

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
CENTRO DE CIÊNCIAS RURAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

**ESCORES VISUAIS E ASSOCIAÇÃO COM
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM
BOVINOS DA RAÇA ANGUS**

TESE DE DOUTORADO

Dionéia Magda Everling

Santa Maria, RS, Brasil

2012

**ESCORES VISUAIS E ASSOCIAÇÃO COM
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS
DA RAÇA ANGUS**

Dionéia Magda Everling

Tese apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Área de concentração Produção Animal, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do grau de **Doutor em Zootecnia**

Orientador: Prof. Dr. Paulo Roberto Nogara Rorato

Santa Maria, RS, Brasil

2012

Ficha catalográfica elaborada através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Central da UFSM, com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

Everling, Dionéia Magda

Escores visuais e associação com características de crescimento em bovinos da raça Angus / Dionéia Magda Everling.-2012.

77 p.; 30cm

Orientador: Paulo Roberto Nogara Rorato

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Santa Maria, Centro de Ciências Rurais, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, RS, 2012

1. Amostragem de Gibbs 2. Características produtivas
3. Gado de corte 4. Método de Monte Carlo I. Rorato, Paulo Roberto Nogara II. Título.

**Universidade Federal de Santa Maria
Centro de Ciências Rurais
Programa de Pós Graduação em Zootecnia**

A Comissão Examinadora, abaixo assinada,
aprova a Tese de Doutorado

**ESCORES VISUAIS E ASSOCIAÇÃO COM CARACTERÍSTICAS DE
CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA ANGUS**

elaborada por
Dionéia Magda Everling

Como requisito parcial para obtenção do grau de
Doutor em Zootecnia

Comissão Examinadora:

Paulo Roberto Nogara Rorato
(Presidente/Orientador)

Fernanda Cristina Breda Mello, Dra. (UFSM)

Arione Augusti Boligon, Dra. (UNESP)

Jaime Araujo Cobuci, Dr. (UFRGS)

Paulo Santana Pacheco, Dr. (UFSM)

Santa Maria, 27 de fevereiro de 2012.

RESUMO

Tese de Doutorado
Programa de Pós Graduação em Zootecnia
Universidade Federal de Santa Maria

ESCORES VISUAIS E ASSOCIAÇÃO COM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA ANGUS

AUTOR: Dionéia Magda Everling

ORIENTADOR: PAULO ROBERTO NOGARA RORATO

Local e data de Defesa: Santa Maria, 27 de fevereiro de 2012

O objetivo deste estudo foi estimar as (co)variâncias e as associações genéticas entre os escores visuais de conformação e precocidade à desmama ao sobreano, respectivamente CD, PrD e CS, PrS, com as características de ganho médio diário de peso (GMD: do nascimento à desmama; GMS: da desmama ao sobreano) e velocidade de ganho de peso (VD: do nascimento à desmama e VS: da desmama ao sobreano) para bovinos da raça Angus. Os componentes de (co)variâncias foram estimados por um modelo animal tetra-característica usando o Método de Inferência Bayesiana, assumindo um modelo linear para o ganho médio diário e velocidade de ganho de peso e um modelo não-linear (de limiar) para CD, CS, PrD e PrS. As médias *a posteriori* para a herdabilidade direta foram: 0,12 (CD); 0,17 (PrD); 0,15 (GMD e VD); 0,17 (CS); 0,19 (PrS) e 0,16 (GMS e VS). As correlações genéticas estimadas entre os escores à desmama e ao sobreano com o efeito direto para as características de crescimento variaram de -0,05 a 0,60 para conformação e de -0,15 a 0,60 para precocidade; a correlação genética dos escores com ganho médio diário ou com velocidade de ganho de peso apresentou comportamento semelhante. Portanto, resposta correlacionada de igual magnitude é esperada para os escores, se a seleção for direcionada para ganho médio diário de peso ou velocidade de ganho de peso.

Palavras-chave: Amostragem de Gibbs. Características produtivas. Gado de corte. Método de Monte Carlo.

ABSTRACT

Thesis of Doctorate
Program of Post-Graduation in Animal Science
Federal University of Santa Maria

VISUAL SCORES AND ASSOCIATION WITH CHARACTERISTICS OF GROWTH IN CATTLE ANGUS

AUTHOR: DIONÉIA MAGDA EVERLING

ADVISOR: PAULO ROBERTO NOGARA RORATO

Place and Date of Defense: Santa Maria, February, 27, 2012

The objective of this study was to estimate the (co) variances and genetic associations between the visual scores of conformation and precocity at weaning and at yearling, respectively WC, WP and YC, YP with the characteristics of average daily gain (BWG: from birth to weaning and WYG: from weaning to yearling) and rate of weight gain (BWR: from birth to weaning and BYR: from weaning to yearling) for Angus cattle. The (co)variances components were estimated by multi-traits analysis using an animal model by Bayesian Inference Method, assuming a linear model for average daily gain and for rate of weight gain and a non-linear (threshold) for WC, WP, YC and YP. The *a posteriori* means for direct heritability were 0.12 (WC), 0.17 (WP), 0.15 (BWG and BWR), 0.17 (YC), 0.19 (YP) and 0.16 (WYG and BYR). The genetic correlation between the weaning and yearling scores with the direct effect for the average daily gain and rate of weight gain traits ranged from -0.05 to 0.60 for conformation and -0.15 to 0.60 for precocity; the genetic correlation of the scores with average daily gain and rate of weight gain presented similar behavior. Therefore, correlated response of equal magnitude is expected for scores, if the selection was directed to average daily gain or rate of weight gain.

Keywords: Beef Cattle. Gibbs sampling. Monte Carlo Method. Production traits.

LISTA DE TABELAS

ARTIGO 1

- Tabela 1 – Estimativas de herdabilidade para características de crescimento e de conformação à desmama e ao sobreano em bovinos da raça Angus obtidas em análises tetra-característica..... 29
- Tabela 2 – Estimativas de correlações genéticas entre as características de crescimento e escores visuais de conformação à desmama em bovinos da raça Angus, obtidas em análises tetra-característica.. 31
- Tabela 3 – Estimativas de correlações genéticas entre as características de crescimento e escores de conformação ao sobreano em bovinos da raça Angus, obtidas por análises tetra-característica. 33

ARTIGO 2

- Tabela 1 – Estimativas de herdabilidade para características de crescimento e escores de precocidade à desmama e ao sobreano em bovinos da raça Angus, em análises tetra-característica..... 49
- Tabela 2 – Estimativas de correlações genéticas entre as características de crescimento e escores de precocidade à desmama em bovinos da raça Angus, em análises tetra-característica..... 52
- Tabela 3 – Estimativas de correlações genéticas entre as características de crescimento e escores de precocidade ao sobreano em bovinos da raça Angus, em análises tetra-característica..... 53

LISTA DE FIGURAS

ARTIGO 1

- Figura 1 – Diagrama de dispersão dos valores genéticos diretos para conformação a desmama (CD) e ao sobreano (CS) com ganho médio diário de peso do nascimento a desmama (GMD), da desmama ao sobreano (GMS); velocidade de ganho de peso do nascimento a desmama (VD) e da desmama ao sobreano (VS) para 382 reprodutores da raça Angus..... 34
- Figura 2 – Diagrama de dispersão dos valores genéticos maternos para conformação a desmama (CDm) e valores genéticos diretos para conformação a desmama (CD) e ao sobreano (CS) para 329 reprodutores da raça Angus..... 35

ARTIGO 2

- Figura 1 – Diagrama de dispersão dos valores genéticos direto para escores de precocidade à desmama (PrD) e sobreano (PrS) com ganho médio diário de peso do nascimento à desmama(GMD), da desmama ao sobreano(GMS), velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama(VD) e da desmama ao sobreano(VS) com 382 touros da raça Angus..... 54
- Figura 2 – Diagrama de dispersão dos valores genéticos maternos de escores de precocidade à desmama(PrDm) e valores genéticos diretos para escores de precocidade à desmama(PrD) e sobreano(PrS) em 329 touros da raça Angus..... 57

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	8
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	10
2.1 Escores visuais	10
2.3 Características de crescimento.....	12
2.4 Características de limiar.....	13
2.5 Análise de dados categóricos	14
2.6 Inferência Bayesiana e método de Monte Carlo via cadeia de Markov	15
ARTIGO I	20
ESCORES DE CONFORMAÇÃO E ASSOCIAÇÃO GENÉTICA COM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS ANGUS.....	20
Introdução	22
Material e Métodos	23
Resultados e Discussão	28
Conclusões	35
Agradecimentos.....	35
Referências	36
ARTIGO 2.....	40
ESCORES DE PRECOCIDADE E ASSOCIAÇÃO GENÉTICA COM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS ANGUS.....	40
Introdução	42
Material e Métodos	43
Resultados e Discussão	48
Conclusões	55
Agradecimentos.....	55
Referências	56
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	61
4 CONCLUSÕES.....	63
REFERÊNCIAS	64
ANEXO.....	68

1 INTRODUÇÃO

A bovinocultura de corte tornou-se nos últimos anos uma das atividades pecuárias mais importantes para o Brasil, o qual vem se consolidando como um dos maiores produtores e exportadores de carne bovina do mundo. Com um rebanho de 177 milhões de cabeças, a atividade pode crescer se expandindo territorialmente, bem como intensificando a produção, diferentemente de outros países exportadores que já atingiram o limite de capacidade produtiva (ANUALPEC, 2010). Portanto, o incremento da produção brasileira, em grande parte, poderá ser disponibilizado à exportação. Todavia, para que isto seja possível, a pecuária brasileira terá que se adaptar às exigências do mercado internacional, principalmente em relação à qualidade e à quantidade do produto.

A idade dos bovinos ao abate ainda é elevada, o acabamento e a conformação dos animais são inadequados (ANUALPEC, 2010). Este fato reflete a baixa preocupação com qualidade da carne e falta de tecnologia nas propriedades. Uma das maiores limitações para aumento da produtividade em bovinocultura de corte é o longo tempo necessário para melhorar geneticamente o rebanho devido ao longo ciclo reprodutivo, tornando lenta a mudança genética em qualquer característica a ser selecionada, mesmo as de alta herdabilidade.

A utilização de escores visuais nos programas de melhoramento genético tem sido proposta com o objetivo de selecionar animais mais precoces, principalmente pela necessidade de apresentarem acabamento desejado pelos frigoríficos exportadores a pesos não elevados.

A raça Angus é de origem européia e, devido ao clima, adapta-se bem à região sul. Nas demais regiões do país é bastante utilizada em cruzamentos, principalmente com animais da raça Nelore, visando aumentar a precocidade.

O conhecimento dos valores dos parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população é sempre importante para que a condução de um programa de melhoramento seja eficiente. Todavia, há escassez de estudos que tenham estimado parâmetros genéticos para a raça Angus no Brasil, onde a criação de animais puros ocorre quase que exclusivamente na região Sul. Correlações genéticas entre os escores visuais e as características de crescimento devem ser consideradas, uma vez que a velocidade com que os animais atingem a carcaça ideal para o

abate é um dos fatores determinantes da eficiência total do sistema de produção de bovinos de corte, que podem permitir encurtamento do ciclo produtivo.

O programa de Melhoramento da raça Angus envolve a coleta de informações para várias características produtivas, reprodutivas, de carcaça e resistência a doenças. Os escores visuais são utilizados com a finalidade de identificar animais mais precoces e equilibrados. Esses escores são atribuídos aos animais observando a média do grupo de contemporâneos. No entanto, nem sempre a distribuição desses dados é normal e, com o progresso genético da característica, o tipo de distribuição tende a apresentar alterações no decorrer dos anos.

O Método de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), com Amostragem de Gibbs, pode ser utilizado como ferramenta para análise nas situações em que os dados não apresentam distribuição normal, permitindo a inferência sobre os parâmetros de interesse. A Inferência Bayesiana é uma poderosa ferramenta para o melhoramento, então é interessante que mais estudos sejam desenvolvidos buscando a democratização deste método para que os resultados obtidos a partir da Amostragem de Gibbs possam ser aplicados em dados de campo (FARIA et al., 2007).

