no modelo animal de limiar.

O modelo completo pode ser representado em notação matricial como:

$$y = X\beta + Z_1 a + Z_2 c + e$$

em que y é o vetor das observações (escala subjacente contínua para as características morfológicas), β é o vetor dos efeitos fixos, a é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos diretos de cada animal, c é o vetor de efeitos aleatórios não correlacionados, e é o vetor de efeitos aleatórios residuais, e X, Z_1, e Z_2 são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos e aos efeitos aleatórios genético aditivo direto e não correlacionados, respectivamente. O

Rev. Bras. Saúde Prod. An., v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010 http://www.rbspa.ufba.br
ISSN 1519 9940

arquivo de genealogia incluiu 38.479 animais da raça Nelore.

No modelo de limiar, assume-se que a escala subjacente apresenta distribuição normal contínua e é representada como:

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

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

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

As características categóricas são determinadas por variáveis contínuas não observáveis, em escala subjacente, e são fixados valores iniciais de limiares, em que $t_1 < t_2 \ldots < t_{j-1}$, com $t_0 = -\infty$ e $t_j = \infty$, onde j é o número de categorias. Os dados observáveis são dependentes da variável subjacente que é limitada entre dois limiares não observáveis (GIANOLA & SORENSEN, 2002). Assim, as categorias ou escores de y_i (características morfológicas ao sobreano) para cada animal i são definidos por U_i, na escala subjacente:

$$y_i = \begin{cases} 1 & t_0 < U_i \le t_1 \\ 2 & t_1 < U_i \le t_2 \\ 3 & t_2 < U_i \le t_3 \\ 4 & t_3 < U_i \le t_4 \\ 5 & t_4 < U_i \le t_5 \\ 6 & t_5 < U_i \le t_6 \quad i = 1, \ldots, n \end{cases}$$

em que, n é o número de observações para cada escore. Após as especificações dos limiares t_0 a t_6, é necessário que dois limiares (de t_1 a t_5) sejam ajustados a uma constante arbitrária (VAN TASSELL et al., 1998). Assim, a variância residual foi estimável, bem como a covariância residual entre as características e assumiu-se $t_1 = 0$ e $t_2 = 1$.

As distribuições iniciais das (co)variâncias foram assumidas como uma Wishart Invertida para os efeitos aleatórios genéticos, não correlacionados e residuais das características estudadas. Foram definidas distribuições iniciais uniformes tanto para os efeitos fixos como para os limiares. O parâmetro *v* é o grau de liberdade correspondente à distribuição Wishart Invertida e indica o grau de confiabilidade da distribuição inicial. Neste estudo, o parâmetro *v* utilizado foi *flat*, ou seja, não refletia grau de conhecimento sobre os parâmetros.

Na implementação da Amostragem de Gibbs, foi utilizado um tamanho de cadeia de 1.000.000 ciclos, e os primeiros 300.000 ciclos foram descartados e as amostras retiradas a cada 1.000 ciclos, com total de 700 amostras. As análises das amostras, da correlação serial e da convergência da cadeia de Gibbs foram realizadas com o auxílio do programa GIBANAL (VAN KAAM, 1998).

Rev. Bras. Saúde Prod. An., v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010 http://www.rbspa.ufba.br
ISSN 1519 9940

O erro de Monte Carlo foi estimado com cálculo da raiz da divisão da variância das amostras retiradas para cada estimativa de herdabilidade pelo número de amostras. As soluções dos valores genéticos foram utilizadas para calcular as correlações de posto ou correlações de Spearman entre os modelos comparados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com as pressuposições bayesianas, distribuições posteriores semelhantes a uma distribuição normal (Figura 1 e 2), há indicação de que houve convergência da cadeia de Gibbs, com obtenção de estimativas adequadas dos componentes de (co)variância para as características morfológicas (VAN TASSELL et al., 1998).

