

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Parâmetros genéticos para escores visuais de tourinhos Nelore com modelos lineares e de limiar¹

Tiago Luciano Passafaro², Fernanda Santos Silva Raidan², Marina de Paula Aquino²,
Thiago Campos Escarce², Luiz Antonio Josahkian³, Fabio Luiz Buranelo Toral²

¹Apoio financeiro FAPEMIG (PPM 00456-11).

²Departamento de Zootecnia – EV-UFGM, Belo Horizonte. email: tpassafaro@hotmail.com

³Associação Brasileira de Criadores de Zebu, Uberaba.

Resumo: Objetivou-se comparar parâmetros genéticos para escores visuais de estrutura corporal (E), precocidade (P), musculosidade (M), umbigo (U), caracterização racial (R), aprumos (A) e sexualidade (S) e as classificações de tourinhos Nelore de acordo com os valores genéticos obtidos em análises Bayesianas com modelos lineares e de limiar. Dados dos escores visuais de 24.462 tourinhos Nelore, criados em 444 provas de ganho em peso a pasto foram utilizados neste trabalho. Os parâmetros genéticos foram obtidos em análises unicaracterísticas a partir dos modelos lineares e de limiar. Os parâmetros genéticos obtidos pelos dois modelos foram semelhantes. As correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos obtidos para os escores visuais com diferentes modelos foram superiores a 0,99, evidenciando pequenas alterações na classificação dos animais. Modelos lineares ou de limiar podem ser utilizados nas avaliações genéticas dos escores visuais de tourinhos Nelore.

Palavras-Chave: avaliação genética, avaliação visual, bovinos de corte, morfologia

Genetic parameters for visual scores of Nelore young bulls with linear and threshold models

Abstract: This study aimed to compare genetic parameters for visual scores of body structure (E), precocity (P), muscling (M), navel (U), breed character (R), aplomb (A) and sex character (S) and ranking of Nelore young bulls according to breeding values from Bayesian linear and threshold models. Visual scores of 24,462 Nelore young bulls, raised in 444 performance tests, were used in this work. Genetic parameters were obtained from single-trait analysis with linear and threshold models. The genetic parameters were similar for both models. The Pearson and Spearman correlations between breeding values from both models were greater than 0.99, showing minimal changes in the ranking of animals. Genetic evaluation of Nelore young bulls for visual scores can be carried out by linear or threshold models.

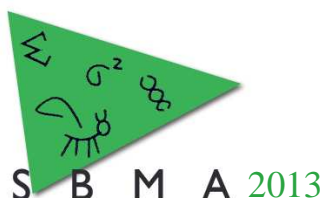
Keywords: beef cattle, genetic evaluation, morphological, visual evaluation

Introdução

A utilização de escores visuais pode ser efetiva no processo de seleção de bovino de corte porque estas características apresentam herdabilidades de média a alta magnitude (Faria et al., 2008 e Pires et al., 2010). Essas variáveis são descontínuas, ou discretas. Portanto, modelos com pressuposições de normalidade, a despeito de sua facilidade de aplicação, não seriam, teoricamente, as melhores opções. Então, uma possível alternativa para avaliação genética dos escores visuais seria a utilização de modelos de limiar. Nesses modelos existe a suposição de que as classes de dados categóricos estão relacionadas a um delineamento de uma escala subjacente normal (Gianola & Sorensen, 2002). Segundo Van Tassel et al. (1998), a seleção baseada nos valores genéticos obtidos com modelos de limiar pode promover maior ganho genético em função da melhor identificação de animais geneticamente superiores e da obtenção de herdabilidades mais altas na escala subjacente. Dessa forma, objetivou-se comparar os parâmetros genéticos para escores visuais e as classificações de tourinhos Nelore de acordo com os valores genéticos obtidos em análises Bayesianas com modelos de limiar e linear.