A importância deste trabalho reside no fato de que há poucos estudos com a raça Angus no Brasil utilizando Inferência Bayesiana, principalmente ao estender esta abordagem para características de escores visuais e de crescimento, com modelos de limiar e linear, respectivamente. Dessa forma, o objetivo geral deste trabalho é o de estimar parâmetros genéticos para as características de escores visuais e de crescimento em bovinos da raça Angus, além das correlações genéticas entre elas, utilizando Inferência Bayesiana.

Esta tese está segmentada em capítulos para melhor acomodação dos diferentes tópicos. Inicialmente, tem-se uma revisão de literatura que engloba os temas abordados nos capítulos, a qual servirá de referencial teórico para os capítulos seguintes. O Artigo I apresenta um estudo sobre o escore de conformação e sua relação com duas características de crescimento a desmama e sobreano com a aplicação de modelos de limiar e linear, utilizando a metodologia da Inferência Bayesiana. O Artigo II consiste no mesmo tipo de estudo, porém, com avaliação dos escores de precocidade. A Tese é finalizada com a discussão e as considerações finais, bem como as referências utilizadas. Esta tese está apresentada conforme as normas do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Santa Maria e os Artigos I, II e estão estruturados conforme normas da Pesquisa Agropecuária Brasileira (Anexo 1), onde os artigos serão submetidos para análise e posterior publicação.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Escores visuais

A seleção somente para maiores pesos e ganhos de peso a determinadas idades pode se mostrar insuficiente para atender a qualidade de carne exigida pelo mercado. Além disso, ocorre também um aumento do tempo de permanência dos animais no rebanho para atingir o acabamento ideal, o que pode não ser interessante para o produtor, devido ao aumento de custos. Neste contexto, a utilização dos escores visuais passou a ser corriqueira na maioria dos programas de melhoramento de bovinos, visando a obtenção de um animal mais precoce em crescimento e acabamento. A atribuição de escores de conformação, precocidade e musculatura pode ser realizada relativamente cedo na vida do animal e permite a avaliação de um grande número de animais, sem a necessidade de submetê-los a mensurações, o que torna o processo mais ágil e de menor custo (BOLIGON; ALBUQUERQUE, 2010).

As características de conformação, precocidade e musculatura, avaliadas por escores visuais, podem responder à seleção individual e promover ganhos genéticos, contribuindo para identificação de animais mais precoces (KOURY FILHO et al., 2010). Também foi verificado que, em animais da raça Nelore, a seleção para escores visuais deve promover mudanças genéticas favoráveis na idade ao primeiro parto e no perímetro escrotal (BOLIGON; ALBUQUERQUE, 2010) obtendo, conseqüentemente, animais sexualmente mais precoces. Assim, a seleção para precocidade sexual, acabamento e crescimento promove também o encurtamento do ciclo produtivo e retorno econômico mais rápido para todos os elos da cadeia produtiva de bovinos de corte.

Os escores visuais de conformação, precocidade e musculatura, avaliados para a raça Angus, apresentam tendências genéticas positivas e, portanto, indicam a existência de progresso genético para essas características (WEBER et al., 2009).

A maior diferença entre as características de escores e as demais está na forma de avaliação com que eles são feitos. A avaliação visual é um instrumento subjetivo e sujeito a grande variação, pelo fato de não poder ser padronizado os seus instrumentos que, no caso, são os avaliadores. Apesar da baixa magnitude das estimativas de herdabilidade, observada na raça Angus para os escores visuais, o progresso genético deve ser considerado, pois as

mudanças genéticas são estáveis, cumulativas e permanentes ao longo dos anos (WEBER et al., 2009). A seleção de animais com melhores escores pode melhorar a velocidade de crescimento e favorecer a composição de índices de seleção (KOURY FILHO et al., 2009).

Em um estudo realizado por Weber et al., (2009), foi constatado que as tendências fenotípicas para os escores visuais de precocidade, musculatura, conformação e tamanho foram positivas e de maior magnitude que as tendências genéticas e esses autores atribuíram a melhora nas condições ambientais como sendo a principal causa dessa diferença. A determinação da importância de efeitos ambientais sobre escores de avaliação visual na fase de desmama e a estimativa de fatores de ajuste para esses efeitos é de grande importância para aumentar a precisão da seleção nos programas de melhoramento genético de bovinos da raça Angus (CARDOSO et al., 2001).

Com relação à idade da desmama, verifica-se que animais desmamados mais tardiamente recebem notas de escores visuais mais elevadas, também, mais pesados, podendo confundir o avaliador, que emite uma melhor pontuação para estes animais (KIPPERT et al., 2006). Assim, a idade na avaliação deve ser considerada nas análises genéticas de conformação, musculatura, precocidade e tamanho. Também Cardoso et al. (2001), fazendo um estudo com escores visuais na raça Angus, constataram que a idade da desmama é um fator responsável pelas maiores variações não genéticas nos escores visuais.

Além da idade do animal, a inclusão da idade da vaca ao parto é fundamental em avaliações genéticas, pois esse efeito pode ser uma importante fonte de variação nos escores visuais de conformação, precocidade e musculatura principalmente quando obtidos à desmama e também sobre o ganho de peso até a desmama (QUEIROZ et al., 2009). Dal Farra et al. (2002), verificaram o efeito da idade do bezerro, idade da vaca e data juliana do nascimento do bezerro, como importantes fontes de variação nos escores de conformação, precocidade e musculatura à desmama, similarmente ao verificado para ganho de peso do nascimento à desmama.

São vários efeitos ambientais que devem ser removidos na avaliação genética dos animais, para que possa ser quantificada de forma mais precisa a variância genética aditiva e conseqüentemente obtenção de estimativas mais acuradas de herdabilidade.

2.3 Características de crescimento

As características de peso, ganho de peso em determinadas fases de crescimento e/ou ganho médio diário são utilizadas como critérios de seleção em bovinos de corte há muitos anos. Segundo Fries (2007), as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas positivas e de média a alta magnitude entre essas características pode levar a um aumento no peso adulto dos animais, causando um desequilíbrio entre a produção de forragem e a necessidade de manutenção, reprodução, lactação e crescimento.

O ganho médio diário é uma característica que de certa forma evita a seleção direta para maiores pesos a determinada idade e apresenta herdabilidade semelhante. Fries e Albuquerque (1996) sugeriram alternativas para medir a precocidade de crescimento, definindo os critérios: dias para ganhar 160 kg do nascimento à desmama (D160), dias para ganhar 240 kg da desmama ao abate (D240) e dias para ganhar 400 kg (D400) do nascimento ao abate. Esses autores consideraram uma forma de re-expressão do ganho médio diário que fixa o numerador e mantém o denominador variável, recebendo a pressão de seleção. A utilização destas características como critério de seleção poderia evitar a seleção direta para peso, pois a correlação genética entre os pesos tomados em diferentes idades é alta e positiva, o que poderia conduzir a elevados pesos ao nascimento, podendo provocar distocia nos partos e também a elevados pesos adultos, aumentando os custos de manutenção nas propriedades, principalmente de vacas. Assim, a criação destas variáveis tem como principal objetivo chegar a pontos de comercialização com animais com acabamento adequado, o mais rápido possível, otimizando a produção.

O ganho médio diário e o número de dias para ganhar 160 kg do nascimento ao desmame são duas medidas do mesmo parâmetro biológico: taxa de crescimento (ORTIZ PENHA, 2004). Porém, segundo Ramos et al. (2009), embora as estimativas de herdabilidades para ganhos de peso e velocidade de ganho sejam semelhantes e altas e apresentem alto grau de correlação amostral e de postos entre os critérios dias para ganhar 160 kg na pré-desmame e ganho médio diário de peso do nascimento ao desmame, a classificação dos melhores touros, de acordo com o valor genético direto, é modificada pelo critério de seleção adotado. Malhado et al (2008) estudando curvas de crescimento na raça Nelore, verificaram que tanto No entanto, a remuneração nos frigoríficos ainda ocorre somente em função do peso dos animais, o que por vezes acaba desestimulando o produtor na seleção por características de qualidade de carcaça ou mesmo idade jovem. A expectativa é de que em

breve a qualidade da carne não seja um diferencial, mas sim uma condição básica para manter o espaço da pecuária brasileira no mercado mundial, principalmente com os países mais exigentes, que por sua vez pagam preço mais elevado podendo, desta forma, estimular o produtor na seleção para características de precocidade.

2.4 Características de limiar

Ao contrário das características de produção, várias características biológicas de interesse em produção animal têm distribuição descontínua mas, segundo Falconer (1981), apresentam herança multifatorial. Isso significa que, este tipo de herança é poligênica, mas os fenótipos podem ser classificados dentro de categorias.

Muitas características de importância na produção animal, tais como dificuldade ao parto, sobrevivência ou morte, incidência de doenças, apresentam uma distribuição descontínua de fenótipos (GIANOLA, 1982). Caso particular são os escores visuais que, apesar de terem distribuição contínua, por questão de praticidade no ato da coleta, essas informações são classificadas e, portanto, apresentam distribuição descontínua. Não há dúvida de que as características como conformação, musculatura, precocidade e tamanho tenham herança poligênica, assim como a maioria das características de produção. A grande diferença está na forma de registro destas características que é realizada com um instrumento pouco convencional, porém bem antigo: o olho humano.

Falconer (1965) descreveu a herança das características de limiar e o princípio do modelo de limiar para características categóricas, baseando-se na pressuposição que a expressão fenotípica da característica está associada a uma variável contínua subjacente que não é observável. Assim, a presença do animal em uma ou outra está separada por um limiar na escala subjacente. No caso de escores visuais, isso pode ser facilmente entendido pela subjetividade da avaliação em que a “indecisão” do avaliador pode colocar o animal em uma ou em outra classe, ou seja, animais cujos valores fenotípicos na escala subjacente ultrapassam o limiar aparecerão em uma determinada classe, enquanto os animais abaixo desse limiar aparecerão em outra classe.

Neste contexto, é importante entender que os animais que estão dentro da mesma classe são bastante parecidos fenotipicamente, mas diferem, possivelmente, no potencial genético. Assim, a escala subjacente é contínua, a escala das notas dos escores é descontínua e

as duas estão conectadas pelo limiar ou ponto de descontinuidade. Enfim, a variável subjacente é descrita pelo modelo linear, mas a relação da subjacente e a externa ou escala observada é não-linear (MARCONDES et al., 2005).

2.5 Análise de dados categóricos

Na área de melhoramento genético animal, para melhorar o ganho genético por geração os programas de seleção procuram metodologias que possam permitir a obtenção de avaliações genéticas cada vez mais acuradas. Em geral, essas avaliações tem sido realizada com base na pressuposição de distribuição contínua da característica estudada. No entanto, como muitas das características de importância econômica têm uma distribuição descontínua do fenótipo, a metodologia aplicada às características que apresentam distribuição contínua não é a mais indicada (FERREIRA, 2008).

A utilização da Melhor Predição Linear Não Viesada (BLUP) não seria apropriada para as variáveis categóricas, pois elas violariam várias pressuposições existentes nas metodologias de modelos mistos e, segundo Thompson (1979) e Hoeschele e Gianola (1988), alguns problemas nas análises de dados categóricos com a utilização de modelos lineares são críticos. Entre eles podemos considerar: as variâncias das características categóricas são heterogêneas; as soluções BLUP não levam em consideração a restrição que a soma das probabilidades de resposta tenha que ser igual a 1 entre todas as categorias de resposta; a variância genética aditiva na escala observada depende da incidência da característica na população; há possibilidade que o efeito genético não aditivo esteja presente na escala observada no caso em que toda a variação genética é aditiva na escala subjacente e, quando a esperança condicional das predições, dado que os valores das mensurações não sejam lineares, as propriedades de classificação do melhor preditor linear não parecem ser otimizadas.

A utilização de procedimentos lineares desconsidera a distribuição discreta dos dados que são analisados como contínuos. No caso de escores visuais esse é um procedimento bastante utilizado, principalmente devido à distribuição de frequência destes ser bastante semelhante à curva Gaussiana. A maior vantagem que os métodos lineares têm apresentado é o fato de se poder utilizar os programas de análises já disponíveis e a grande flexibilidade que se tem quando são utilizados tais programas (FERREIRA, 2008).