Outro indicador de que as análises atingiram a convergência é demonstrado pelo erro de Monte Carlo. Esse erro avalia se a implementação da Amostragem de Gibbs foi adequada para gerar as médias posteriores das distribuições marginais dos componentes de (co)variância. O erro de Monte Carlo é considerado pequeno quando seu valor somado à estimativa média da distribuição posterior dos coeficientes de herdabilidade não altera o valor dessa estimativa, de modo que seja considerada até a segunda casa decimal da herdabilidade (FARIA et al., 2008).

Verifica-se que o erro de Monte Carlo para herdabilidade foi muito pequeno em todas as análises (Tabela 1), o que indica que o tamanho da cadeia de Gibbs foi suficiente para obter estimativas precisas das médias posteriores.

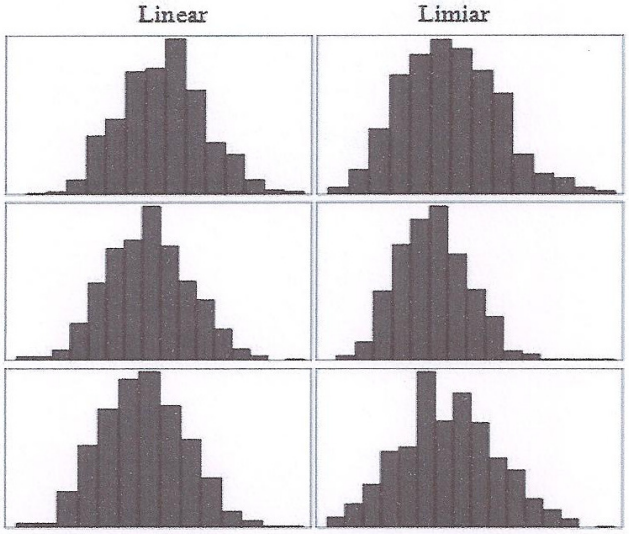

Figura 1. Distribuição das densidades posteriores de herdabilidade para as características de estrutura corporal (superior), precocidade de terminação (meio) e musculosidade (inferior) em análises unicaracterísticas sob modelo animal de limiar e linear

Rev. Bras. Saúde Prod. An., v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010 http://www.rbspa.ufba.br
ISSN 1519 9940

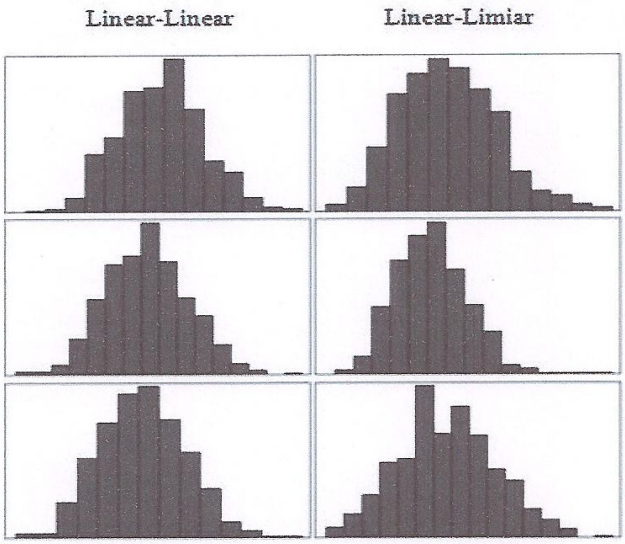

Figura 2. Distribuição das densidades posteriores de herdabilidade para as características de estrutura corporal (superior), precocidade de terminação (meio) e musculosidade (inferior) em análises bicaracterísticas em modelos linear-linear e linear-limiar

Tabela 1. Erro de Monte Carlo das estimativas de herdabilidade para as características estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M), obtidas em análises unicaracterísticas sob modelos de linear e limiar, e bicaracterísticas sob modelos linear-linear e linear-limiar

Erro de Monte Carlo	Análise Unicaracterística		Análise Bicaracterística	
	Linear	Limiar	Linear-Linear	Linear-Limiar
E	0,0013	0,0013	0,0007	0,0015
P	0,0018	0,0018	0,0006	0,0013
M	0,0015	0,0015	0,0007	0,0014

De modo geral, os resultados foram semelhantes para os dois modelos, e os intervalos de maior densidade *a posteriori* a 95% quase se sobrepõem em ambos os modelos (Tabela 2). Resultados semelhantes, de comparação de modelos de linear e limiar, foram encontrados por MATOS et al. (1997), que trabalharam com dados categóricos de características reprodutivas em ovinos e por FARIA et al. (2008), mediante dados de escores visuais de bovinos Nelore. Entretanto, RAMIREZ-VALVERDE et al. (2001), MWANSA et al. (2002), PHOCAS & LALOË (2003) e MARCONDES et al. (2005) obtiveram estimativas de menor magnitude para o modelo linear em relação ao modelo limiar.