Material e Métodos

A base de dados foi composta pelos escores visuais de 24.462 tourinhos Nelore, criados em 444 provas de ganho em peso a pasto, e cedida pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu. Os animais foram avaliados visualmente para as características estrutura corporal (E), precocidade (P),



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

musculosidade (M), umbigo (U), caracterização racial (R), aprumos (A) e sexualidade (S). As quatro primeiras características possuem seis classes, com pontuação igual a seis para o escore mais favorável e as três últimas possuem quatro classes. Os parâmetros genéticos foram obtidos com modelos lineares e de limiar. Tanto nos modelos lineares, quanto nos modelos de limiar, foram considerados os efeitos da prova de ganho de peso, a covariável idade do animal aninhada na prova, o efeito genético aditivo direto e o residual. A matriz de parentesco considerada foi composta por 110.297 animais. Amostras das distribuições *a posteriori* de parâmetros (variâncias e valores genéticos) foram obtidas por procedimentos Bayesianos, via amostrador de Gibbs, em análises unicaracterísticas com o programa THRGIBBS1F90 (Tsuruta & Misztal, 2006). O tamanho da cadeia foi de 810.000 ciclos, com descarte dos 10.000 ciclos iniciais e amostragens a cada 200 ciclos. Adicionalmente, foram obtidas as correlações de Pearson e Spearman das médias *a posteriori* dos valores genéticos de todos os animais com avaliações visuais e dos TOP 1% com base nos valores genéticos obtidos com os modelos lineares.

Resultados e Discussão

Em geral, as médias *a posteriori* das variâncias residuais foram menores e, conseqüentemente, as médias *a posteriori* das herdabilidades foram maiores, nos modelos de limiar (Tabela 1). Apesar dessas diferenças numéricas nas médias *a posteriori*, houve sobreposição de todos os intervalos de alta densidade, sugerindo que a utilização de qualquer modelo resultaria em estimativas semelhantes.

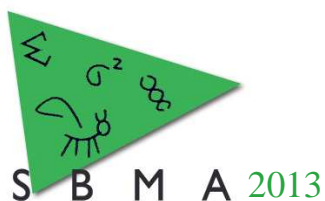
Tabela 1. Médias (intervalo de alta densidade, 95%) *a posteriori* das variâncias genéticas (σ_a^2) e residuais (σ_e^2) e herdabilidades (h^2) de escores visuais¹ de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto obtidas com modelos Bayesianos lineares e de limiar

	σ_a^2		σ_e^2		h^2	
	Linear	Limiar	Linear	Limiar	Linear	Limiar
E	0,23 (0,19; 0,27)	0,25 (0,21; 0,29)	0,55 (0,52; 0,58)	0,50 (0,47; 0,53)	0,30 (0,25; 0,35)	0,33 (0,28; 0,38)
P	0,30 (0,26; 0,34)	0,30 (0,26; 0,35)	0,53 (0,49; 0,56)	0,46 (0,43; 0,49)	0,36 (0,32; 0,41)	0,40 (0,35; 0,45)
M	0,27 (0,23; 0,31)	0,28 (0,24; 0,32)	0,59 (0,55; 0,62)	0,52 (0,49; 0,55)	0,32 (0,27; 0,36)	0,35 (0,30; 0,40)
U	0,30 (0,26; 0,35)	0,31 (0,27; 0,35)	0,47 (0,44; 0,50)	0,39 (0,36; 0,42)	0,39 (0,34; 0,44)	0,44 (0,39; 0,49)
R	0,10 (0,08; 0,12)	0,11 (0,09; 0,13)	0,37 (0,36; 0,39)	0,34 (0,32; 0,36)	0,21 (0,17; 0,24)	0,24 (0,20; 0,29)
A	0,07 (0,06; 0,08)	0,08 (0,07; 0,10)	0,28 (0,27; 0,30)	0,23 (0,22; 0,25)	0,20 (0,16; 0,24)	0,36 (0,21; 0,30)
S	0,13 (0,11; 0,16)	0,18 (0,15; 0,21)	0,36 (0,34; 0,37)	0,35 (0,32; 0,38)	0,27 (0,23; 0,32)	0,34 (0,28; 0,39)

¹E= estrutura corporal; P= precocidade; M= musculosidade; U= umbigo; R= caracterização racial; A= aprumos; e S= sexualidade.