O modelo de limiar permite obtenção de estimativas de parâmetros genéticos mais elevadas para as características categóricas do que os obtidos pelos modelos lineares, proporcionado, assim, a obtenção de maiores ganhos genéticos por meio da seleção para as características em questão (FERREIRA, 2008).

Em estudo realizado por Pires et al. (2010), as estimativas de herdabilidade para características de escores visuais não foram alteradas, quando o modelo uni-característica de limiar ou linear foi usado. Além de não haver diferença entre as estimativas, a classificação dos animais, quanto aos valores genéticos preditos também não foi alterada. Neste caso, o modelo linear tem a vantagem de menor tempo de processamento das análises (FARIA et al., 2008). Segundo Marcondes et al. (2005), na avaliação genética dos animais, o modelo de análise linear e de limiar sob enfoque Bayesiano não influenciou a classificação dos animais quanto aos valores genéticos preditos. Segundo Ferreira (2008), os valores genéticos dos animais para características categóricas podem ser preditos com maior acurácia quando se utiliza um modelo de limiar. Neste contexto, a utilização de touros com diferenças esperadas na progênie (DEP's) mais acuradas pode promover maior ganho genético para esta característica.

2.6 Inferência Bayesiana e método de Monte Carlo via cadeia de Markov

A Inferência Bayesiana, embora de bastante interesse na atualidade, refere-se a um modo de fazer estatística criado muito antes das análises mais utilizadas atualmente, mas ficou esquecida devido a necessidade de se calcular analiticamente integrais complicadas (NOGUEIRA et al., 2004).

Gianola e Fernando (1986) propuseram a utilização da abordagem Bayesiana como uma estratégia para solucionar problemas decorrentes em melhoramento animal. A análise Bayesiana aparece como uma alternativa de grande flexibilidade nas análises genéticas gerando estimativas acuradas, oriundas de uma distribuição marginal posterior, diferente das estimativas pontuais do REML (FARIA et al., 2007).

Nogueira et al., (2003), detalhando todos os passos e contribuindo para sua divulgação e melhor entendimento, delinearam todos os passos para a utilização da Inferência Bayesiana no melhoramento animal visando à divulgação e ao melhor entendimento do método. Atualmante, muitos trabalhos tem sido realizados na área utilizando esta metodologia, mas

muitas vezes os resultados têm sido questionados, por não utilizarem, ou mesmo não abordarem com clareza, os critérios implementados para verificação da convergência. Outra dificuldade na utilização da metodologia refere-se à maior demanda computacional, principalmente em casos de modelos mais complexos, com a necessidade de utilização de máquinas bem equipadas para computar os processos iterativos da Cadeia de Markov. Neste aspecto, a monitoração de convergência da cadeia pode facilitar o processo e evitar a execução de cadeias muito longas ou curtas e, portanto, os esforços computacionais podem ser minimizados (BARBOSA et al., 2008).

De uma maneira geral, a principal diferença entre Inferência Bayesiana e Inferência Clássica é que a primeira considera os parâmetros desconhecidos como quantidades aleatórias, enquanto a segunda os considera constantes. Na concepção Bayesiana toda a informação disponível é útil e deve ser utilizada, enquanto que na estatística Clássica utilizam-se apenas observações de dados reais, desprezando informações subjetivas (RESENDE et al., 2001). Os fundamentos do Método Bayesiano consistem em descrever todos os erros que podem existir em torno de um parâmetro, usando como medida do erro a probabilidade de que o parâmetro tome determinados valores (FARIA et al., 2007).

Os Métodos Bayesianos estão fundamentados no teorema desenvolvido pelo reverendo Thomas Bayes, em 1761, o Teorema de Bayes, o qual se compõe em uma forma matemática de resumir as informações disponíveis sobre um determinado evento, com a finalidade de realizar a melhor decisão possível. Para sua demonstração, deve-se recorrer aos princípios de probabilidade conjunta e condicional. A densidade conjunta de um grupo de observações examinada como uma função do parâmetro é denominada função de verossimilhança e é representada por $p(y_1, \dots, y_n)$, em que n é o número de observações e p a densidade de probabilidades do evento ocorrer.

Assim,

$$p(\theta|y) = \frac{p(y|\theta)p(\theta)}{p(y)} \quad (1)$$

Como p não varia com θ , a densidade *a posteriori* pode ser dada por:

$$p(\theta|y) \propto p(y|\theta)p(\theta) \quad (2)$$

em que \propto indica proporcionalidade; $p(y|\theta)$ a função de verossimilhança; $p(\theta)$ representa a distribuição *a priori* e $p(\theta|y)$ a distribuição *a posteriori*.

A escola Bayesiana trabalha com probabilidades e suas estimativas são distribuições de densidade probabilística do parâmetro em estudo e em uma amostra (FARIA et al., 2007). A principal diferença entre Inferência Clássica e Bayesiana está nas informações *das priores*, que são as informações que se têm antes da observação dos dados. Os Métodos Bayesianos utilizam probabilidades subjetivas medindo graus de confiança dos valores dos parâmetros desconhecidos. Essas probabilidades subjetivas são usadas para definir o que é chamado de distribuição *a priori* para o parâmetro. Quando o conhecimento prévio sobre o fenômeno estudado é vago, ou praticamente inexistente, a densidade *a priori* é denominada não informativa, plana, possuindo distribuição uniforme. Por outro lado, quando se possui conhecimento razoável sobre o fenômeno estudado, a densidade *a priori* será um pouco informativa e a função de densidade será muito semelhante a curva da distribuição normal. Quando o grau de confiança maior for atribuído ao parâmetro inicial, a densidade *a priori* passa a ser denominada de informativa e muitos valores estão distribuídos em torno da média. A distribuição também será gaussiana, porém mais concentrada ou aguda. Assim, quanto maior a falta de informação *a priori*, maior a variância da distribuição, ou seja, maior o grau de incerteza sobre o verdadeiro valor do parâmetro. Ao contrário, tem-se uma pequena variância da distribuição quando *a priori* é informativa (CARNEIRO JÚNIOR et al., 2005)

Utilizando priores vagas ou não informativas, tem-se que as modas e as distribuições marginais dos parâmetros correspondem às estimativas obtidas pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita não derivativa. Neste caso, a grande vantagem da análise Bayesiana está na obtenção dos desvios-padrão e intervalo de confiança exato para os parâmetros, bem como, na obtenção de estimativas mais precisas (RESENDE, 2001). Carneiro Júnior et al., (2005) verificaram que à medida que o tamanho da amostra aumenta, a importância da informação *a priori* decresce e, com isso, a predição dos valores genéticos é menos influenciada pela informação *a priori*.

Em Inferência Bayesiana não existe qualquer distinção entre efeitos fixos ou aleatórios, sendo que todos os parâmetros a serem estimados são considerados variáveis aleatórias (RESENDE et al., 2001). Dessa forma, os efeitos fixos em análise convencional são chamados como sistemáticos em análise Bayesiana.

Os fundamentos do Método Bayesiano consistem em descrever todos os erros que podem existir em torno da estimativa de um parâmetro, usando como medida do erro a probabilidade de que este parâmetro tome determinados valores. No caso em que se necessite

uma estimação pontual de determinado parâmetro, pode se usar a moda, média ou mediana (FARIA et al., 2008).

Para a obtenção de distribuições marginais via Inferência Bayesiana, há necessidade de cálculos analíticos de integrais, que podem ser inviáveis de serem realizados de forma algébrica. Os Métodos de Monte Carlo via Cadeia de Markov proporcionam a resolução de forma iterativa e facilitam o processo (NOGUEIRA et al., 2004). Por ser um processo iterativo de amostragem, as amostras sequenciais da cadeia são correlacionadas e algum tempo é necessário para que a cadeia não tenha mais influência dos valores iniciais e atinja a distribuição equilíbrio, da qual as amostras serão usadas para inferência. O Método da Amostragem de Gibbs pertence à classe de Métodos denominando Monte Carlo via Cadeia de Markov, a qual é sustentada em propriedades das Cadeias de Markov (RESENDE; ROSA-PEREZ, 1999).

A amostragem de Gibbs trabalha com processos por aproximação de valores esperados para cada parâmetro desconhecido no modelo, a cada ciclo, que é então repetido e atualizando assim as distribuições condicionais. A amostragem converge para uma distribuição estacionária e o valor amostrado após esta convergência é considerado distribuição aleatória da distribuição *a posteriori*. Porém, até o momento não é possível encontrar uma garantia empírica e positiva de que a cadeia seja longa o suficiente (AZEVEDO JUNIOR, 2010). O problema deste tipo de avaliação é que o amostrador de Gibbs pode gerar muitas iterações para determinada região, podendo resultar na impressão de ter havido convergência e, logo passa para outra região. Além disso, as amostras geradas podem fornecer a impressão de que a convergência foi atingida, embora a distribuição *a posteriori* seja imprópria, não permitindo inferências adequadas sobre as mesmas (COSTA, 2008).

A amostragem inicial é baseada na distribuição *a priori* fornecida e ocorre fora da distribuição real dos parâmetros. A medida que o número de iterações aumenta, a cadeia se aproxima da condição de equilíbrio e, por isso, uma quantidade de descarte no período inicial é indicada antes de realizar a amostragem nas quais será realizada a inferência (AZEVEDO JUNIOR, 2010). O objetivo desse descarte, ou *burn-in*, é fazer com que o Amostrador se distancie *da priori* e atinja uma distribuição estacionária, da qual serão retiradas as amostras sendo, portanto, mais representativas.

Alguns artigos publicados recentemente também apresentam diagnósticos de convergência informais de avaliação de convergência da cadeia de Gibbs Bayesianas, comparando as distribuições posteriores com a de distribuição normal, a curva Gaussiana (PIRES, 2010). Outra forma de avaliar convergência é através do erro de Monte Carlo. 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). Em outro trabalho recentemente publicado sobre curvas de crescimento em bovinos (SILVA et al., 2010), o erro de Monte Carlo foi utilizado como um dos indicativos de convergência.

Outra opção para verificar a convergência utilizando o critério de estacionariedade consiste em retirar uma quantidade de amostras da mesma cadeia após a convergência, visto que se estará amostrando a distribuição *a posteriori* em equilíbrio. É importante relatar que as amostras sucessivas não são independentes, de forma que se torna necessário descartar várias iterações entre cada duas amostras a serem salvas. Como o processo é Markoviano, a dependência diminui com o aumento da distância entre as iterações, obtendo-se, assim, independência entre as amostras salvas (RESENDE, 2000).

Não existe um diagnóstico para convergência, mas uma análise de vários aspectos e alguns passos é importante para verificar se existem ou não indícios da convergência. Os testes fornecem uma previsão de que a convergência pode não ter ocorrido, mas não fornecem a certeza da convergência. Alguns passos são indicados para verificar o indício de convergência. Inicialmente, a confecção do gráfico de série de tempo para verificar se a cadeia muda rápido de seu valor inicial e oscila pouco no passar das iterações, dentro de um mesmo espaço. Se isso acontecer, temos indícios que esta cadeia convergiu. Em segundo lugar, pode-se fazer um gráfico de médias para verificar a convergência em média da cadeia e também determinar o *burn-in* (iteraões iniciais que serão descartadas). Após a retirada do período de *burn-in* é importante fazer um gráfico de auto correlações para verificar se o tamanho do salto (amostragem entre as iterações) é adequado e, assim, retirar a dependência das iterações. Por fim, fazer o uso dos testes disponíveis em *softwares*, como por meio dos critérios de Geweke (1992), Gelman e Rubin (1992) e Raftery e Lewis (1992), que estão disponíveis no pacote BOA (Bayesian Output Analysis) do *software* R, os quais podem auxiliar na tomada de decisão da utilização de valores adequados das estimativas.