Rev. Bras. Saúde Prod. An., v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010 http://www.rbspa.ufba.br
ISSN 1519 9940

Tabela 2. Estatística descritiva das estimativas de herdabilidade para estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M) avaliadas ao sobreano em bovinos da raça Nelore, obtidas a partir de análises bayesianas unicaracterísticas, em modelo animal de limiar e linear

Estatística descritiva		Média	Moda	Mediana	HPD (95%)[1]
E	Linear	0,15±0,03	0,16	0,16	0,10 a 0,22
	Limiar	0,16±0,03	0,17	0,16	0,10 a 0,24
P	Linear	0,31±0,04	0,31	0,31	0,22 a 0,39
	Limiar	0,32±0,05	0,33	0,32	0,23 a 0,42
M	Linear	0,22±0,04	0,23	0,22	0,15 a 0,30
	Limiar	0,22±0,04	0,20	0,22	0,15 a 0,30

[1]Intervalos de maior densidade a posteriori a 95%

Em relação às análises bicaracterísticas (Tabela 3), observa-se que para as características morfológicas, ao considerar o modelo linear-linear, as estimativas de média, moda e mediana, para herdabilidade, foram de maior magnitude que aquelas obtidas no modelo linear-limiar. Verificou-se também que, para o modelo linear-limiar, as estimativas de herdabilidade apresentaram maiores intervalos de densidade a posteriori a 95%, apesar de os desvios padrão terem sido pequenos em ambos os modelos.

Esses resultados foram contrários aos relatados por FERREIRA (2008), que verificou que os modelos de limiar tendem a estimar valores de maior magnitude que os modelos de linear.

Tabela 3. Estatística descritiva das estimativas de parâmetros genéticos para as características morfológicas estrutura corporal (E), precocidade de terminação (P) e musculosidade (M) avaliadas ao sobreano, e o peso padronizado aos 120 dias de idade (P120), obtidas a partir de análises bayesianas bicaracterísticas, sob modelo animal de linear-limiar e linear-linear

Análises		Linear-Linear				Linear-Limiar			
		Média±DP	Mo	Md	HPD 95%	Média±DP	Mo	Md	HPD 95%
$P120_1$	h_1^2	0,40±0,03	0,40	0,40	0,34 a 0,45	0,40±0,03	0,41	0,40	0,34 a 0,46
+	h_2^2	0,39±0,02	0,38	0,39	0,35 a 0,43	0,26±0,04	0,25	0,26	0,18 a 0,33
E_2	r_g	0,58±0,04	0,60	0,58	0,50 a 0,67	0,73±0,05	0,75	0,74	0,62 a 0,83
$P120_1$	h_1^2	0,39±0,03	0,39	0,39	0,34 a 0,45	0,39±0,03	0,39	0,39	0,34 a 0,45
+	h_2^2	0,45±0,02	0,45	0,45	0,42 a 0,49	0,41±0,04	0,41	0,41	0,34 a 0,48
P_2	r_g	-0,01±0,06	0,01	0,01	-0,12 a 0,09	0,01±0,06	0,03	0,01	-0,11 a 0,12
$P120_1$	h_1^2	0,39±0,03	0,39	0,38	0,33 a 0,44	0,37±0,03	0,36	0,37	0,31 a 0,42
+	h_2^2	0,40±0,02	0,40	0,40	0,36 a 0,44	0,32±0,04	0,32	0,32	0,25 a 0,39
M_2	r_g	0,04±0,06	0,05	0,04	-0,09 a 0,16	0,04±0,07	0,03	0,04	-0,09 a 0,17

h^2 = herdabilidade; r_g: correlação genética; DP = desvio padrão; Mo: moda; Md: mediana; HPD = intervalos de maior densidade a posteriori a 95%; os valores subscritos 1 e 2 indicam, respectivamente, características 1 e 2 da análise bicaracterística.

