

Associação genética de escores de conformação com características de crescimento em bovinos da raça Angus

Dionéia Magda Everling⁽¹⁾, Paulo Roberto Nogara Rorato⁽¹⁾, Ronyere Olegário de Araujo⁽²⁾, Arione Augusti Boligon⁽³⁾, Tiago Bresolin⁽¹⁾, Mariana de Almeida Dornelles⁽¹⁾, Tomas Weber⁽¹⁾, Paulo Santana Pacheco⁽¹⁾ e Leonardo Talavera Campos⁽⁴⁾

⁽¹⁾Universidade Federal de Santa Maria, Avenida Roraima, 1.000, CEP 97105-700 Santa Maria, RS. E-mail : dioneiamagda@yahoo.com.br, rorato@smail.ufsm.br, marizootecnia@hotmail.com, t_bresolin@hotmail.com, samotweber@hotmail.com, pacheco.dz.ufsm@hotmail.com
⁽²⁾Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Campus Universitário Darcy Ribeiro, Caixa Postal 4.508, CEP 70910-970 Brasília, DF. E-mail: ronyereo@yahoo.com.br ⁽³⁾Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Campus Jaboticabal, Via de Acesso Professor Paulo Donato Castellane s/nº, CEP 14884-900 Jaboticabal, SP. E-mail: arioneboligon@yahoo.com.br ⁽⁴⁾Associação Nacional de Criadores Herd Book Collares, Rua Anchieta, 2.043, CEP 96015-420 Pelotas, RS. E-mail: ltcampos@terra.com.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi determinar a associação genética entre escores visuais de conformação e as características de ganho de peso médio diário e de velocidade de crescimento em bovinos da raça Angus à desmama e ao sobreano. Os componentes de covariância foram estimados por modelo animal de análise tetracaracterística, com uso do método de inferência bayesiana, tendo-se assumido o modelo linear para: ganho de peso médio diário do nascimento à desmama (GMD) e da desmama ao sobreano (GMS); e velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama (VD) e da desmama ao sobreano (VS). Um modelo não linear (de limiar) foi utilizado para os escores de conformação à desmama (CD) e ao sobreano (CS). As médias a posteriori, para a herdabilidade direta, foram: $0,12 \pm 0,023$ (CD), $0,15 \pm 0,020$ (GMD), $0,15 \pm 0,024$ (VD), $0,17 \pm 0,020$ (CS), $0,17 \pm 0,023$ (GMS), e $0,17 \pm 0,023$ (VS). A correlação genética variou de $-0,09 \pm 0,11$ a $0,60 \pm 0,06$, entre os escores CD e CS e as características de ganho médio diário de peso e velocidade de ganho de peso. A correlação entre CD e CS foi $0,52 \pm 0,089$. A seleção direta para escores visuais de conformação, ganho médio diário e velocidade de ganho responde de forma lenta à seleção, tanto à desmama como ao sobreano.

Termos para indexação: amostrador de Gibbs, componentes de variância, gado de corte, inferência bayesiana.

Genetic association of conformation scores with growth traits in Angus breed cattle

Abstract – The objective of this work was determine the genetic association between visual scores of conformation and the traits of daily average weight gain and weight gain rate in Angus breed cattle at weaning and yearling. The components of covariance were estimated by a multitrait animal model using the Bayesian inference method, assuming a linear model for: daily average weight gain from birth to weaning (BWG) and from weaning to yearling (WYG); and weight gain rate from birth to weaning (BWR) and from weaning to yearling (WYR). A nonlinear model (threshold) was used for conformation scores at weaning (WC) and at yearling (YC). The a posteriori means for heritability were: 0.12 ± 0.023 (WC), 0.15 ± 0.020 (BWG), 0.15 ± 0.024 (BWR), 0.17 ± 0.020 (YC), 0.17 ± 0.023 (WYG) and 0.17 ± 0.023 (WYR). The genetic correlations ranged from -0.09 ± 0.11 to 0.60 ± 0.06 , between WC, YC, and the daily average weight gain and weight gain rate. The correlation between WC and YC was 0.52 ± 0.089 . The direct selection for visual scores of conformation, average daily gain and weight gain rate respond slowly to selection, both at weaning and yearling.

Index terms: Gibbs' sampler, variance component, beef cattle, Bayesian inference.

Introdução

A falta de padronização e a baixa qualidade da carne bovina, comuns no mercado brasileiro, podem ser creditadas, em parte, à elevada idade ao abate (3,5 anos para machos e acima de 4 anos para fêmeas) bem como ao acabamento e conformação inadequados

(Moizes et al., 2010). A avaliação visual por meio do uso de escores permite identificar animais com maior precocidade de terminação e melhor musculatura e conformação frigorífica (Yokoo et al., 2009).

Estudos relatam correlações genéticas positivas entre escores visuais e características de crescimento e reprodutivas em bovinos de corte (Costa et al.,

2008; Boligon & Albuquerque, 2010; Koury Filho et al., 2010; Pires et al., 2010). Estas informações são importantes, pois permitem prever possíveis mudanças em uma característica, se a seleção for feita direcionada a outra.