Na maioria dos trabalhos publicados, observa-se que nos últimos anos, na prática, a convergência é demonstrada por meio de gráfico ou usando um teste formal. Alguns critérios têm sido sugeridos como diagnóstico de convergência. A maioria dos testes, se não todos, podem fornecer evidências negativas de que o número de ciclos implementados não foi suficiente. Os métodos baseiam-se na convergência das médias, na distribuição estacionária e na correlação entre as amostras.

ARTIGO I
ESCORES DE CONFORMAÇÃO E ASSOCIAÇÃO GENÉTICA COM
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS ANGUS

De acordo com as normas de publicação da Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira

**Escores de conformação e associação genética com características de crescimento em
bovinos Angus**

Dionéia Magda Everling⁽¹⁾

⁽¹⁾ Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Av. Roraima, 1000, CEP 97105-700, dioneiamagda@yahoo.com.br

Resumo - Os objetivos deste estudo foram estimar as (co)variâncias e as associações genéticas entre os escores visuais de conformação à desmama (CD) e ao sobreano (CS) com as características de ganho de peso médio diário (GMD: do nascimento à desmama e GMS: desmama ao sobreano) e de velocidade de ganho de peso (VD: do nascimento à desmama e VS: da desmama ao sobreano) para bovinos da raça Angus. Os componentes de (co)variâncias foram estimados por um modelo animal tetra-característica usando o método de Inferência Bayesiana, assumindo um modelo linear para GMD, GMS, VD e VS e um modelo não-linear (de limiar) para CD e CS. As médias *a posteriori* para a herdabilidade direta foram: 0,12 (CD); 0,15 (GMD); 0,15 (VD); 0,17 (CS); 0,17 (GMS); e 0,17 (VS). As estimativas de correlação genética entre os escores visuais de conformação a desmama e ao sobreano com as características de ganho médio diário de peso ou velocidade de ganho de peso variaram de -0,09 a 0,60; a correlação entre os escores de conformação a desmama e sobreano foi de 0,52. A seleção direta para escores visuais de conformação, ganho médio diário e velocidade de ganho, tanto à desmama como ao sobreano, deve responder de forma lenta a seleção.

Termos para indexação: amostrador de Gibbs, componentes de variância, Inferência Bayesiana, gado de corte.

Conformation scores and genetic association with growth characteristics

Abstract - The objective of this study was to estimate (co) variances and genetic associations between the visual scores of conformation at weaning (WC) and at yearling (YC) with the traits of weight average daily gain (BWG: from birth to weaning and WYG: from weaning to yearling) and the rate of weight gain (BWR: from birth to weaning and WYR: from weaning to yearling) for Angus breed cattle. The components of (co) variances were estimated by multi-trait analysis, using an animal model by Bayesian Inference Method, assuming a linear model for the weights, average daily gain and rate of weight gain and a non-linear (threshold) model for WC and YC. The *a posteriori* means of direct heritability were 0.12 (WC), 0.15 (BWG), 0.15 (BWR), 0.17 (YC), 0.17 (WYG) and 0.17 (WYR). The genetic correlations estimated between visual conformation scores with weight average daily gain and rate of weight gain ranging from -0.09 to 0.60. The correlation between the conformation at weaning and yearling was 0.52. The direct selection for visual scores of conformation, average daily gain and rate of weight gain, both at weaning and yearling, will to respond to selection slowly.

Index terms: Bayesian Inference, beef cattle, Gibbs Sampler, variance component.

Introdução

A falta de padronização e baixa qualidade da carne bovina, comum no mercado brasileiro, podem ser creditadas em parte, a idade ao abate que ainda é elevada, bem como ao acabamento e a conformação inadequados. A avaliação visual, através da utilização de escores, é um dos métodos de avaliação de carcaça, que permitem identificar animais com maior precocidade de terminação, melhor musculatura e conformação frigorífica (YOKOO et al., 2009).

Alguns estudos relatam correlações genéticas positivas entre escores visuais e características de crescimento e reprodutivas em bovinos de corte (Costa et al., 2008, Pires et al., 2010, Koury Filho et al., 2010, Boligon & Albuquerque, 2010). Estas informações são

importantes pois permitem prever as possíveis mudanças que poderão ocorrer em uma característica se a seleção for direcionada para outra.

Os escores visuais têm como principal desvantagem a subjetividade da avaliação e, por serem características categóricas, a classificação de um animal em uma ou outra classe pode ser de difícil determinação. Gianola e Foulley (1983) desenvolveram o modelo de limiar para avaliação genética de dados categóricos, como é o caso dos escores visuais. Posteriormente, Van Tassel et al. (1998) tornaram possíveis as análises multi-características que relacionam dados contínuos e categóricos.

O conhecimento das herdabilidades e correlações genéticas entre as características de interesse econômico é fundamental, na elaboração dos índices de seleção. Assim, há necessidade de se verificar quanto as características de crescimento estão associadas aos escores visuais que são atualmente considerados nos programas de seleção.

O objetivo do presente estudo foi verificar associações genéticas entre escores de conformação e ganho de peso médio diário e de velocidade de crescimento obtidos à desmama e ao sobreano em bovinos da raça Angus, utilizando Inferência Bayesiana.

Material e Métodos

O trabalho foi desenvolvido utilizando-se dados de campo coletados rotineiramente pelo Programa de Melhoramento de Bovinos de Carne – PROMEBO – da Associação Nacional de Criadores "Herd Book Collares" – ANC. Foram somente considerados para a análise os registros de escores visuais de conformação completos a desmama e sobreano. Animais sem registro real de peso de nascimento e de paternidade duvidosa foram excluídos. O arquivo de análise ficou constituído com, de 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 no presente estudo 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 avaliação dos escores foi realizada visualmente e os animais receberam pontuação entre um e cinco. Os escores visuais de CD e CS representam a quantidade de carne na carcaça, sendo atribuídos individualmente, porém são relativos ao grupo de contemporâneos em que o animal avaliado se encontra. Assim, em cada grupo, os animais medianos para cada característica são usados para comparação e recebem pontuação três.

O GMD foi obtido pela razão entre o peso ganho no período até a desmama e a idade do animal na data da pesagem, utilizando a seguinte equação: $GMD = (PD - PN)/ID$, em que GMD = ganho médio diário do nascimento à desmama; PD = peso à desmama; PN = peso ao nascimento e ID = 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 seguinte fórmula: $GMS = (PS - PD)/(IS - ID)$, em que GMS = ganho médio diário da desmama ao sobreano; PS = peso ao sobreano; PD = peso à desmama; IS = idade ao sobreano e ID = idade à desmama.

A variável velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama (VD) foi criada considerando um animal com peso de desmama por volta de 200 kg, necessitando portanto ganhar 160 kg desde o nascimento até a desmama. O cálculo das características D160 e D140 seguiu recomendações de Fries et al. (1996), apenas introduzido como numerador o valor 1.000 (mil), com o objetivo de normalizar o conjunto de dados e tornar os valores maiores para os animais mais precoces em relação aos mais tardios. Essa variável apresentou valores entre um (animal mais tardio) e doze (animal mais precoce). A fórmula utilizada foi : $VD = (1000/(160/GMD))$, em que VD = é a velocidade de ganho de peso do nascimento a desmama

e GMD = ganho médio diário do nascimento à desmama. Ao sobreano a fórmula utilizada foi: $VS = (1000/(140/GMs))$, em que VS = é a velocidade de ganho de peso da desmama ao sobreano e GMD = ganho médio diário da desmama ao sobreano.

Para a análise genética foi adotado um modelo animal tetra-características, considerando como aleatórios os efeitos genéticos aditivos direto e materno, este somente para as características à desmama e os residuais, sendo que os efeitos sistemáticos variaram de acordo com a característica avaliada.

Foram efetuadas duas análises tetra-características, considerando 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 foi dividido em quatro classes: animais nascidos nos meses 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 de nascimento + grupo de manejo à desmama + data juliana de desmama), além da idade do animal na avaliação, e da idade da mãe, como covariável (efeitos linear e quadrático). Para CS, os efeitos sistemáticos considerados foram: grupo de contemporâneos ao sobreano (GCS) (fazenda + sexo + estação de sobreano + grupo de manejo ao sobreano + data juliana de desmama + data juliana de sobreano) e a idade do animal na avaliação, como covariável (efeitos linear e quadrático). Grupos de contemporâneos com menos de 10 informações e touros com menos de 10 filhos foram excluídos da avaliação. Também foram excluídos os animais com pesos de 3,5 desvios-padrão acima ou abaixo da média do seu grupo de contemporâneos.

As Equações de Modelos Mistos em termos matriciais, para obtenção dos BLUP (Melhor Predição Linear não Viesado), sob modelo animal, podem ser descritas como:

$y = X\beta + Za + Wm + \varepsilon$, em que y = vetor das observações de cada característica (CD, CS, GMD, GMS, VD e VS); X = matriz de incidência dos efeitos fixos (GCD; GCS, IM, IB, IS); β = vetor dos efeitos sistemáticos; Z = matriz de incidência do efeito genético aditivo direto de cada animal; a = vetor do efeito genético aditivo direto; W = matriz de incidência do efeito genético materno; m = vetor do efeito genético materno; ε = vetor de efeitos aleatórios residuais.

Os efeitos maternos foram incluídos apenas no modelo para as características à desmama, estando ausente portanto a matriz W e o vetor m nos modelos das características mensuradas após a desmama. O efeito de ambiente permanente materno não foi incluído no modelo, devido ao reduzido número de progênies por vaca (1,47).

A combinação das características no modelo linear-limiar foi realizada com o programa computacional THRGIBBSF90 (Misztal et al., 2002), que permite o estudo de características contínuas e categóricas na mesma análise. Neste estudo, implementou-se uma cadeia de 600 mil ciclos e período de *burnin* de 100 mil ciclos. Nesta primeira etapa, foram efetuadas amostragens a cada 40 ciclos, para evitar que o arquivo gerado fosse muito grande.

As características categóricas são determinadas por variáveis contínuas não observáveis, em escala subjacente, em que são fixados valores iniciais de limiares, tais que $t_1 < t_2 < \dots < t_{j-1}$, com $t_0 = -\infty$ e $t_j = \infty$, em que j é o número de categorias. No presente caso, o valor de $j = 5$, que é o número de classes dos escores de conformação. Os dados observáveis são dependentes da variável subjacente que é limitada entre dois limiares não observáveis (Gianola & Foulley, 1983). Quando se considera que a variável na distribuição subjacente não é observável, a parametrização $\sigma_e^2 = 1$ é geralmente adotada para que se possa identificá-la na função de verossimilhança (Gianola & Sorensen, 2002). Tal pressuposição é padrão em análises para dados categóricos em modelo de limiar.

As categorias de y_i (escores de conformação), para cada animal i , são definidos por U_i na escala subjacente $y_1 = (1) t_0 < U_i \leq t_1$; (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.

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. Neste estudo, assim como em Boligon et al. (2009), foi considerado $t_1 = 0$, tal que o vetor de limiares estimáveis foi definido como $t = t_2, t_3$ e t_4 .

Foram efetuadas duas análises tetra-características com variáveis categóricas e contínuas. De acordo com o enfoque Bayesiano, os vetores β , a e m são parâmetros de locação de uma distribuição condicional $y | \beta, a, m$.

No modelo misto utilizado, β é considerado o vetor de soluções para os efeitos sistemáticos, no entanto, sob o ponto de vista Bayesiano, é um vetor de efeitos aleatórios no qual os valores da distribuição inicial tem *priors* não informativas, ou seja, não fornecem muita informação sobre o parâmetro, portanto, com distribuição de probabilidade uniforme. Este tipo de distribuição de probabilidades indica a mesma probabilidade de ocorrência a cada um dos possíveis valores da variável. Aos demais componentes são atribuídas distribuições Wishart invertida, padrão do programa THRGIBBSF90 (Misztal et al., 2002). A distribuição de y , dados os parâmetros de locação e escala, foi considerada como $y | \beta, a, m, R \sim N [X\beta + Za + Zm + IR]$.

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 é denominado intervalo de utilização amostral e deve ser suficiente para que as amostras utilizadas não sejam 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 e

Lewis (1992) utilizando o pacote Bayesian Output Analysis (BOA) do *software* R, versão 2.10.1 (Smith, 1997).