Rev. Bras. Saúde Prod. An., v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010 http://www.rbspa.ufba.br
ISSN 1519 9940

Teoricamente, o uso de modelos de limiar seria mais adequado para estimar os parâmetros genéticos de dados categóricos, por considerar a natureza discreta dos dados ao relacionar a resposta observada na escala categórica a uma escala subjacente normal contínua (SILVA et al., 2005). De acordo com FERREIRA (2008), os métodos lineares, quando aplicados às características discretas, podem apresentar certos problemas metodológicos e conceituais, de forma a se colocar em dúvida a sua utilização.

Entretanto, resultados antagônicos foram verificados na literatura. MARCONDES et al. (2005) não encontram diferença no uso de modelos de limiar, ao trabalharem com a característica *stayability*, e verificaram que os modelos de limiar exigiram maior tempo de processamento. RAMIREZ-VALVERDE et al. (2001) trabalharam com dados de dificuldade de parto e encontram vantagens nos modelos de limiar em modelo animal, porém nenhuma vantagem foi observada em modelo touro avô-materno. VARONA et al. (1999) estudaram a mesma característica e apontaram vantagens no uso de modelo animal de limiar sobre o de linear. HOESCHELE & GIANOLA (1988) realizaram trabalhos de simulação e observaram vantagens no uso de modelos de limiar.

Quanto às correlações de posto ou correlações de Spearman (Figura 3), todas foram maiores que 99% nas análises unicaracterísticas que correlacionaram os modelos de linear com os de limiar. Já, nas análises bicaracterísticas, que correlacionaram os modelos de linear-linear com os de linear-limiar, obteve-se: P120 com E > 97%; P120 com P > 99%; e P120 com M > 98%. Esses resultados indicam que a classificação dos animais se manteve em ambos os modelos e, consequentemente, não influenciaram na classificação dos animais. Resultados semelhantes foram encontrados por MARCONDES et al. (2005) e FARIA et al. (2008) que não detectaram diferenças na classificação dos animais por meio de modelos de linear ou de limiar.

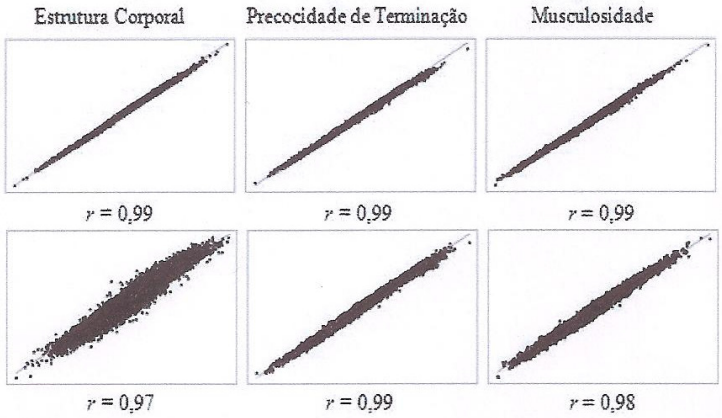

Figura 3. Correlações de posto (*r*) para as estimativas dos valores genéticos para estrutura corporal, precocidade de terminação e musculosidade, obtidas a partir de análises unicaracterísticas sob modelo linear e de limiar (superior), e análises bi-características (dados contínuos e categóricos) sob modelo linear-linear e linear-limiar (inferior), utilizando a estatística bayesiana

Rev. Bras. Saúde Prod. An., v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010 http://www.rbspa.ufba.br
ISSN 1519 9940

As mesmas análises de correlação de posto foram realizadas para os animais de maior valor genético (TOP 1%) (Figura 4). Os resultados demonstraram que em análises bicaracterísticas houve alterações na colocação dos animais TOP 1%, no entanto essas mudanças não foram suficientes para alterar a categoria em que se enquadraram, ou seja, todos os animais TOP 1% em um modelo continuaram a ser TOP 1% no outro.