As diferenças entre os modelos lineares e de limiar foram maiores para caracterização racial, aprumos e sexualidade, em relação as diferenças observadas para as outras características. Uma provável explicação para isso é que as distribuições assumidas por R, A e S são mais discrepantes da distribuição normal, em relação as distribuições assumidas para E, P, M e U.

Faria et al. (2008) e Pires et al. (2010), em trabalhos semelhantes a este com bovinos Nelore, encontraram médias *a posteriori* das herdabilidades para estrutura corporal e musculosidade variando entre 0,15 a 0,22, valores estes inferiores aos encontrados no presente trabalho. Pires et al. (2010) obtiveram médias *a posteriori* da herdabilidade de 0,32 para a característica precocidade, resultado similar ao obtido no presente estudo. As médias *a posteriori* para herdabilidade dos escores visuais de E, P, M e U, principalmente, juntamente com a facilidade de obtenção destas medidas, justificam a



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

utilização dessas características como critérios de seleção em programas de melhoramento da raça Nelore. Não foram encontradas estimativas de parâmetros genéticos para os escores de R, A e S. Contudo, os resultados apresentados também respaldam a utilização destas características como critérios de seleção para tourinhos Nelore.

As correlações de Pearson e Spearman entre as médias *a posteriori* dos valores genéticos obtidos pelos dois modelos foram superiores a 0,99 (Tabela 2). Para os animais de maior valor genético (TOP 1%), essas correlações foram, em geral, superiores a 0,94, indicando pequenas alterações na classificação dos animais mediante utilização de modelos lineares ou de limiar.

Tabela 2. Correlações de Pearson e Spearman entre as médias *a posteriori* dos valores genéticos de escores visuais¹ de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto obtidas com modelos Bayesianos lineares e de limiar

	Todos os tourinhos		TOP 1%	
	Pearson	Spearman	Pearson	Spearman
E	0,99762	0,99441	0,97535	0,95267
P	0,99885	0,99710	0,99207	0,98146
M	0,99876	0,99662	0,99276	0,98315
U	0,99909	0,99742	0,99683	0,99120
R	0,99778	0,99317	0,97651	0,94813
A	0,99773	0,99240	0,98943	0,98230
S	0,99545	0,99310	0,95946	0,90401

¹E= estrutura corporal; P= precocidade; M= musculabilidade; U= umbigo; R= caracterização racial; A= apurados; e S= sexualidade.

Conclusões

É possível considerar os escores visuais de estrutura corporal, precocidade, musculatura, umbigo, caracterização racial, apurados e sexualidade como critérios de seleção em programas de melhoramento genético da raça Nelore. Modelos lineares ou de limiar podem ser utilizados para realização de avaliações genéticas dos escores visuais de tourinhos Nelore.

Agradecimentos

À Capes, CNPq, FAPEMIG pelo apoio financeiro, à Associação Brasileira de Criadores de Zebu pela disponibilização dos dados e ao Dr. Ignacy Misztal e colaboradores por permitirem livre acesso ao programa THRGIBBS1F90.

Literatura citada

- 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, p.835-841, 2008.
- GIANOLA, D.; SORENSEN, D. **Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. New York: Springer-Verlag, 2002. 740p.
- PIRES, B.C.; FARIA, C.U.; VIU, M.A.O. et al. 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**, v.11, p.651-666, 2010.
- TSURUTA, S.; MISZTAL, I. THRGIBBS1F90 for estimation of variance components with threshold and linear models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte: Livestock Production, 2006. p.253.
- VAN TASSEL, 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.