O uso de escores visuais tem como principal desvantagem a subjetividade que estes conferem à avaliação. Além disso, por serem características categóricas, a classificação de um animal em uma ou outra classe pode ser difícil. Estimativas de parâmetros genéticos quanto a escores visuais para a raça Angus são escassos, e a metodologia de máxima verossimilhança com uso de modelo linear tem sido a mais utilizada nesse tipo de estudo (Cardoso et al., 2004; Webber et al., 2009a, 2009b). O emprego de modelos de limiar na avaliação genética em programas de melhoramento tem sido incomum, já que eles são mais complexos e demandam mais recursos computacionais do que os lineares (Ferreira, 2008). Atualmente, no entanto, os recursos computacionais existentes permitem utilizar esses modelos na estimação de parâmetros genéticos de características categóricas. Contudo, a literatura nacional ainda carece de estimativas quanto à associação entre características categóricas e contínuas, bem como quanto à correlação entre características produtivas em diferentes fases, determinadas com uso de modelos do tipo limiar-linear.

O objetivo deste trabalho foi determinar a associação genética entre escores visuais de conformação e as características de ganho de peso médio diário e de velocidade de crescimento, em bovinos da raça Angus à desmama e ao sobreano.

Material e Métodos

O trabalho foi desenvolvido com uso de dados de campo, coletados rotineiramente pelo Programa de Melhoramento de Bovinos de Carne – Promebo, Associação Nacional de Criadores Herd Book Collares (Pelotas, RS). Foram considerados para a análise somente os registros de escores visuais de conformação à desmama e ao sobreano. Animais sem registro real de peso de nascimento, sem informação das características em uma das fases (desmama ou sobreano) e, ainda, com paternidade duvidosa, foram excluídos. O arquivo de análise incluiu 13.852 animais da raça Angus, filhos de 382 touros e 9.424 vacas, nascidos entre os anos de 1994 e 2009. A matriz de parentesco foi constituída de 22.290 animais. As características avaliadas foram:

escores visuais de conformação à desmama (CD) e ao sobreano (CS), ganho de peso médio diário do nascimento à desmama (GMD) e da desmama ao sobreano (GMS) e velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama (VD) e da desmama ao sobreano (VS). A estatística descritiva está apresentada na Tabela 1.

Os escores de conformação foram obtidos por meio da análise visual, por um técnico treinado. Os animais receberam pontuação entre um e cinco, em que um representou o grau mínimo e cinco, o grau máximo de expressão do caráter. Na determinação dos escores de conformação, avaliou-se a quantidade de carne na carcaça do animal, por meio do comprimento, profundidade do corpo e desenvolvimento muscular. A nota foi atribuída individualmente, porém foi relativa ao grupo de manejo em que o animal avaliado se encontrava. Assim, em cada grupo de manejo, os animais medianos para cada característica foram usados para comparação, tendo recebido pontuação três.

O ganho médio diário à desmama foi obtido pela razão entre o ganho no período até a desmama e a idade do animal na data da pesagem, pela equação $GMD = (PD - PN)/ID$, em que: GMD é o ganho médio diário do nascimento à desmama, em quilogramas por dia; PD é o peso à desmama; PN é o peso ao nascimento; e ID é a idade à desmama. Da mesma forma, o ganho de peso médio diário da desmama ao sobreano foi obtido pela razão entre o ganho no período e o número de dias entre as pesagens à desmama e ao sobreano, pela fórmula $GMS = (PS - PD)/(IS - ID)$, em que: GMS é o ganho médio diário da desmama ao sobreano, em quilogramas por dia; PS é o peso ao sobreano; PD é o peso à desmama; IS é a idade ao sobreano; e ID é a idade à desmama.

Tabela 1. Dados de desempenho utilizados na estimação dos componentes de variância em bovinos da raça Angus.

Variável	N	Média	DP	Mínimo	Máximo
Peso à desmama (kg)	13.852	176,43	41,92	85,00	350
GMD (kg dia ⁻¹)	13.852	0,67	0,17	0,20	1,47
Idade à desmama (dias)	13.852	213,45	38,45	99,00	300
Conformação à desmama	13.852	3,37	0,93	1,00	5,00
Peso ao sobreano (kg)	13.852	322,69	87,65	145,00	695
GMS (kg dia ⁻¹)	13.852	0,45	0,21	0,08	1,39
Idade ao sobreano (dias)	13.852	541,26	83,04	299,00	767
Conformação ao sobreano	13.852	3,32	0,96	1,00	5,00

GMD, ganho médio diário do nascimento à desmama; GMS, ganho médio diário da desmama ao sobreano; DP, desvio-padrão.

A variável velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama (VD) foi obtida considerando-se um animal com peso de desmama por volta de 190 kg e peso de nascimento de 30 kg. Esse animal, portanto, necessitaria ganhar 160 kg no período entre o nascimento e a desmama (D160). A fórmula utilizada foi $VD = 1.000/(160/GMD)$. O valor 1.000 foi utilizado com o objetivo de normalizar o conjunto de dados e tornar maiores os valores para animais mais precoces em relação aos mais tardios. Da mesma forma, a variável velocidade de ganho de peso da desmama ao sobreano (VS) foi obtida considerando-se um animal desmamado, com peso aproximado de 190 kg. Para que esse animal atingisse, ao sobreano, o peso aproximado de 330 kg – comumente empregado na terminação em sistema intensivo –, ele necessitaria ganhar 140 kg no período pós-desmama (D140). Ao sobreano, a fórmula utilizada foi a seguinte $VS = 1.000/(140/GMS)$.