O processo para reamostragem foi efetuado, utilizando o *software* POSTGIBBSF90, de S. Tsuruta (Misztal et al., 2002). Nesta etapa, foram descartadas 100 mil amostras iniciais e o intervalo de utilização de amostragem foi de 120, sendo obtidas 4.167 mil amostras para fazer a inferência. Essas amostras de (co)variâncias foram editoradas para calcular as estimativas das herdabilidades e correlações genéticas para as características estudadas. O arquivo gerado foi submetido a análises pelo programa GIBANAL (Vankaam, 1998) para proceder o diagnóstico de convergência da cadeia e para obtenção do número efetivo de amostras, as densidades conjunta *a posteriori*, além das estatísticas descritivas. A convergência da cadeia de Markov foi verificada por meio dos critérios de Heidelberger e Welch (1983) e o critério de Geweke (1992) para as colunas que representam os valores das variâncias de todas as características.

As análises de correlações de *spearman* foram realizadas, com todos os reprodutores (touro) do banco de dados para verificar o grau de associação entre as posições de classificações dos animais (*Rank*), de acordo com os valores genéticos, entre as características de conformação e de crescimento a desmama e sobreano.

Resultados e Discussão

Nas avaliações genéticas para todas as características, as médias, modas e medianas das estimativas dos parâmetros estimados foram bastante próximas, indicando uma simetria das distribuições *a posteriori* (Tabela 1). O erro de Monte Carlo (EMC) para as estimativas de herdabilidade foi muito pequeno em todas as análises, o que indica que o tamanho da cadeia de Gibbs foi suficiente para obter estimativas precisas das médias *a posteriori* (Tabela 1; Tabela 2 e Tabela 3).

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*, contendo 95% das observações, foi pequena para a maioria das características.

As herdabilidades diretas estimadas para conformação à desmama foram inferiores as obtidas para o sobreano, sugerindo que esta característica deve responder à seleção e, considerando a mesma intensidade de seleção para ambas as idades (desmama e sobreano), a maior resposta à seleção deve ser obtida ao sobreano (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade para características de crescimento e de conformação à desmama e ao sobreano em bovinos da raça Angus obtidas em análises tetra-característica.

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

h^2_d = herdabilidade direta; h^2_m = herdabilidade materna; RG = região de credibilidade; CD = escore de conformação à desmama; 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; EMC = erro de Monte Carlo

Utilizando informações de animais da raça Aberdeen Angus, Weber et al. (2009) relataram herdabilidade direta de 0,15 para conformação à desmama, superior a observada neste estudo. De modo semelhante, para bovinos da raça Angus, Cardoso et al. (2001)

obtiveram maiores estimativas de herdabilidade para conformação a desmama (0,21), porém, estes autores não incluíram no modelo de análise o efeito materno, visto que este, em análise prévia dos dados, apresentou valores de herdabilidades próximos de zero.

Embora a herdabilidade materna estimada, neste estudo, tenha sido de baixa magnitude (0,08), ela representa 40% da herdabilidade total obtida para conformação a 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 da magnitude das estimativas de herdabilidade encontradas, pois a inclusão de efeitos maternos no modelo tende a afetar a estimativa da variância genética aditiva, dependendo da correlação entre efeitos genéticos diretos e maternos na população estudada (Cardoso et al, 2004).

Em um estudo com dados de bovinos produtos do cruzamento entre as raças Angus e Nelore por Araujo et al. (2010), em que os parâmetros genéticos foram estimados por Inferência Bayesiana, as estimativas de herdabilidade para conformação à desmama foram levemente superiores em relação às estimadas no presente estudo (0,16 para efeito direto e 0,09 para efeito materno).

O ganho médio diário e o número de dias para ganhar 160 kg do nascimento a desmama são duas medidas do mesmo parâmetro biológico: taxa de crescimento (ORTIZ PENHA, 2004). No presente estudo, as estimativas de herdabilidade diretas e maternas foram iguais para estas características de crescimento à desmama (Tabela 1). 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 ganho de peso médio diário ou velocidade para ganho de peso.

As correlações genéticas estimadas entre CD e as características de crescimento medidas ao sobreano foram praticamente nulas (Tabela 2), com exceção da correlação com CS (0,53). A correlação genética de alta magnitude estimada entre conformação à desmama e ao sobreano é esperada, uma vez que, a mesma característica está sendo medida em diferentes fases de crescimento e, em geral, animais com melhores notas de conformação à desmama também são melhor pontuados para esta característica também ao sobreano. Esse resultado sugere que a maioria dos genes que influencia o desempenho dos animais para conformação à desmama é comum para esta característica ao sobreano.

Tabela 2. Estimativas de correlações genéticas entre as características de crescimento escores visuais de conformação à desmama em bovinos da raça Angus, obtidas em análises tetra-característica.

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

m = efeito materno; RC = região de credibilidade; CD = escore de conformação à desmama; 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

Autores questionam a utilização dos escores visuais a desmama e ao sobreano (Cardoso et al., 2004, Koury et al., 2010), devido a alta correlação genética entre as duas fases. Segundo Koury Filho et al. (2010), a seleção para escores visuais obtidos em determinada idade provavelmente implicará em 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 e, segundo Forni et al. (2007), os escores visuais sofrem grande influência do ambiente, assim, respostas de pequena magnitude à seleção direta devem ser esperadas.

A correlação genética entre conformação e GMD e VD foram similares (Tabela 2), o mesmo ocorreu ao sobreano (Tabela 3). Logo, a resposta correlacionada para conformação deve ser a mesma se a seleção for direcionada para o ganho médio diário ou para velocidade de crescimento, uma vez que as herdabilidades estimadas para as características de crescimento são de igual magnitude.

As correlações genéticas estimadas entre CS e a maioria das características avaliadas foram elevadas e positivas, incluindo o efeito materno para as características avaliadas à desmama (Tabela 3). A seleção para conformação pode ser mais efetiva se realizada ao sobreano, pois as correlações genéticas com os efeitos maternos foram positivas e de média magnitude e portanto melhor conformação ao sobreano, pode trazer resposta correlacionada para o efeito materno e para o efeito direto para características ganho médio diário de peso ou velocidade de ganho na fase de desmama.

A correlação de CS com as características de crescimento foi favorável também ao sobreano, indicando que grande parte dos genes que afetam favoravelmente os escores de conformação ao sobreano, atuam também favoravelmente sobre as características de ganho médio diário de peso ou velocidade de ganho de peso à desmama e ao sobreano.

Tabela 3. Estimativas de correlações genéticas entre as características de crescimento e escores de conformação ao sobreano em bovinos da raça Angus, obtidas por análises tetra-característica.

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

m = efeito materno; RC = região de credibilidade; CD = escore de conformação à desmama; 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

Correlação de *sperman* entre os valores genéticos diretos preditos para as características de escores visuais de conformação e de crescimento a desmama e ao sobreano para os 329 reprodutores incluídos neste estudo foram bastante semelhantes, tanto para GMD e VD quanto para GMS e VS (Figura 1). A dispersão da classificação dos reprodutores não difere se for considerado o ganho médio diário ou velocidade de ganho, e portanto a resposta correlacionada para conformação deve ser a mesma. Também ao sobreano a dispersão da classificação dos reprodutores é bastante semelhante, e a correlação de *Sperman* entre os escores é mesma se for considerado ganho médio diário ou velocidade de ganho em peso.

A correlação entre os valores genéticos preditos para os reprodutores para a característica conformação, considerando os efeitos genéticos diretos e maternos, foi negativa a desmama, porém foram positiva ao sobreano, sugerindo que reprodutores com maior valor genético direto para conformação ao sobreano, também podem ter maior valor para efeito materno para conformação a desmama (Figura 2). Essa correlação positiva é importante, pois

a seleção para reprodutores com maior valor genético para conformação ao sobreano podem ser também os melhores para o efeito materno para esta característica. A correlação negativa entre o efeito materno e direto a desmama para os escores de conformação indica que touros com maiores valores genéticos para efeito maternos terão valores menores para o efeito direto para esta característica.

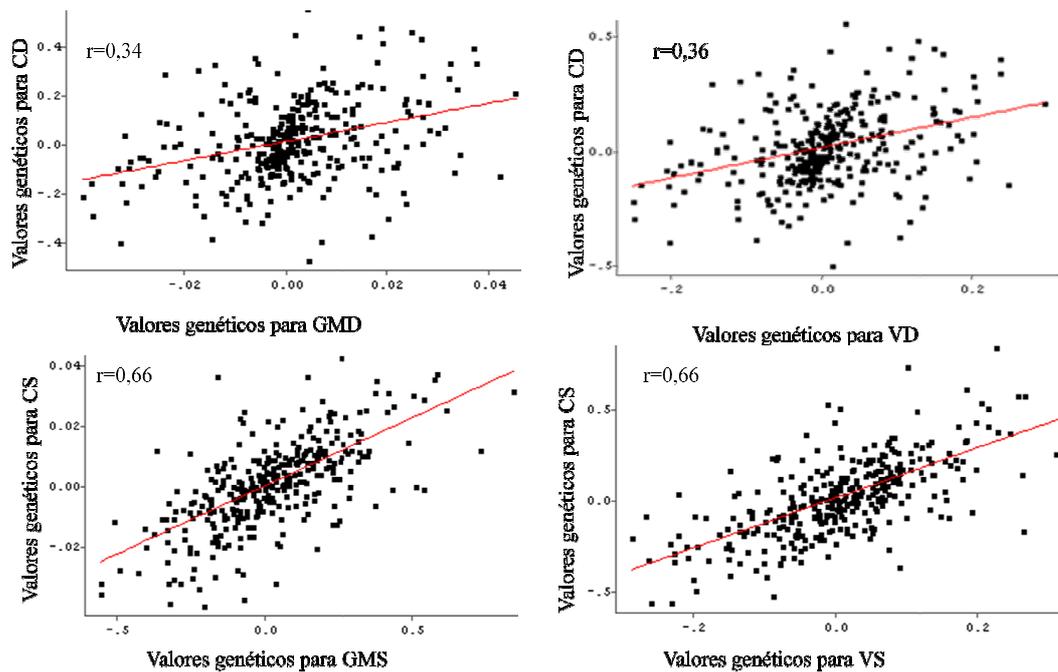


Figura 1. Diagrama de dispersão dos valores genéticos diretos para conformação a desmama (CD) e ao sobreano (CS) com ganho médio diário de peso do nascimento a desmama (GMD), da desmama ao sobreano (GMS); velocidade de ganho de peso do nascimento a desmama (VD) e da desmama ao sobreano (VS) para 382 reprodutores da raça Angus.

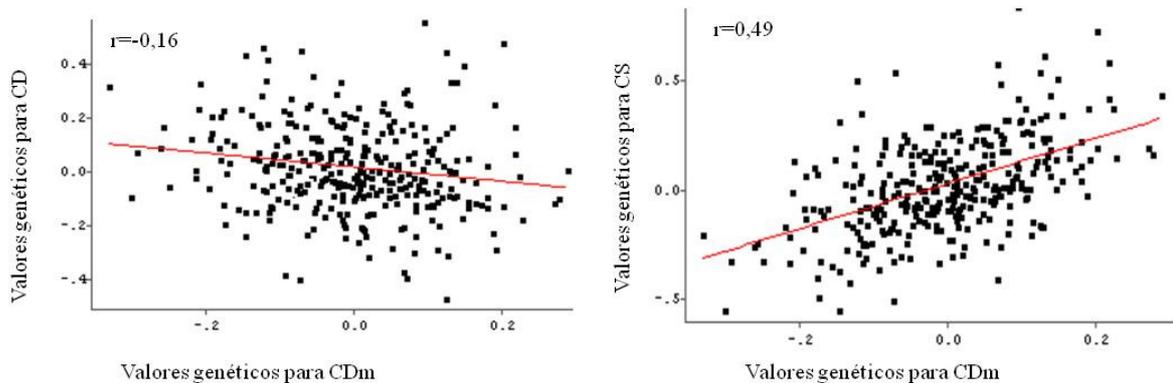


Figura 2. Diagrama de dispersão dos valores genéticos maternos para conformação a desmama (CDm) e valores genéticos diretos para conformação a desmama (CD) e ao sobreano (CS) para 329 reprodutores da raça Angus.

