



## Inferência bayesiana na estimação de parâmetros genéticos para escores visuais de bovinos da raça Nelore obtidos pelo método SAM

Carina Ubirajara de Faria<sup>1,5</sup>, William Koury Filho<sup>2,5</sup>, Cláudio Uihôa Magnabosco<sup>3,5</sup>, Lúcia Galvão de Albuquerque<sup>4,5</sup>, Bruno Carlos Pires<sup>1</sup>, Fernando José dos Santos Dias<sup>1</sup>, Raysildo Barbosa Lôbo<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Goiás, Campus de Jataí, GO. E-mail: [carina@jatai.ufg.br](mailto:carina@jatai.ufg.br)

<sup>2</sup>Brasilcomz, Jaboticabal, SP.

<sup>3</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

<sup>4</sup>Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP.

<sup>5</sup>Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, SP.

**Resumo:** O objetivo deste trabalho foi estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos para os escores visuais que compõem o Sistema de Avaliação Morfológica (SAM), como estrutura corporal (E), precocidade (P) e musculosidade (M) de bovinos da raça Nelore avaliados ao desmame e ao sobreano, considerando modelos bayesianos de limiar. Foram utilizados 8.056 dados de escores visuais ao desmame e ao sobreano, de bovinos da raça Nelore, que pertenciam a rebanhos participantes do Programa Nelore Brasil. Os parâmetros genéticos foram estimados mediante análises bi-características sob modelo animal de limiar, utilizando a estatística bayesiana. As estimativas de herdabilidades para E, P e M foram de 0,68, 0,65 e 0,62 (ao desmame), e de 0,44, 0,38 e 0,32 (ao sobreano), respectivamente. Os escores visuais do Sistema de Avaliação Morfológica (SAM) avaliados ao desmame e ao sobreano podem ser utilizados na composição de novos índices de seleção, pois apresentaram variabilidade genética suficiente para promover progresso genético.

**Palavras-chave:** características morfológicas, modelo de limiar, seleção, zebu

### Bayesian inference in the genetic parameters estimation for visual scores in the beef cattle using SAM methodology

**Abstract:** The aim of this paper is to estimate the components of variance and genetic parameters for the visual scores which constitute the Morphological Evaluation System such as body structure (S), precocity (P) and musculature (M) in Nelore beef cattle at weaning and at yearling, using threshold models. It was used information from visual scores of 8.056 animals evaluated at weaning and at yearling. The animals were from the Nelore breed and belonged to herds which took part in the Nelore Brazil Program. The genetic parameters were estimated through two-trait analyses under the threshold animal model, using bayesian statistic. The estimates of heritability for S, P and M were of 0.68, 0.65 and 0.62 (at weaning) and 0.44, 0.38 and 0.32 (at yearling), respectively. The visual scores from the Morphological Evaluation System evaluated at weaning and at yearling might be used in the composition of new indexes of selection, as they presented sufficient genetic variability to promote genetic progress.

**Keywords:** morphological traits, threshold model, selection, zebu

### Introdução

A tendência do mercado é buscar animais mais precoces e viáveis economicamente, que permaneçam menos tempo nas pastagens ou confinamentos, encurtando o ciclo de produção. Neste contexto, a Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) e a Brasilcomz desenvolveram o Sistema de Avaliação Morfológica (SAM) que aplica modernos procedimentos na coleta de dados de escores visuais para as características de estrutura corporal (E), precocidade (P), musculosidade (M) e umbigo (U), visando à avaliação genética e, conseqüentemente, a geração de novos índices de seleção. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos para os escores visuais que compõem o Sistema de Avaliação Morfológica (SAM), para bovinos da raça Nelore ao desmame e ao sobreano, considerando modelos bayesianos de limiar.

### Material e Métodos

Foram utilizadas as informações de escores visuais de 5.407 animais avaliados ao desmame e 2.649 animais avaliados ao sobreano. Os animais eram da raça Nelore e pertenciam a rebanhos

participantes do Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). As características de escores visuais avaliadas no presente trabalho compõem o Sistema de Avaliação Morfológica (SAM), em que (Koury Filho, 2005): para estrutura corporal (E) avalia-se o comprimento corporal e a altura do animal; em precocidade (P) avalia-se a relação entre a profundidade de costelas e altura de membros; e musculosidade (M) verifica-se a distribuição muscular do animal, além do volume e comprimento dos músculos. Para cada variável, os animais podem obter escores de um a seis pontos.