A velocidade de ganho de peso apresentou distribuição normal contínua, com valores entre 1 (animais mais tardios) e 12 (mais precoces), em que os valores mais elevados são desejáveis.

Foram efetuadas duas análises tetracaracterísticas, tendo-se considerado, sempre, avaliações à desmama e ao sobreano. A primeira incluiu as variáveis CD, CS, GMD e GMS, e a segunda, CD, CS, VD e VS. O efeito da época de nascimento, da desmama e do sobreano, foi dividido em quatro estações: animais nascidos de janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro.

Para a característica CD, foram considerados os efeitos sistemáticos de grupo de contemporâneos à desmama (GCD) (fazenda, sexo, ano de nascimento, estação do nascimento, grupo de manejo à desmama, estação da desmama e ano da desmama), além da idade do bezerro na avaliação (ID) e da idade da mãe (IM), utilizadas como covariáveis (efeitos linear e quadrático). Para CS, os efeitos sistemáticos considerados foram: grupo de contemporâneos ao sobreano (GCS) (fazenda, sexo, estação da desmama, grupo de manejo ao sobreano, estação do sobreano e ano do sobreano), e a idade do animal ao sobreano na avaliação (IS), como covariável (efeitos linear e quadrático).

As equações de modelos mistos em termos matriciais, para obtenção dos valores de BLUP (melhor predição linear não viesada), com modelo animal, podem ser descritas como $y = X\beta + Za + Wm + \varepsilon$, em que: y é o

vetor das observações de cada característica (CD, CS, GMD, GMS, VD e VS); X é a matriz de incidência dos efeitos sistemáticos (GCD, GCS, IM, ID, IS); β é o vetor dos efeitos sistemáticos; Z é a matriz de incidência do efeito genético aditivo direto de cada animal; a é o vetor do efeito genético aditivo direto; W é a matriz de incidência do efeito genético materno; m é o vetor do efeito genético materno; e ε é o vetor de efeitos aleatórios residuais.

Os efeitos maternos foram incluídos apenas no modelo para características à desmama e, portanto, a matriz W e o vetor m ficaram ausentes dos modelos das características mensuradas após a desmama. A idade da mãe ao parto só foi utilizada como covariável para características avaliadas na pré-desmama. O efeito de ambiente permanente materno não foi incluído no modelo, em razão do reduzido número de progênes por vaca (1,47).

A combinação das características no modelo linear-limiar foi realizada com o programa computacional THRGIBBS1F90 (Misztal et al., 2008), que permite o estudo de características contínuas e categóricas na mesma análise, com auxílio da metodologia de inferência bayesiana.

As categorias de y_i (escores de conformação), para cada animal i , foram definidas por U_i na escala subjacente $y_i = (1) t_0 < U_i \leq t_1$; (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) $t_4 < U_i \leq t_5$; para $i = 1, \dots, n$, em que: n é o número de observações; t são os valores de limiares; e U é a variável subjacente não observável, limitada entre dois limiares.

Após as especificações dos limiares t_0 a t_5 , é necessário que um dos limiares (de t_1 a t_4) seja ajustado a uma constante arbitrária. No presente estudo, assim como em Boligon et al. (2009), considerou-se $t_1 = 0$, tal que o vetor de limiares estimáveis foi definido como $t = t_2, t_3$ e t_4 .

Nas análises tetracaracterísticas, que contêm variáveis categóricas e contínuas, de acordo com o enfoque bayesiano, os vetores β , a e m são parâmetros de locação de uma distribuição condicional $y | \beta, a, m$, em que β é considerado o vetor das soluções para os efeitos sistemáticos. No entanto, do ponto de vista bayesiano, β é um vetor aleatório cujos valores de distribuição inicial têm prioris não informativas; portanto, com distribuição de probabilidade uniforme. Aos demais componentes, foram atribuídas distribuições de Wishart invertidas, padrão do programa THRGIBBS1F90

(Misztal et al., 2008). A distribuição de y , dados os parâmetros de locação e escala, foi considerada como $y | \beta, a, m, R \sim N [X\beta + Za + Wm + IR]$, em que: y é o vetor das observações de cada característica; β é o vetor dos efeitos sistemáticos; a é o vetor do efeito genético aditivo direto; m é o vetor do efeito genético materno; R é o vetor de efeitos residuais; X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; Z é a matriz de incidência do efeito genético aditivo direto de cada animal; W é a matriz de incidência do efeito genético materno; e I é a matriz identidade.

Para a obtenção de amostras independentes, ou não correlacionadas, é necessário que se eliminem resultados de ciclos intermediários da cadeia amostral. O intervalo de retirada das amostras foi denominado intervalo de utilização amostral, com tamanho suficiente para que as amostras utilizadas não fossem correlacionadas (Faria et al., 2007). O período de descarte e o intervalo de utilização de amostragem foram efetuados de acordo com o teste de Raftery & Lewis, tendo-se utilizado o pacote Bayesian output analysis (BOA) do programa R, versão 2.10.1 (Smith, 1997). A inspeção visual do gráfico de série temporal das amostras de variância também foi utilizada para determinar o descarte amostral inicial.