Conclusões

A seleção para ganho médio diário ou para velocidade de ganho de peso, possibilitam igual magnitude de ganho genético.

Resposta de igual magnitude são esperadas para os escores de conformação se a seleção for direcionada para ganho médio diário ou para velocidade de ganho de peso.

A seleção para conformação ao sobreano pode promover ganho genético para o efeito direto e materno para as características ganho médio diário e para velocidade de ganho de peso a desmama e sobreano.

Agradecimentos

Associação Nacional de Criadores "Herd Book Collares" – ANC, pelo fornecimento do banco de dados. Ao Departamento de Zootecnia/USP/Pirassununga, ao Departamento de Física/UFSM/Santa Maria e ao Laboratório de Melhoramento Animal/UFSM/Santa Maria, onde foram preparados e analisados os dados referentes a este estudo.

Referências

ARAUJO, R.O. de, RORATO, P.R.N., WEBER, T.; EVERLING, LOPES, J.S; D.M.; DORNELLES, M.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**, vol.39, n.11, p. 2398-2408, 2010.

BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas em bovinos Nelore usando inferência bayesiana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.12, p.1412 - 1418, 2010.

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2320-2326, 2009.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R. AL.; CAMPOS, L. Componentes de (Co)variância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerros Angus Criados no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.1, p.41-48, 2001.

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, n.2, p.313-319, 2004.

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 a desmama de bovinos formadores da raça Brangus. **Ars Veterinaria**, v.24, n.3, p.172-176, 2008.

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**, v.8, n.1, p.75-86, 2007.

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.

FRIES, L.A., BRITO, F.V., ALBUQUERQUE, L.G. Possíveis conseqüências da seleção para incrementar pesos às idades-padrão vs reduzir idades para produzir unidades de mercado. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33, 1996, Fortaleza. *Anais...*, Fortaleza: SBZ, 1996. p.310-312.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M. **Bayesian statistics 4**. New York: Oxford University, 1992. p.625-631.

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

GIANOLA, D.; SORENSEN, D. Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics. New York: Springer Verlag, 740p. 2002.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, Landing, v.31, n.6, p.1109-1144, 1983.

KOURY FILHO, W., ALBUQUERQUE, L.G. DE; FORNI, S.; SILV, J. A. DE V.; YOKOO M. J.; ALENCAR, M. M. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.39, n.5, 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.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings**. Montpellier: INRA: CIRAD, 2002.

ORTIZ PEÑA, C. D.; CARVALHEIRO, R.; QUEIROZ, S. A.; 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. 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 Reprodução Animal**., v. 11, n. 3, p. 651-661, 2010.

RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. Comment: One long run with diagnostics: implementation strategies for markov chain monte carlo. **Statistical Science**, v.7, n.4, p.493-497, 1992.

SMITH, B. J. BOA: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistical Software**. 21:2 - 37. 1997.

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.

VAN TASSEL, 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.

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, 2009.

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

ARTIGO 2
ESCORES DE PRECOCIDADE E ASSOCIAÇÃO GENÉTICA COM
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS ANGUS

De acordo com as normas de publicação da Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira

**Escores de precocidade e associação genética com características de crescimento em
bovinos angus**

Dionéia Magda Everling ⁽¹⁾

⁽¹⁾ Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Av. Roraima, 1000, CEP 97105-700, dioneiamagda@yahoo.com.br

Resumo: O objetivo deste estudo foi estimar as (co)variâncias e as associações genéticas entre os escores visuais de precocidade à desmama (PrD) e ao sobreano (PrS) com as características de ganho médio diário de peso (GMD: do nascimento à desmama e GMS: da desmama ao sobreano) e velocidade de ganho de peso (VD: do nascimento à desmama e VS: da desmama ao sobreano), em bovinos da raça Angus. Os componentes de (co)variâncias foram estimados por um modelo animal tetra-característica usando Inferência Bayesiana, assumindo um modelo linear para ganho de peso médio diário e velocidade de ganho de peso e um modelo não-linear para PrD e PrS. As médias *a posteriori* para a herdabilidade direta foram: 0,17 (PrD); 0,15 (GMD); 0,15 (VD); 0,19 (PrS); 0,16 (GMS); e 0,16 (VS). A correlação genética estimada entre os escores de precocidade avaliados nas duas fases foi elevada (0,60). As estimativas de correlações genéticas obtidas entre PrD e o efeito direto para as características de crescimento foram positivas a desmama e negativas ao sobreano. As correlações genéticas estimadas entre PrS e as características de crescimento foram positivas e de média magnitude, tanto à desmama como ao sobreano. Os escores de precocidade à desmama como ao sobreano, devem responder favoravelmente à seleção, porém de forma lenta. A seleção para precocidade ao sobreano pode promover ganho genético para o efeito direto e materno para as características de crescimento a desmama e sobreano.

Termos para indexação: amostragem de Gibbs, gado de corte, Método de Monte Carlo, limiar.

Scores of precocity and genetic association with growth traits in Angus cattle

Abstract: The objective of this study was to estimate (co) variances and genetic associations between the visual scores of precocity at weaning (WP) and at yearling (YP) with the traits: average daily weight gain (BWG: from birth to weaning and WYG: from weaning to yearling) and the rate of weight gain (BWR: from birth to weaning and BYR: from weaning to yearling) for Angus cattle. The components of (co) variances were estimated by multi-trait analysis, using an animal model by Bayesian Inference Method, assuming a linear model for average daily weight gain and rate of weight gain and a threshold (non linear) model for the visual scores. The *a posteriori* means of direct heritability were: 0.17 (WP), 0.15 (BWG), 0.15 (WYG), 0.19 (YP), 0.16 (WYG) and 0.16 (BYR). The estimated genetic correlation between the scores of precocity in the two phases was high (0.60). Estimated genetic correlations between WP and direct effect for the growth traits were positive at weaning and negative at yearling. The genetic correlation between YP and the growth traits were positive and of medium magnitude, both at weaning and yearling. The precocity scores, at weaning and yearling, should respond favorably to selection, but slowly. Selection for precocity at yearling could promote genetic gain for direct and maternal effects to traits of growth at weaning and yearling.

Index terms: beff cattle, Gibbs sampling, Monte Carlo Method, production traits.

Introdução

Uma das formas de medir a precocidade de terminação é através de avaliação visual, que é de fácil obtenção e, segundo Fries (2006), nem sempre o animal com boa terminação é o mais pesado. Com a atribuição de escore visual de precocidade, procura-se estimar a capacidade do indivíduo em armazenar gordura, podendo ser um indicativo de rapidez para

atingir o acabamento. Esta característica tem apresentado herdabilidade de média a alta magnitude (Cardoso et al., 2001, Weber et al., 2009a, Araujo et al., 2010; Boligon & Albuquerque, 2010) e, portanto, responde favoravelmente à seleção direta.

A escolha do método de seleção e o progresso genético dependem do conhecimento dos parâmetros genéticos, como as herdabilidades e correlações genéticas, nas populações (Cardoso et al., 2001). As consequências da seleção de uma característica sobre as outras a ela correlacionada é importante para prever os ganhos genéticos e identificar genótipos mais adequados ao sistema de criação. As herdabilidades obtidas por análise multi-característica geralmente são superiores, sugerindo melhor partição das variâncias genéticas e de ambiente (Boligon et al., 2009), adicionalmente, aumenta a acurácia das avaliações, todavia, requerem maior demanda computacional.

O emprego de metodologias para obtenção de correlações genéticas entre as características categóricas e as contínuas, por meio de análises multi-característica, é de grande interesse para prever progresso genético, além de fornecer informações adicionais para os programas de melhoramento em pecuária de corte.

Neste estudo, objetivou-se a obtenção de estimativas de herdabilidades e de correlações genéticas entre características de escores de precocidade e de características de crescimento à desmama e ao sobreano em bovinos da raça Angus, utilizando modelos tetra-característica, através de Inferência Bayesiana e Método de Monte Carlo via Cadeia de Markov.

Material e Métodos

O trabalho foi desenvolvido utilizando-se dados de campo coletados rotineiramente pelo Programa de Melhoramento de Bovinos de Carne – PROMEBO – da Associação Nacional de Criadores "Herd Book Collares" – ANC. Foram somente considerados para a

análise os registros de escores visuais de precocidade e de peso completos à desmama e sobreano. Animais sem registro real de peso de nascimento e de paternidade duvidosa foram excluídos. O arquivo de análise ficou constituído com, de 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 no presente estudo foram: escores visuais de precocidade de terminação à desmama (PrD) e ao sobreano (PrS), 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 avaliação dos escores foi realizada visualmente e os animais receberam pontuação entre um e cinco. Os escores visuais de precocidade de terminação avalia a capacidade de um animal chegar a um acabamento mínimo de carcaça, com pesos não elevados. Animais com boa profundidade de costelas e com depósito de gordura subcutânea em determinadas regiões do corpo, recebem maior pontuação. Assim, em cada grupo, os animais medianos para cada característica são usados para comparação e recebem pontuação três.

O GMD foi obtido pela razão entre o peso ganho no período até a desmama e a idade do animal na data da pesagem, utilizando a seguinte equação: $GMD = (PD - PN)/ID$, em que GMD = ganho médio diário do nascimento à desmama; PD = peso à desmama; PN = peso ao nascimento e ID = 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 seguinte fórmula: $GMS = (PS - PD)/(IS - ID)$, em que GMS = ganho médio diário da desmama ao sobreano; PS = peso ao sobreano; PD = peso à desmama; IS = idade ao sobreano e ID = idade à desmama.

A variável velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama (VD) foi criada considerando um animal com peso de desmama por volta de 200 kg, necessitando portanto ganhar 160 kg desde o nascimento até a desmama. O cálculo das características D160 e D140 seguiu recomendações de Fries et al. (1996), apenas introduzido como numerador o valor 1.000 (mil), com o objetivo de normalizar o conjunto de dados e tornar os valores maiores para os animais mais precoces em relação aos mais tardios. Essa variável apresentou valores entre um (animal mais tardio) e doze (animal mais precoce). A fórmula utilizada foi : $VD = (1000/(160/GMD))$, em que VD = é a velocidade de ganho de peso do nascimento a desmama e GMD = ganho médio diário do nascimento à desmama. Ao sobreano a formula utilizada foi: $Vs = (1000/(140/GMs))$, em que VS = é a velocidade de ganho de peso da desmama ao sobreano e GMD = ganho médio diário da desmama ao sobreano.

Para a análise genética foi adotado um modelo animal tetra-características, considerando como aleatórios os efeitos genéticos aditivos direto e materno, este somente para as características à desmama e os residuais, sendo que os efeitos sistemáticos variaram de acordo com a característica avaliada.

Foram efetuadas duas análises tetra-características, considerando sempre avaliações à desmama e ao sobreano. A primeira incluiu as variáveis PrD, PrS, GMD e GMS e a segunda, PrD, PRS, VD e VS. O efeito da época de nascimento foi dividido em quatro classes: animais nascidos nos meses de janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro.

Para a característica PrD, foram considerados os efeitos sistemáticos de grupo de contemporâneos à desmama (GCD) (fazenda + sexo + ano de nascimento + estação de nascimento + grupo de manejo à desmama + data juliana de desmama), além da idade do animal na avaliação, e da idade da mãe, como covariável (efeitos linear e quadrático). Para CS, os efeitos sistemáticos considerados foram: grupo de contemporâneos ao sobreano (GCS) (fazenda + sexo + estação de sobreano + grupo de manejo ao sobreano + data juliana de

desmama + data juliana de sobreano) e a idade na avaliação, como covariável (efeitos linear e quadrático). Grupos de contemporâneos com menos de 10 informações e touros com menos de 10 filhos foram excluídos da avaliação. Também foram excluídos os animais com pesos de 3,5 desvios-padrão acima ou abaixo da média do seu grupo de contemporâneos.