O uso do modelo limiar exigiu maior tempo de processamento e demanda computacional, no entanto, atualmente, isso não constitui um problema devido ao rápido desenvolvimento de novas tecnologias em informática.

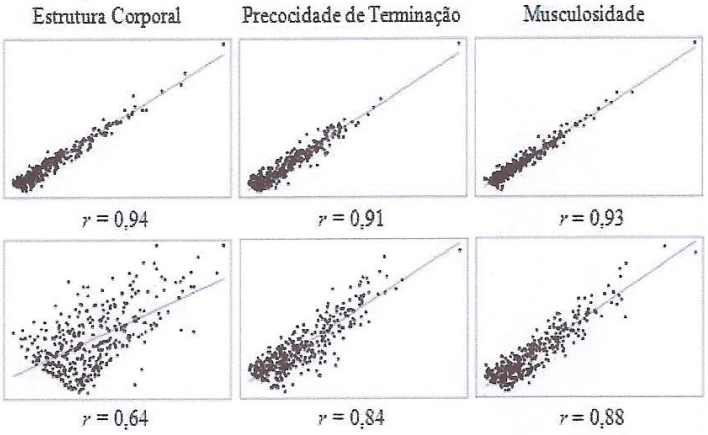

Figura 4. Correlações de posto (*r*) para as estimativas dos valores genéticos TOP 1% para estrutura corporal, precocidade de terminação e musculosidade, obtidas a partir de análises unicaracterísticas sob modelo linear e de limiar (superior), e análises bi-características (dados contínuos e categóricos) sob modelo linear-linear e linear-limiar (inferior), utilizando a estatística bayesiana

Os resultados, no presente estudo, mostraram que as estimativas dos modelos de linear e limiar em análises unicaracterísticas foram muito semelhantes, já nas análises bicaracterística houve diferença em algumas estimativas, porém essa diferença não impactou na classificação quanto ao percentil. Na avaliação genética, pode-se utilizar tanto o modelo de limiar quanto o modelo linear.

REFERÊNCIAS

ARAÚJO, C.V.; CARDOSO, A.M.C.; RAMOS, A.A.; ARAÚJO, S.I.; MARQUES, J.R.F.; TOMAZINI, A.P.I; CHAVES, L.C. Heterogeneidade de variâncias e parâmetros genéticos para produção de leite em bubalinos da raça Murrah, mediante inferência Bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal,** v.9, n.3, p.416-425, 2008. [Links].

Rev. Bras. Saúde Prod. An., v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010 http://www.rbspa.ufba.br
ISSN 1519 9940

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; REYES, A.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** v.43, n.7, p.835-841, 2008. [Links].

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

FERREIRA, W.J. Avaliação genética de animais para características categóricas - uma revisão. **Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia,** v.11, n.2, p.121-128, 2008. [Links].

FORNI, S.; FEDERICI, J.F.; ALBUQUERQUE, L.G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura à desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v.36, n.3, p.572-577, 2007. [Links].

GIANOLA D.; SORENSEN, D. **Likelihood, bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. 2.ed. Statistics for Biology and Health: Springer, 2002. 740p. [Links].

HOESCHELE, I.; GIANOLA, D. Bayesian versus maximum quasilikelihood methods for sire evaluation with categorical data. **Journal of Dairy Science**, v.72, p.1569-1577, 1989. [Links].

KIPPERT, C.J; RORATO, P.R.N.; CAMPOS, L.T.; BOLIGON, A.A.; WEBER, T.; GHELLER, D.G.; LOPES, J.S. Efeito de fatores ambientais sobre escores de avaliação visual à desmama e estimativa de parâmetros genéticos, para bezerros da raça charolês. **Ciência Rural,** v.36, n.2, p.579-585, 2006. [Links].

KOURY FILHO, W. **Escores visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte**. 2005. 80f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal. [Links].

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

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVEDO, D.M.M.R.; AFFONSO, P.R.A.M.; PEREIRA, D.G.; SOUZA, J.C. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas e produtivas de búfalas mestiças no Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal,** v.10, n.4, p.830-839, 2009. [Links].