Foram efetuadas duas análises tetracaracterísticas, tendo-se considerado os escores como variáveis categóricas e o ganho médio diário e a velocidade de crescimento como variáveis contínuas. Uma cadeia de 600 mil iterações foi implementada. Nessa primeira etapa, foram armazenadas amostras a cada 40 iterações, para evitar que o arquivo gerado fosse muito grande.

O segundo descarte amostral foi efetuado com o programa PostGibbsF90 (Misztal et al., 2008). Nessa etapa, foram descartadas 100 mil amostras iniciais. O intervalo de utilização de amostragem foi de 120, e foram obtidas 4.167 amostras de covariâncias para fazer a inferência. Essas amostras de covariâncias foram editoradas para que se calculassem as estimativas das herdabilidades e as correlações genéticas para as características estudadas. O arquivo gerado foi submetido à análise pelo programa Gibanal (Van Kaam, 1998), para se proceder ao diagnóstico de convergência da cadeia e para a obtenção de: número efetivo de amostras, densidades conjuntas a posteriori e estatísticas descritivas. A convergência da cadeia de Markov foi verificada por meio dos critérios de Heidelberger & Welch e pelo critério de Geweke, para

as colunas que representam os valores das variâncias de todas as características, por meio do pacote BOA, do programa R versão 2.10.1 (Smith, 1997).

Correlações de Spearman foram determinadas para todos os reprodutores (touros) do banco de dados – já que estes são os animais utilizados mais intensamente na população –, para verificar o grau de associação entre as posições de classificações dos animais (rank dos valores genéticos) e entre as características de GMD e VD e de GMS e VS.

Resultados e Discussão

Embora o teste para determinação do período de descarte inicial, fornecido de acordo com o critério de Raftery & Lewis, tenha sido de 10 mil iterações, pela inspeção gráfica visual optou-se pelo descarte das 100 mil primeiras iterações, visto que as variâncias médias da conformação apresentaram aumento crescente, tendo-se estabilizado somente após este período (Figura 1). Para as outras características, as médias das amostras de variância foram constantes durante todos os ciclos. Verifica-se que a cadeia muda rapidamente em relação a seu valor inicial para a região de interesse e, como não permanece sempre no mesmo ponto e seus valores oscilam dentro de um mesmo espaço, há indício de convergência.

Nas avaliações genéticas para todas as características, as médias, modas e medianas das estimativas dos parâmetros estimados foram próximas, o que indica simetria das distribuições a posteriori (Tabela 2). Outro indício de que houve convergência da cadeia foi o erro de Monte Carlo (EMC) para as estimativas de herdabilidade, que foi pequeno em todas as análises e indica que o tamanho da cadeia de Gibbs foi suficiente para obter estimativas precisas das médias a posteriori (Tabela 2, 3 e 4).

No presente estudo, a média foi utilizada como medida de tendência central da distribuição a posteriori dos parâmetros, para a apresentação dos resultados e discussão. Com relação às estimativas de herdabilidade, a amplitude dos maiores intervalos de densidade a posteriori, com 95% das observações, foi pequena para a maioria das características.

As herdabilidades diretas estimadas para a conformação à desmama foram de magnitude baixa, inferiores às obtidas para o sobreano. Segundo Cardoso et al. (2004), a baixa estimativa de herdabilidade para

escore de conformação pode ocorrer, possivelmente, pelo fato de esta característica não ter uma definição específica e pela subjetividade da avaliação, que pode ser feita de forma inconsistente por diferentes técnicos. Estes valores sugerem que esta característica deve responder lentamente à seleção e, se for considerada a mesma acurácia e intensidade de seleção para ambas as idades (desmama e sobreano), maior resposta à seleção deve ser obtida ao sobreano (Tabela 2).

Com informações de animais da raça Aberdeen Angus, Weber et al. (2009a) relataram herdabilidade direta de 0,15 para conformação à desmama um pouco superior à observada no presente estudo. Araújo et al. (2010) relataram, em estudo com dados de bovinos resultantes do cruzamento entre as raças Angus e Nelore, estimativas de herdabilidade para conformação à desmama – por inferência bayesiana – levemente superiores às estimadas pelo presente estudo (0,16