Para a consistência dos dados das características morfológicas, o intervalo de idade dos animais seguiu uma variação de 150 a 270 dias em relação aos 210 dias (sete meses de idade) e 490 a 610 dias em relação aos 550 dias (18 meses de idade). O peso aos 120 dias (P120) foi incluído nas análises (característica âncora) com intuito de minimizar os efeitos de seleção para os escores visuais. Os parâmetros genéticos das características de escores visuais foram estimados mediante análises bi-características sob modelo animal de limiar, utilizando a estatística bayesiana por meio do aplicativo *MTGSAM Threshold (Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models)* desenvolvido por Van Tassel et al. (1998). O modelo completo pode ser representado em notação matricial como:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2p + Z_3c + e$$

Em que  $y$  é o vetor das observações (características contínuas e categóricas),  $\beta$  é o vetor dos efeitos fixos (sexo e classe de idade da vaca ao parto para características morfológicas, grupo de contemporâneos para peso aos 120 dias),  $a$  é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos diretos de cada animal,  $p$  é o vetor de efeitos aleatórios não correlacionados de ambiente permanente materno,  $c$  é o vetor de efeitos aleatórios não correlacionados de grupos contemporâneos, e  $e$  o vetor de efeitos aleatórios residuais, e  $X$ ,  $Z_1$ ,  $Z_2$  e  $Z_3$  são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos e aos efeitos aleatórios genético aditivo direto e não correlacionados (ambiente permanente materno e grupo de contemporâneos), respectivamente. O arquivo de genealogia incluiu 26.893 animais da raça Nelore.

Na implementação da Amostragem de Gibbs, foi utilizado um tamanho de cadeia inicial 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 iniciais. Em seguida, foi dada continuidade à análise, sendo adicionados 100.000 ciclos a cada rodada, até que as estimativas obtidas na última análise fossem as mesmas obtidas na análise anterior.

### Resultados e Discussão

A estatística descritiva dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as características morfológicas avaliadas pelo método SAM ao desmame e ao sobreano é apresentada na Tabela 1. Verificou-se que as estimativas de herdabilidade ao desmame para E, P e M foram de alta magnitude, assim, espera-se que tais características respondam positivamente à seleção direta. Além disso, essas estimativas evidenciam a grande variabilidade genética para os escores visuais, que se justifica pelas diferenças de biótipos ou tipos morfológicos existentes na raça Nelore. Ao sobreano, as estimativas de herdabilidades também foram de alta magnitude para E, P e M, porém de menor magnitude quando comparadas às estimativas obtidas ao desmame. Estes resultados corroboram com a literatura (Koury Filho, 2005; Faria et al., 2008) que relataram que os escores visuais, avaliados ao sobreano, respondem à seleção direta.

Em relação à aplicação dos modelos bayesianos de limiar, observou-se que a média, moda e mediana das estimativas de parâmetros genéticos foram similares para todas as características morfológicas avaliadas ao desmame e sobreano. Tais resultados indicam que a convergência da cadeia de Gibbs foi atingida, sendo que as distribuições marginais posteriores dos componentes de (co)variância tenderam a uma distribuição normal. Destaca-se que a simetria das estimativas de medidas de tendência central é um indicativo da convergência da cadeia amostral e de uma análise acurada (Silva et al., 2005).

De modo geral, espera-se que a seleção direta para os escores visuais leve à resposta correlacionada positiva ao peso padronizado aos 120 dias de idade (Tabela 1). No entanto, é importante verificar, que ao sobreano, a estimativa de correlação genética para E foi a de maior magnitude, o que era esperado, pois a característica estrutura corporal (E) está relacionada com o tamanho do animal, o que leva a inferir que as duas características (estrutura corporal e peso) são influenciadas, em grande parte, pelos mesmos conjuntos de genes. O mesmo não ocorre com M, em que a estimativa de correlação genética foi de 0,72 sendo, ainda, de menor magnitude para P (0,62), o que já era esperado, pois a característica P relaciona a profundidade de costelas com a altura de membros e, desta forma, tem menor associação com o peso (P120) do que E. Estes resultados também evidenciam que o método SAM de avaliação visual foi eficiente na definição de estrutura corporal (E), precocidade (P) e musculosidade (M), identificando, corretamente, as especificações de cada uma das características.