As Equações de Modelos Mistos em termos matriciais, para obtenção dos BLUP (Melhor Predição Linear não Viesado), sob modelo animal, podem ser descritas como:
 $y = X\beta + Za + Wm + \varepsilon$, em que y = vetor das observações de cada característica (PrD, PrS, GMD, GMS, VD e VS); X = matriz de incidência dos efeitos fixos (GCD; GCS, IM, IB, IS); β = vetor dos efeitos sistemáticos; Z = matriz de incidência do efeito genético aditivo direto de cada animal; a = vetor do efeito genético aditivo direto; W = matriz de incidência do efeito genético materno; m = vetor do efeito genético materno; ε = vetor de efeitos aleatórios residuais.

Os efeitos maternos foram incluídos apenas no modelo para as características à desmama, estando ausente portanto a matriz W e o vetor m nos modelos das características mensuradas após a desmama. O efeito de ambiente permanente materno não foi incluído no modelo, devido ao reduzido número de progênes por vaca (1,47).

A combinação das características no modelo *threshold-linear* foi realizada com o programa computacional THRGIBBSF90 (Misztal et al., 2002), que permite o estudo de características contínuas e categóricas na mesma análise. Neste estudo, implementou-se uma cadeia de 600 mil ciclos e período de *burnin* de 100 mil ciclos. Nesta primeira etapa, foram efetuadas amostragens a cada 40 ciclos, para evitar que o arquivo gerado fosse muito grande.

As características categóricas são determinadas por variáveis contínuas não observáveis, em escala subjacente, em que são fixados valores iniciais de limiares, tais que $t_1 < t_2 < \dots < t_j - 1$, com $t_0 = -\infty$ e $t_j = \infty$, em que j é o número de categorias. No presente caso, o valor de $j = 5$, que é o número de classes dos escores de precocidade. Os dados observáveis

são dependentes da variável subjacente que é limitada entre dois limiares não observáveis (Gianola & Foulley, 1983). Quando se considera que a variável na distribuição subjacente não é observável, a parametrização $\sigma_e^2 = 1$ é geralmente adotada para que se possa identificá-la na função de verossimilhança (Gianola & Sorensen, 2002). Tal pressuposição é padrão em análises para dados categóricos em modelo de limiar.

As categorias de y_i (escores de precocidade), para cada animal i , são definidos 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.

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. Neste estudo, assim como em Boligon et al. (2009), foi considerado $t_1 = 0$, tal que o vetor de limiares estimáveis foi definido como $t = t_2, t_3$ e t_4 .

Foram efetuadas três análises tetra-características com variáveis categóricas e contínuas. De acordo com o enfoque Bayesiano, os vetores β , a e m são parâmetros de locação de uma distribuição condicional $y | \beta, a, m$.

No modelo misto utilizado, β é considerado o vetor de soluções para os efeitos sistemáticos, no entanto, sob o ponto de vista Bayesiano, é um vetor de efeitos aleatórios no qual os valores da distribuição inicial tem *priors* não informativas, ou seja, não fornecem muita informação sobre o parâmetro, portanto, com distribuição de probabilidade uniforme. Este tipo de distribuição de probabilidades indica a mesma probabilidade de ocorrência a cada um dos possíveis valores da variável. Aos demais componentes são atribuídas distribuições Wishart invertida, padrão do programa THRGIBBSF90 (Misztal et al., 2002). A distribuição de y , dados os parâmetros de locação e escala, foi considerada como $y | \beta, a, m, R \sim N [X\beta + Za + Zm + IR]$.

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 é denominado intervalo de utilização amostral e deve ser suficiente para que as amostras utilizadas não sejam 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 e Lewis (1992) utilizando o pacote Bayesian Output Analysis (BOA) do *software* R, versão 2.10.1 (Smith, 1997).

O processo para reamostragem foi efetuado usando o POSTGIBBSF90, de S. Tsuruta (Misztal et al., 2002). Nesta etapa, foram descartadas 100 mil amostras iniciais e o intervalo de utilização de amostragem foi de 120, sendo obtidas 4.167 mil amostras para fazer a inferência. Essas amostras de (co)variâncias foram editoradas para calcular as estimativas das herdabilidades e correlações genéticas para as características estudadas. O arquivo gerado foi submetido a análises pelo programa GIBANAL (Van Kaam, 1998) para proceder o diagnóstico de convergência da cadeia e para obtenção do número efetivo de amostras, as densidades conjunta *a posteriori*, além das estatísticas descritivas. A convergência da cadeia de Markov foi verificada por meio dos critérios de Heidelberger e Welch (1983) e o critério de Geweke (1992) para as colunas que representam os valores das variâncias de todas as características.

As análises de correlações de *spearman* foram realizadas, todos os reprodutores (touros) do banco de dados para verificar o grau de associação entre as posições de classificações dos animais (*Rank*), de acordo com os valores genéticos, entre as características de precocidade e de crescimento a desmama e sobreano.

Resultados e Discussão

Nas avaliações genéticas, o erro de Monte Carlo (EMC) para as estimativas de herdabilidade foi muito pequeno em todas as análises, o que indica que o tamanho da cadeia de Gibbs foi suficiente para obter estimativas precisas das médias *a posteriori* (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade para características de crescimento e escores de precocidade à desmama e ao sobreano em bovinos da raça Angus, em análises tetra-característica.

Parâmetros	Média	Moda	Mediana	RC (95%)	EMC
	DESMAMA				
h^2_d PrD	0,171	0,187	0,177	0,128 a 0,230	0,0004
h^2_m PrD	0,089	0,087	0,089	0,058 a 0,120	0,0002
h^2_d GMD	0,157	0,151	0,155	0,118 a 0,201	0,0004
h^2_m GMD	0,179	0,169	0,176	0,138 a 0,222	0,0003
h^2_d VD	0,156	0,155	0,154	0,112 a 0,207	0,0004
h^2_m VD	0,183	0,183	0,182	0,139 a 0,223	0,0003
SOBREANO					
h^2_d PrS	0,195	0,202	0,196	0,154 a 0,246	0,0004
h^2_d GMS	0,160	0,161	0,160	0,120 a 0,208	0,0003
h^2_d VS	0,162	0,165	0,162	0,119 a 0,209	0,0003

h^2_d = herdabilidade direta; h^2_m = herdabilidade materna; RG = região de credibilidade; EMC = erro de Monte Carlo; PrD = escore de precocidade à desmama; GMD = ganho médio diário de peso do nascimento à desmama; VD = velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama; PrS = Precocidade ao sobreano; GMS = ganho médio diário de peso da desmama ao sobreano; VS = velocidade de ganho de peso da desmama ao sobreano.

A região de credibilidade, considerando valores que poderiam variar de 0 a 1 em função da estimativa de herdabilidade, foi pequena para todas as estimativas e, portanto, existem densidades elevadas para as amostras de herdabilidade nestes intervalos (Tabela 1), ou seja, maior concentração de estimativas em intervalos pequenos, distribuídos em torno da média e, conseqüentemente, maior confiabilidade na estimativa destes valores.

As médias *a posteriori* de estimativas de herdabilidade direta foram de baixa magnitude para a maioria das características avaliadas à desmama e ao sobreano e variaram de 0,15 a 0,19 para efeito direto e de 0,089 a 0,183 para o efeito materno. Para o efeito

materno, com excessão da característica PrD, que apresentou valores mais baixos, as estimativas de herdabilidade foram de moderada magnitude, porém representaram quase 50% quando se considera a herdabilidade direta nesta fase e, portanto, indicam que a seleção para vacas com maior habilidade materna poderá promover ganhos para as características de ganho de ganho médio diário e velocidade de ganho de peso avaliadas até a desmama e deve ser considerada nesta raça nas avaliações genéticas.

Weber et al., (2009a) obtiveram estimativas de herdabilidades inferiores para escores visuais de precocidade à desmama, tanto para o efeito direto (0,12), como para o materno (0,08) quando avaliaram dados de uma população Angus criada no Rio Grande do Sul. Valores semelhantes foram obtidos para escores de precocidade (0,16) por Costa et al., (2008) com bovinos da raça Brangus, porém estes autores não incluíram o efeito materno nas análises. É interessante ressaltar que estes autores utilizaram a metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita e, segundo Resende et al., (2001), os resultados tendem a ser bastante próximos comparando ambas as metodologias quando *as priores* iniciais são consideradas pouco informativas na utilização da Inferência Bayesiana, como foi a utilizada no presente estudo. Assim, a grande vantagem da análise Bayesiana, neste caso, refere-se à obtenção dos desvios-padrão e intervalos de confiança exatos para os parâmetros genéticos estimados.

Araujo et al. (2010) estimaram parâmetros genéticos utilizando Inferência Bayesiana e as estimativas de herdabilidade para a característica de precocidade à desmama foram semelhantes (0,16 para efeito direto e 0,09 para efeito materno) às encontradas no presente estudo.

As estimativas de herdabilidade pra GMD e VD, foram muito próximas, indicando que se houver seleção direta para qualquer uma dessas características o ganho genético com o

passar das gerações também deve ser semelhante. Da mesma forma ao sobreano as características GMS e VS tiveram herdabilidades estimadas muito próximas.

As herdabilidades estimadas ao sobreano foram de baixa magnitude para a característica de escore de precocidade quando comparada aos estudos envolvendo bovinos da raça Nelore utilizando o Método da Máxima Verossimilhança Restrita (Koury Filho et al., 2009) e Bayesiana (Pires et al., 2010; Boligon & Albuquerque, 2010, Boligon et al., 2010); e maiores as estimativas (0,11) obtidas com animais da raça Angus. (Weber et al.,2009b)..

A correlação genética estimada entre os escores de precocidade nas duas fases foi elevada (0,60), portanto a seleção para escore de precocidade a desmama pode ser conduzida com sucesso com resposta favorável também ao sobreano (Tabela 2). A alta correlação é esperada, visto que a avaliação da precocidade à desmama está contida na avaliação ao sobreano, não sendo possível separar a avaliação da desmama daquela realizada ao sobreano, como é possível fazer para as características de pesos em que o ganho de peso pode ser determinado em cada fase de avaliação.

Quando se observam as correlações genéticas estimadas entre o escore de precocidade e as demais características avaliadas, verifica-se que PrS apresenta correlação genética positiva com o efeito materno para todas características de crescimento à desmama (0,31 a 0,39), o que não acontece com a característica PrD, em que as correlações genéticas com o efeito materno apresentaram valores negativos e (Tabelas 2 e 3). Cardoso et al. (2004) estimaram a correlação entre ganho de peso ajustado pra 205 dias com os escores de precocidade ao sobreano que foi de maior magnitude (0,60), do que as correlações dos escores com o GMD (Tabela 3). Trabalhos na literatura com gado de corte associando escores com outras características de importância econômica, medidas em diferentes fases da vida do animal, são raros.

Tabela 2. Estimativas de correlações genéticas entre as características de crescimento e escores de precocidade à desmama em bovinos da raça Angus, em análises tetra-característica.

Características	Média	Moda	Mediana	RC (95%)	EMC
DESMAMA					
PrD- PrDm	-0,447	-0,441	-0,398	-0,612 – 0,220	0,0014
PrD - GMD	0,467	0,460	0,466	0,271 – 0,620	0,0014
PrD - GMDm	-0,264	-0,241	-0,265	-0,472 – -0,252	0,0017
PrD - VD	0,456	0,477	0,462	0,278 – 0,619	0,0013
PrD - VDm	-0,273	-0,256	-0,277	-0,478 – -0,012	0,0018
SOBREANO					
PrD - PrS	0,607	0,607	0,607	0,444 – 0,733	0,0014
PrD- GMS	-0,157	-0,154	-0,155	-0,367 – 0,070	0,0018
PrD-VS	-0,150	-0,138	-0,144	-0,374 – 0,050	0,0016

m = efeito materno; RC = região de credibilidade; EMC = erro de Monte Carlo; PrD = escore de precocidade à desmama; GMD = ganho médio diário do nascimento à desmama; VD = velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama; PrS = precocidade ao sobreano; GMS = ganho médio diário de peso da desmama ao sobreano; VS = velocidade de ganho de peso da desmama ao sobreano

Quando se considera o ciclo completo em bovinos de corte é preferível selecionar para a precocidade ao sobreano, pois respostas favoráveis ocorrem também para o efeito materno, que apresenta grande importância para as características avaliadas até a desmama. Embora Carodoso et al (2004) recomende a utilização dos escores visuais somente em uma fase da vida do animal, dando-se preferência ao momento da desmama, a baixa correlação entre os escores nesta fase com as características de crescimento ao sobreano deve ser melhor estudada, considerando que a correlação com ganho médio diário ou velocidade de ganho foi negativa e portanto resposta correlacionada desfavorável é esperada para o efeito materno para as características de ganho médio diário, velocidade de ganho e precocidade. A seleção para PrS deve promover resposta favorável, tanto para o efeito materno como para efeito direto, para todas as características avaliadas à desmama e também para as avaliadas ao sobreano.