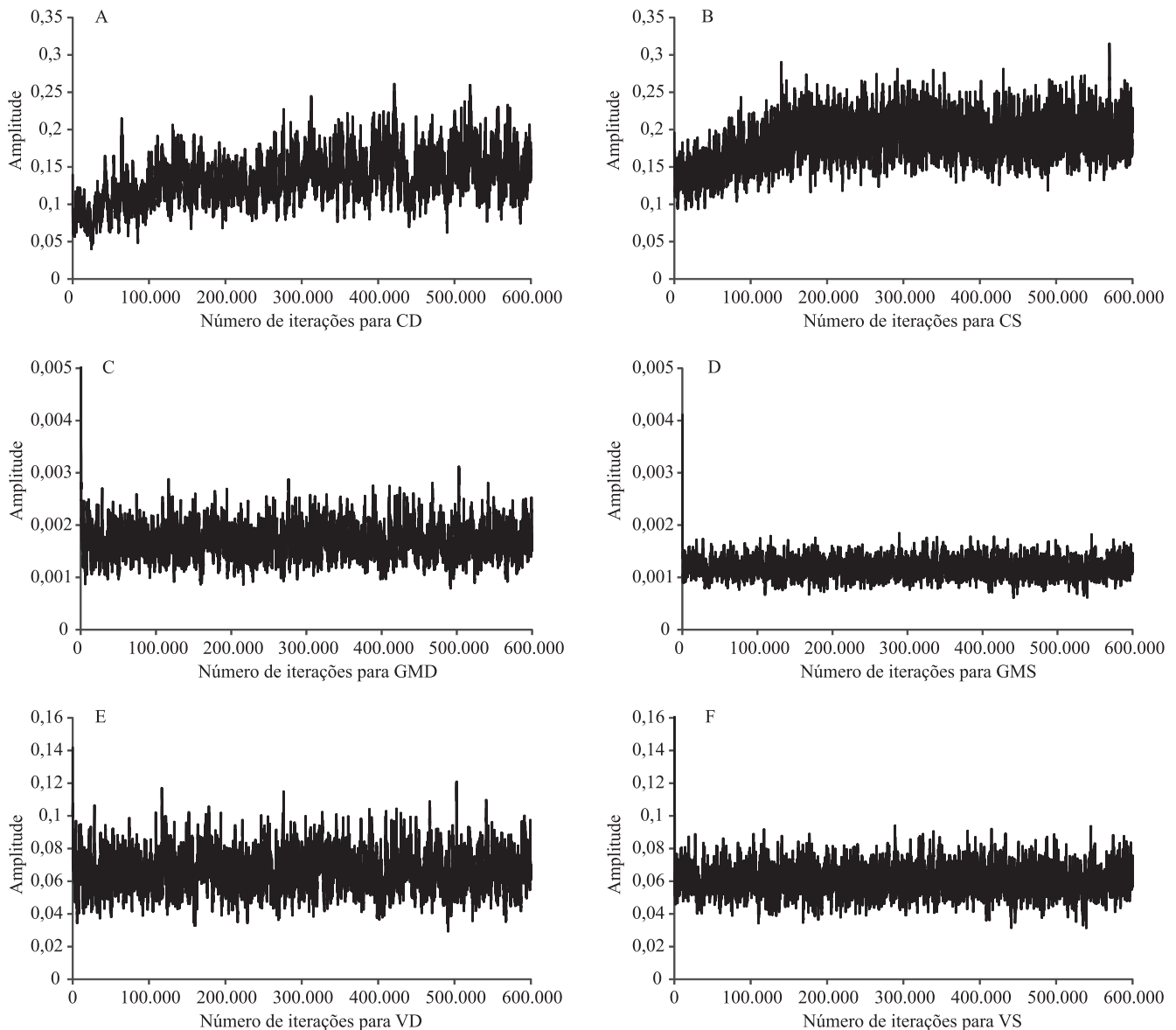


Figura 1. Histórico de amostragens de variância, geradas pela cadeia de Gibbs, para as características: A, conformação à desmama (CD); B, conformação ao sobreano (CS); C, ganho médio diário do nascimento à desmama (GMD); D, ganho médio diário da desmama ao sobreano (GMS); E, velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama (VD); e F, velocidade de ganho de peso da desmama ao sobreano (VS), em uma cadeia de 600 mil iterações.

para efeito direto e 0,09 para efeito materno). Cardoso et al. (2001) estimaram parâmetros genéticos de bezerras Angus, criadas no Estado do Rio Grande do Sul, e obtiveram maiores estimativas de herdabilidade para conformação à desmama (0,18); estes autores estimaram os componentes de variância e covariância

por meio do método da máxima verossimilhança restrita livre de derivadas e não incluíram no modelo de análise o efeito materno, visto que este, em análise prévia dos dados, apresentou valores de herdabilidade próximos de zero.

No presente estudo, optou-se por incluir o efeito materno. Mesmo que a herdabilidade tenha sido de baixa magnitude (0,08), ela representou 40% da herdabilidade total obtida para conformação à desmama (0,20). Portanto, o efeito genético materno não deve ser desconsiderado em análises de escores visuais à desmama de bovinos da raça Angus. Segundo Meyer (1992), o emprego de modelos que não consideram os efeitos maternos, para características medidas até a desmama, pode resultar em maiores valores de variância genética aditiva direta e, conseqüentemente, em superestimação da herdabilidade relativa ao efeito direto. Estas constatações sugerem que a inclusão desse efeito é indispensável para o conhecimento de suas associações genéticas com outras características. Os diferentes modelos de estimação podem também justificar a diferença de magnitude nas estimativas de herdabilidade encontradas, pois a inclusão de efeitos maternos no modelo tende a afetar a estimativa da variância genética aditiva, a depender da correlação entre efeitos genéticos diretos e maternos na população estudada (Cardoso et al., 2004).

O ganho médio diário e o número de dias para ganhar 160 kg do nascimento à desmama são duas medidas

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade quanto a características de crescimento e de conformação à desmama e ao sobreano, em bovinos da raça Angus, obtidas em análises tetracaracterísticas de 4.167 amostras de covariâncias.