No entanto, observou-se que as estimativas de correlações genéticas entre o peso padronizado aos 120 dias (P120) e os escores visuais avaliados ao desmame foram de alta magnitude para todas as

características morfológicas. Com base nestes resultados, pode-se inferir que ao desmame, as características morfológicas de estrutura corporal (E), precocidade (P) e musculosidade (M) podem não estar devidamente expressas geneticamente, e as diferenças entre elas, não evidenciadas totalmente. Porém, torna-se necessário a inclusão dos escores visuais como critérios de seleção, em pelo menos duas fases de vida do animal, ao desmame e ao sobreano.

Tabela 1 Estimativas de parâmetros genéticos para as características de estrutura corporal (E), precocidade (P) e musculosidade (M) avaliadas pelo método SAM ao desmame e ao sobreano, obtidas por meio de análises bayesianas sob modelo animal de limiar.

Característica	Desmame				Sobreano			
	Média	Moda	Mediana	RC	Média	Moda	Mediana	RC
Estrutura Corporal (E)								
$\sigma_a^2$	2,81	2,82	2,81	2,36 a 3,27	1,24	1,20	1,21	0,88 a 1,74
$\sigma_p^2$	0,19	0,19	0,19	0,19 a 0,19	-	-	-	-
$\sigma_c^2$	0,33	0,30	0,32	0,21 a 0,49	0,56	0,53	0,54	0,30 a 0,91
$h^2$	0,68	0,68	0,68	0,63 a 0,74	0,44	0,44	0,44	0,35 a 0,52
$p^2$	0,04	0,04	0,04	0,04 a 0,04	-	-	-	-
$c^2$	0,08	0,08	0,08	0,05 a 0,11	0,19	0,19	0,19	0,11 a 0,28
$r_g$	0,92	0,92	0,92	0,90 a 0,94	0,94	0,94	0,94	0,88 a 0,98
Precocidade (P)								
$\sigma_a^2$	2,41	2,48	2,42	1,98 a 2,83	0,83	0,82	0,83	0,54 a 1,15
$\sigma_p^2$	0,12	0,12	0,12	0,03 a 0,21	-	-	-	-
$\sigma_c^2$	0,16	0,15	0,15	0,07 a 0,30	0,31	0,27	0,29	0,14 a 0,59
$h^2$	0,65	0,65	0,65	0,60 a 0,70	0,38	0,40	0,39	0,29 a 0,47
$p^2$	0,03	0,03	0,03	0,00 a 0,05	-	-	-	-
$c^2$	0,04	0,04	0,04	0,02 a 0,07	0,14	0,14	0,14	0,07 a 0,23
$r_g$	0,94	0,94	0,94	0,91 a 0,96	0,62	0,62	0,62	0,51 a 0,72
Musculosidade (M)								
$\sigma_a^2$	2,07	2,08	2,07	1,94 a 2,19	0,70	0,67	0,69	0,44 a 1,04
$\sigma_p^2$	0,07	0,00	0,07	0,00 a 0,20	-	-	-	-
$\sigma_c^2$	0,25	0,24	0,25	0,15 a 0,40	0,45	0,40	0,43	0,24 a 0,77
$h^2$	0,62	0,62	0,62	0,59 a 0,65	0,32	0,32	0,32	0,23 a 0,42
$p^2$	0,02	0,00	0,02	0,00 a 0,05	-	-	-	-
$c^2$	0,07	0,07	0,07	0,04 a 0,11	0,20	0,21	0,20	0,12 a 0,30
$r_g$	0,99	0,99	0,99	0,99 a 0,99	0,72	0,72	0,72	0,60 a 0,82

$\sigma_a^2$  variância genética aditiva;  $\sigma_p^2$  variância dos efeitos aleatórios de ambiente permanente materno;  $\sigma_c^2$  variância dos efeitos aleatórios de grupo de contemporâneos;  $h^2$  herdabilidade;  $p^2$  proporção da variância total devido o efeito de ambiente permanente materno;  $c^2$  proporção da variância total devido o efeito de grupo contemporâneo;  $r_g$  correlação genética entre os escores visuais e o peso aos 120 dias de idade (característica âncora); RC região de credibilidade a 95%.

### Conclusões

Os escores visuais do Sistema de Avaliação Morfológica (SAM) avaliados ao desmame e ao sobreano podem ser utilizados na composição de novos índices de seleção, pois apresentaram variabilidade genética suficiente para promover progresso genético para tais características morfológicas.

### Literatura citada

- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; REYES, A.L.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Análise genética para escores de avaliação visual com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.835-841, 2008.
- KOURY FILHO, W. **Escore visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2005. 80p. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista, 2005.
- 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.
- 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 Animal Science**, v.76, p.2048-2061, 1998.