MARCONDES, C.R.; PANETO, J.C.C.; SILVA, J.A.V.; OLIVEIRA, H.N.; LÔBO, R.B. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.2, p.234-240, 2005. [Links].

Rev. Bras. Saúde Prod. An., v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010 http://www.rbspa.ufba.br
ISSN 1519 9940

MATOS, C.A.P.; THOMAS, D.L.; GIANOLA, D.; TEMPELMAN, R.J.; YOUNG, L.D. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters. **Journal of Animal Science**, v.75, p.76-87, 1997. [Links].

MWANSA, P.B.; CREWS, D.H. Jr.; WILTON, J.W.; KEMP, R.A. Multiple trait selection for maternal productivity in beef cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.119, p.391-399, 2002. [Links].

PHOCAS, F.; LALOË, D. Evaluation models and genetic parameters for calving difficulty in beef cattle. **Journal of Animal Science,** v.81, p.933-938, 2003. [Links].

RAMIREZ-VALVERDE, R.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.333-338, 2001. [Links].

SAS INSTITUTE. **SAS OnlineDoc® 9.1.3**. Cary, 2004. [Links].

SILVA, J.A.V.; DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G. Estudo genético da precocidade sexual de novilhas em um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v.34, n.5, p.1568-1572, 2005. [Links].

VARONA, L.; MIZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Threshold-linear versus linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: I. Variance Component Estimation. **Journal of Animal Science,** v.77, p.1994-2002, 1999. [Links].

VAN KAAM, J.B.C.H.M. **Gibanal 2.9: Analyzing Program for Markov Chain Monte Carlo Sequences.** Wageningen: Department of Animal Science / Agricultural University, 1998. [Links].

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

YOKOO, M.J.I.; WERNECK, J.N.W.; PEREIRA, M.C.; ALBUQUERQUE, L.G., KOURY FILHO, W.; SAINZ, R.D.; LÔBO, R.B.; ARAUJO, F.R.C. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** v.44, n.2, p.197-202, 2009. [Links].

Data de recebimento: 15/01/2010
Data de aprovação: 13/07/2010

CAPÍTULO 4 - CONSIDERAÇÕES FINAIS

O melhoramento genético é uma área que exige grande conhecimento por parte do profissional. Está área é bastante interdisciplinar exigindo conhecimentos em biologia, informática, matemática e estatística. Para o desenvolvimento deste projeto foi necessário bastante estudo e o trabalho em equipe foi fundamental para a conclusão deste.

O maior desafio para desenvolver este trabalho foi o escasso material bibliográfico disponível na literatura especializada. Sendo que este conteúdo (modelos limiares em análise genética de dados categóricos) é relativamente recente.

Os resultados obtidos mostraram não haver diferença em análises genéticas utilizando modelos lineares e de limiar para as características categóricas estudas (estrutura corporal, precocidade de terminação e musculosidade), mesmo que os modelos de limiar sejam teoricamente mais adequados para esse tipo de análise. No entanto, como os dados utilizados foram obtidos a campo algumas dúvidas sobre o uso desses modelos para dados de caráter discreto ainda ficaram sem solução, sendo que ainda não foi possível indicar qual modelo gera estimativas mais acuradas.

Neste contexto, propõem-se novos estudos sobre essas metodologias usando dados obtidos por simulação estocástica. Esta simulação permite maior controle da variância dos erros experimentais pertinentes a conjunto de dados desbalanceados, como é o caso das bases de dados obtidas a campo, cenário comum nos programas de melhoramento genético animal.

O uso de avaliações morfológicas por escores visuais é recente, e as estimativas de parâmetros genéticos para as características trabalhadas, nessas avaliações, necessitam de mais estudos para que sejam implementadas em programas de melhoramento genético. Os resultados das estimativas dos parâmetros genéticos obtidos nessa pesquisa, serão de grande valia, fornecendo *priors* informativos para as características trabalhadas e contribuindo para que as futuras análises genéticas realizadas obtenham resultados mais acurados.