Parâmetros ⁽¹⁾	Média	Moda	Mediana	RC (95%)	EMC
Desmama					
h ² _d CD	0,123±0,023	0,125	0,123	0,084–0,169	0,0003
h ² _m CD	0,079±0,015	0,077	0,078	0,052–0,111	0,0002
h ² _d GMD	0,153±0,024	0,158	0,154	0,108–0,205	0,0004
h ² _m GMD	0,187±0,022	0,188	0,187	0,143–0,230	0,0004
h ² _d VD	0,153±0,026	0,156	0,153	0,107–0,204	0,0004
h ² _m VD	0,188±0,023	0,188	0,187	0,144–0,231	0,0003
Sobreano					
h ² _d CS	0,173±0,020	0,171	0,173	0,134–0,216	0,0003
h ² _d GMS	0,167±0,023	0,165	0,167	0,124–0,213	0,0003
h ² _d VS	0,168±0,023	0,164	0,167	0,124–0,214	0,0004

⁽¹⁾h²_d, herdabilidade direta; h²_m, herdabilidade materna. RC, região de credibilidade; CD, escore de conformação à desmama; GMD, ganho médio diário de peso do nascimento à desmama; VD, velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama; CS, conformação ao sobreano; GMS, ganho médio diário de peso da desmama ao sobreano; VS, velocidade de ganho de peso da desmama ao sobreano; EMC, erro de Monte Carlo.

Tabela 3. Correlações genéticas entre características de crescimento e escores visuais de conformação à desmama, em bovinos da raça Angus, obtidas em análises tetracaracterísticas de 4.167 amostras de covariâncias.

Característica	Média	Moda	Mediana	RC (95%)	EMC
Desmama					
CD–CDm	-0,374±0,121	-0,396	-0,383	-0,587–0,114	0,0018
CD–GMD	0,418±0,100	0,438	0,421	0,211–0,614	0,0016
CD–GMDm	-0,454±0,121	-0,466	-0,463	-0,672–0,223	0,0018
CD–VD	0,427±0,094	0,427	0,429	0,211–0,610	0,0016
CD–VDm	-0,479±0,107	-0,479	-0,482	-0,686–0,239	0,0017
Sobreano					
CD–CS	0,524±0,089	0,515	0,524	0,321–0,684	0,0014
CD–GMS	-0,057±0,126	-0,054	-0,055	-0,307–0,160	0,0018
CD–VS	-0,092±0,112	-0,094	-0,091	-0,324–0,130	0,0018

⁽¹⁾CD, escore de conformação à desmama; m, efeito materno; GMD, ganho médio diário do nascimento à desmama; VD, velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama; CS, conformação ao sobreano; GMS, ganho médio diário de peso da desmama ao sobreano; VS, velocidade de ganho de peso da desmama ao sobreano; RC, região de credibilidade; EMC, erro de Monte Carlo.

Tabela 4. Estimativas de correlações genéticas entre as características de crescimento e escores de conformação ao sobreano, em bovinos da raça Angus, obtidas por análises tetracaracterísticas de 4.167 amostras de covariâncias.

Característica	Média	Moda	Mediana	RC (95%)	EMC
Desmama					
CS–CDm	0,456±0,089	0,450	0,452	0,262–0,632	0,0015
CS–GMD	0,219±0,111	0,222	0,220	-0,009–0,434	0,0017
CS–GMDm	0,250±0,083	0,228	0,244	0,083–0,417	0,0013
CS–VD	0,211±0,063	0,222	0,214	-0,007–0,430	0,0017
CS–VDm	0,244±0,085	0,247	0,247	0,070–0,400	0,0013
Sobreano					
CS–GMS	0,591±0,065	0,601	0,595	0,454–0,705	0,0010
CS–VS	0,601±0,063	0,620	0,606	0,468–0,711	0,0010

⁽¹⁾CS, conformação ao sobreano; m, efeito materno; CD, escore de conformação à desmama; GMD, ganho médio diário do nascimento à desmama; VD, velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama; GMS, ganho médio diário de peso da desmama ao sobreano; VS, velocidade de ganho de peso da desmama ao sobreano; RC, região de credibilidade; EMC, erro de Monte Carlo.

do mesmo parâmetro biológico: taxa de crescimento (Ortiz Peña et al., 2004). No presente estudo, as estimativas de herdabilidade diretas e maternas foram iguais para estas características de crescimento à desmama (Tabela 2). Da mesma forma, ao sobreano, as herdabilidades estimadas para GMS e VS foram muito próximas e, portanto, devem responder de forma semelhante, se a seleção for realizada considerando-se ganho de peso médio diário ou velocidade para ganho de peso, o que indica que a inclusão de uma delas como critério de seleção é suficiente para esta população. Isso pode ser visualizado no gráfico de dispersão da classificação dos reprodutores (Figura 2). Os pontos estão praticamente sobrepostos, o que indica pouca alteração no posicionamento dos reprodutores, se for considerada uma característica ou outra. A correlação de Spearman entre as classificações dos touros, de acordo

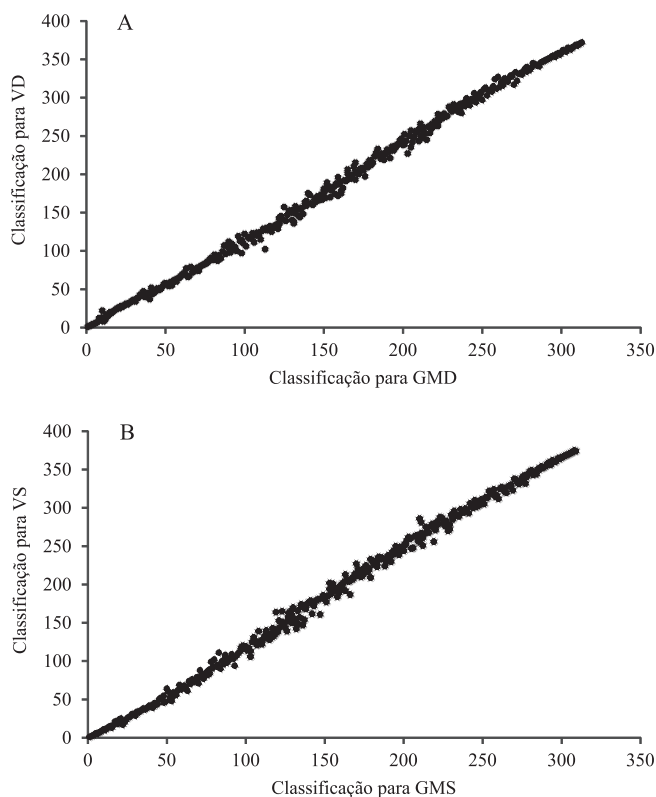


Figura 2. Diagrama de dispersão dos valores genéticos diretos de 382 reprodutores da raça Angus para: A, ganho médio diário de peso do nascimento à desmama (GMD) e velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama (VD); e B, ganho médio diário de peso da desmama ao sobreano (GMS) e velocidade de ganho de peso da desmama ao sobreano (VS).

com o valor genético, é próxima de 1. Portanto, não há necessidade de se calcular o valor genético dos animais para estas duas características e, por praticidade, o ganho médio diário é o mais indicado.

As correlações genéticas estimadas entre CD e as características de crescimento medidas ao sobreano foram praticamente nulas (Tabela 3). Entretanto a correlação entre CD e CS foi moderada e positiva, o que, em parte, indica que os genes que influenciam o desempenho dos animais para conformação à desmama também influenciam esta característica ao sobreano.

Vários autores questionam a utilização dos escores visuais à desmama e ao sobreano (Cardoso et al., 2004; Koury Filho et al., 2010), em razão da alta correlação genética entre as duas fases. Segundo Koury Filho et al. (2010), a seleção para escores visuais obtidos em determinada idade provavelmente implicará respostas correlacionadas positivas para as mesmas medidas tomadas nas demais idades. Porém, no presente estudo, a baixa estimativa de herdabilidade obtida para o escore de conformação, em ambas as idades, deve ser considerada, visto que o ganho genético poderá ser muito reduzido. Segundo Forni et al. (2007), os escores visuais sofrem grande influência do ambiente; assim, respostas de pequena magnitude à seleção direta devem ser esperadas, especialmente à desmama. Segundo Cardoso et al. (2004), a correlação genética elevada entre os escores visuais em idades distintas indica que eles podem ser considerados um mesmo caráter, medido em duas fases do crescimento. No presente estudo, esta correlação não foi muito expressiva, o que é indicativo de que coletas fenotípicas de escores visuais de conformação devem ser feitas à desmama e ao sobreano.

Além disso, ao sobreano, as características morfológicas podem ser mais bem avaliadas pelo potencial genético do próprio indivíduo, sem grande influência de efeitos maternos (Koury Filho et al., 2010). Esta fase também é importante, pois animais com melhor escore de conformação ao sobreano podem chegar mais cedo ao produto desejado pelo frigorífico.

A correlação genética dos escores de conformação com GMD e VD foi similar (Tabela 3), e o mesmo ocorreu ao sobreano (Tabela 4). Logo, a resposta correlacionada para conformação deve ser a mesma, se a seleção for direcionada para ganho médio diário ou para velocidade de crescimento, uma vez que as herdabilidades estimadas para as características de crescimento foram de igual magnitude.

As correlações genéticas entre conformação à desmama e os efeitos maternos, para as características de crescimento, foram negativas e de média magnitude (Tabela 3). Portanto, touros com maior valor genético para efeito materno terão menor valor para o efeito direto, para esta característica. Souza et al. (2008) verificaram tendência genética negativa para o efeito materno em bovinos da raça Nelore, o que torna importante o acompanhamento da habilidade materna como ferramenta complementar para que não ocorra seleção negativa quanto a essa característica, quando outras características negativamente correlacionadas são objetivo de seleção. Uma alternativa pode ser a seleção quanto a CS, que apresenta correlação positiva com o efeito materno (Tabela 4). Embora de baixa magnitude, essa correlação é importante, pois a seleção de reprodutores com maior valor genético para CS selecionaria, de forma indireta, animais com maior valor genético para o efeito materno até a desmama. Portanto, não ocorrem perdas genéticas de efeito materno, para as características de crescimento, se a seleção for direcionada para escores de conformação ao sobreano.

As correlações genéticas estimadas entre CS e a maioria das características avaliadas à desmama foram medianas e positivas (Tabela 4). A correlação de CS com as características de crescimento foi favorável também ao sobreano, o que indica que grande parte dos genes que afetam favoravelmente os escores de conformação ao sobreano atuam favoravelmente sobre as características de ganho médio diário de peso ou velocidade de ganho de peso à desmama e ao sobreano. Assim, se na população estudada forem utilizados mais intensamente animais com os melhores valores genéticos para CS, pode-se obter ganho genético para as características de crescimento, tanto ao sobreano como à desmama, inclusive para efeito materno.

Conclusões

1. A seleção quanto ao ganho médio diário ou à velocidade de ganho de peso possibilita ganhos genéticos de igual magnitude.

2. Para os escores de conformação são esperadas respostas correlacionadas de igual magnitude, com a seleção tanto para ganho médio diário quanto para velocidade de ganho de peso.

3. A seleção quanto aos escores de conformação à desmama deve ser realizada de forma que não ocorram perdas genéticas de efeito materno nas características de crescimento avaliadas nesta fase.

4. A seleção quanto aos escores de conformação ao sobreano promove ganho genético para as características de crescimento à desmama e ao sobreano, e para o efeito materno.

Agradecimentos

A Associação Nacional de Criadores Herd Book Collares, pelo fornecimento do banco de dados; à Universidade de São Paulo, Departamento de Zootecnia, Pirassununga, SP, e à Universidade Federal de Santa Maria, Departamento de Física, onde foram analisados os dados referentes a este estudo; e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, por concessão de bolsa.

Referências

- ARAÚJO, R.O. de; RORATO, P.R.N.; WEBER, T.; EVERLING, D.M.; LOPES, J.S.; DORNELLES, M. de A. Genetic parameters and phenotypic and genetic trends for weight at weaning and visual scores during this phase estimated for Angus-Nellore crossbred young bulls. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.2398-2408, 2010.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G. de. Correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas em bovinos Nelore usando inferência bayesiana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.1412-1418, 2010.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G. de; MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.2320-2326, 2009.
- CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.313-319, 2004.
- CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.L.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerros criados no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.41-48, 2001.
- COSTA, G.Z.; QUEIROZ, S.A.; OLIVEIRA, J.A.; FRIES, L.A. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de escores visuais e de ganho médio de peso do nascimento à desmama de bovinos formadores da raça Brangus. **Ars Veterinaria**, v.24, p.172-176, 2008.
- FARIA, C.U. de; MAGNABOSCO, C. de U.; LOS REYES, A. de; 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**, v.8, p.75-86, 2007.
- FERREIRA, W.J. Avaliação genética de animais para características categóricas – uma revisão. **Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia**, v.11, p.121-128, 2008.
- FORNI, S.; FEDERICI, J. de F.; ALBUQUERQUE, L.G. de. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura à desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.572-577, 2007.
- KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G. de; FORNI, S.; SILVA, J.A. II de V.; YOKOO M.J.; ALENCAR, M.M. de. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.1015-1022, 2010.
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.31, p.179-204, 1992.
- MISZTAL, I. **BLUPF90 family of programs**. 2008. Available at: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>>. Accessed on: 10 May 2011.
- MOIZES, F.A.F.; ROSSI JUNIOR, P.; SCHUNTZEMBERGER, A.M.S.; PADILHA JUNIOR, J.B. A carne bovina ainda tem baixa qualidade. In: ANUALPEC 2010: anuário da pecuária brasileira. São Paulo: FNP, 2010. p.37-41.
- ORTIZ PEÑA, C.D.; CARVALHEIRO, R.; QUEIROZ, S.A. de; FRIES, L.A. Comparison of selection criteria for pre-weaning growth traits of Nelore cattle. **Livestock Production Science**, v.86, p.163-167, 2004.
- 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 Reprodução Animal**, v.11, p.651-661, 2010.
- SMITH, B.J. boa: an R package for MCMC output convergence assessment and posterior inference. **Journal of Statistical Software**, v.21, p.1-37, 2007.
- SOUZA, J.C. de; SILVA, L.O.C. da; SIMÕES, G.H.; TOSCANO MOSER, J.; OSTAPECHEN, J.; NICOLAU PINTO, P.H.; RUVIERO, V.; MALHADO, C.H.M.; FERRAZ FILHO, P.B., FREITAS, J.A. de; SERENO, J.R.B. Tendências ambientais e genéticas para características produtivas de bovinos da raça Nelore. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.16, p.85-90, 2008.
- VAN KAAM, J.B.C.H.M. **Gibanal 2.9**: analyzing program for Markov chain Monte Carlo sequences. Wageningen: Wageningen Agricultural University, 1998.
- WEBER, T.; RORATO, P.R.N.; LOPES, J.S.; COMIN, J.G.; DORNELLES, M. de A.; ARAÚJO, R.O. de. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas e de conformação na fase pré-desmama em uma população da raça Aberdeen Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.832-842, 2009a.
- WEBER, T.; RORATO, P.R.N.; LOPES, J.S.; COMIN, J.G.; DORNELLES, M. de A.; ARAÚJO, R.O. de. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para escores visuais na fase pós-desmama de bovinos da raça Aberdeen Angus. **Ciência Rural**, v.39, p.832-837, 2009b.
- YOKOO, M.J.I.; WERNECK, J.N.; PEREIRA, M.C.; ALBUQUERQUE, L.G. de; KOURY FILHO, W.; SAINZ, R.D.; LOBO, R.B.; ARAÚJO, F.R. da C. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.197-202, 2009.

Recebido em 30 de maio de 2012 e aprovado em 28 de setembro de 2012