Tabela 3. Estimativas de correlações genéticas entre as características de crescimento e escores de precocidade ao sobreano em bovinos da raça Angus, em análises tetra-característica.

Características	Média	Moda	Mediana	RC (95%)	EMC
Desmama					
PrS - PrDm	0,312	0,333	0,324	0,129 – 0,519	0,0016
PrS - GMD	0,288	0,292	0,291	0,068 – 0,490	0,0017
PrS - GMDm	0,395	0,375	0,396	0,288 – 0,556	0,0013
PrS - VD	0,279	0,278	0,278	0,057 – 0,478	0,0017
PrS - VDm	0,384	0,378	0,382	0,218 – 0,546	0,0015
Sobreano					
PrS -GMS	0,481	0,452	0,471	0,323 – 0,601	0,0011
PrS - VS	0,471	0,474	0,472	0,326 – 0,609	0,0011

m = efeito materno; RC = região de credibilidade; EMC = erro de Monte Carlo; PrD = escore de precocidade à desmama; GMD = ganho médio diário de peso do nascimento à desmama; VD = velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama; PrS = precocidade ao sobreano; GMS = ganho médio diário de peso da desmama ao sobreano; VS = velocidade de ganho de peso da desmama ao sobreano.

Koury Filho et al., (2010) relataram correlações genéticas entre peso à desmama e precocidade à desmama de 0,97 na raça Nelore. Araujo et al., (2010) e Costa et al., (2008) observaram correlações genéticas entre escores de precocidade de 0,47 e 0,65 para peso e ganho de peso do nascimento à desmama, respectivamente, em bovinos cruzados Angus Nelore. Quando se considera isoladamente as fases, independente da característica de crescimento a ser selecionada, haverá resposta correlacionada positiva para os escores, visto que essas correlações entre os efeito diretos não variaram muito, nem à desmama ou sobreano.

As correlações entre PrD e características de crescimento a desmama foram muito próximas, indicando que se a seleção for direcionada para GMD ou para VD, mesma resposta correlacionada deve ser esperada para os escores de precocidade, pois ambas apresentam herdabilidades muito semelhantes.

Para realização da correlação de *Sperman* foram utilizados apenas a classificação por valor genético dos reprodutores machos por serem os mais intensamente utilizados na reprodução e portanto tem maior importância da disseminação do material genético. A correlação entre a classificação dos valores genéticos direto para PrD com GMD ou com VD é a muito próxima (0,49 vs 0,48) (Figura 1). Portanto, os ganhos genéticos correlacionados em precocidade devem ser os mesmos, se na utilização os touros escolhidos para reprodução for utilizado com critério de seleção o ganho médio diário ou velocidade de crescimento.

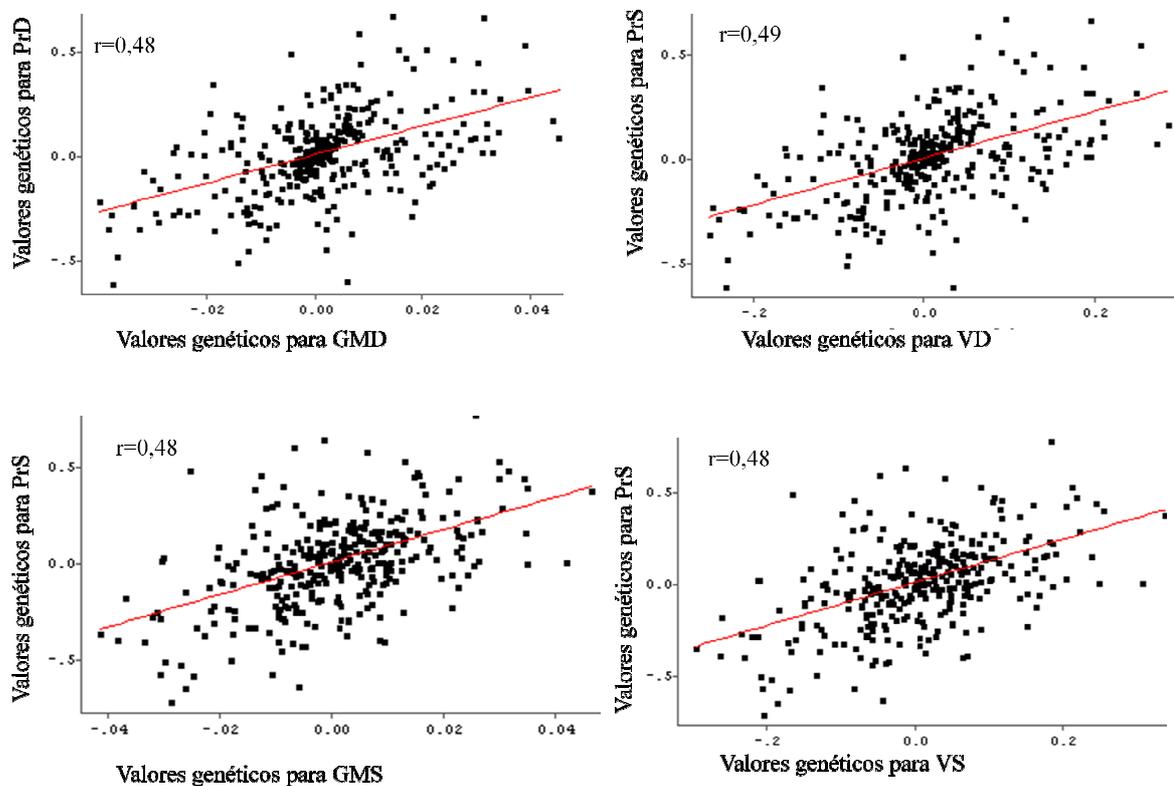


Figura 1- Diagrama de dispersão dos valores genéticos direto para escores de precocidade à desmama (PrD) e sobreano (PrS) com ganho médio diário de peso do nascimento à desmama(GMD), da desmama ao sobreano(GMS), velocidade de ganho de peso do nascimento à desmama(VD) e da desmama ao sobreano(VS) com 382 touros da raça Angus.

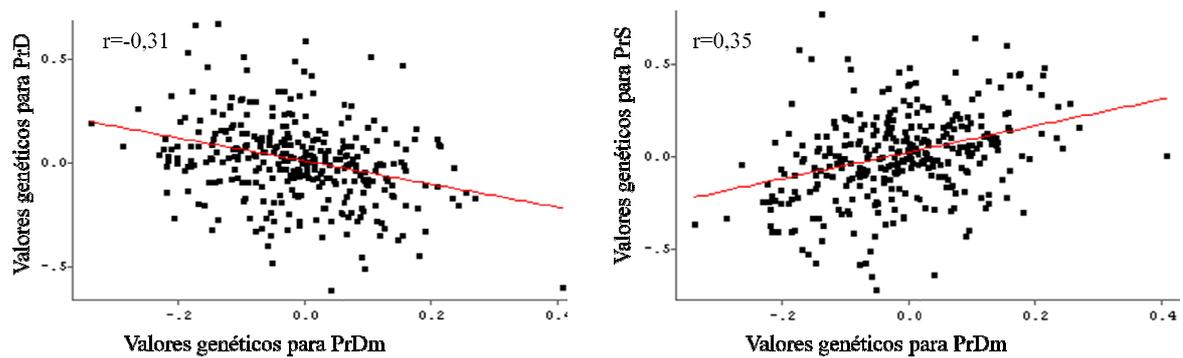


Figura 2- Diagrama de dispersão dos valores genéticos maternos de escores de precocidade à desmama(PrDm) e valores genéticos diretos para escores de precocidade à desmama(PrD) e sobreano(PrS) em 329 touros da raça Angus.

Conclusões

- 1 - A seleção para escore de precocidade à desmama promove ganho genético favorável para as características de crescimento nesta fase, porém pequena resposta para características de crescimento deve ser esperada ao sobreano.
- 2 - A seleção para ganho médio diário ou velocidade de ganho deve promover resposta correlacionada de igual magnitude para escores de precocidade.
- 3 - A seleção para escores de precocidade é mais efetiva se aplicada ao sobreano, devido a maior herdabilidade e às suas correlações positivas com o efeito materno para as características de crescimento a desmama.

Agradecimentos

Associação Nacional de Criadores "Herd Book Collares" – ANC, pelo fornecimento do banco de dados. Ao Departamento de Zootecnia/USP/Pirrassununga, ao Departamento de Física/UFSM/Santa Maria e ao Laboratório de Melhoramento Animal/UFSM/Santa Maria, onde foram preparados e analisados os dados referentes a este estudo.

Referências

ARAUJO, R.O. de, RORATO, P.R.N., WEBER, T.; EVERLING, LOPES, J.S; D.M.; DORNELLES, M.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**, vol.39, n.11, p. 2398-2408, 2010.

BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas em bovinos Nelore usando inferência bayesiana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.12, p.1412 - 1418, 2010.

BOLIGON, A.A., MERCADANTE, M.E.Z., ALBUQUERQUE, L.G., Genetic associations of conformation, finishing precocity and muscling visual scores with mature weight in Nelore cattle. **Livestock Science**. 135, 238–243. 2010.

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2320-2326, 2009.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R. AL.; CAMPOS, L. Componentes de (Co)variância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerros Angus Criados no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.1, p.41-48, 2001.

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, n.2, p.313-319, 2004.

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, n.3, p.172-176, 2008.

FARIA, C.U.; FARIA, C. U.; MAGNOBOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; REYES, L.A.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, 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.

FARIA, C.U.; MAGNOBOSCO, 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**, v.8, n.1, p.75-86, 2007.

FRIES, L.A.; BRITO, F.V.; ALBUQUERQUE, L.G. Possíveis conseqüências de seleção para incrementar pesos às idades-padrão vs. reduzir idades para produzir unidades de mercado. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., 1996, Fortaleza. **Anais...** Fortaleza: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1996, p.310-312.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M. **Bayesian statistics 4**. New York: Oxford University, 1992. p.625-631.

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

GIANOLA, D.; SORENSEN, D. **Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. New York: Springer-Verlag, 2002. 740p.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, Landing, v.31, n.6, p.1109-1144, 1983.

KOURY FILHO, W., ALBUQUERQUE, L.G. DE; M. J.; ALENCAR, M. M.; FORNI, S.; SILVA, J. A. DE V.; YOKOO Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.38, n.12, p.2362 – 2367, 2009.

KOURY FILHO, W., ALBUQUERQUE, L.G. DE; FORNI, S.; SILVA, J. A. DE V.; YOKOO M. J.; ALENCAR, M. M. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.39, n.5, p.1015-1022, 2010

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings**. Montpellier: INRA: CIRAD, 2002.

NOGUEIRA, D.A.; SÁFADI, T.; FERREIRA, D.F. Avaliação de critérios de convergência univariados para o método de Monte Carlo via Cadeias de Markov. *Rev. Bras. Est.*, v.65, p.59 - 88, 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 Produção Animal**, v.11, n.3, p. 651-661, 2010.

RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. Comment: One long run with diagnostics: implementation strategies for markov chain monte carlo. **Statistical Science**, v. 7, n. 4, p. 493-497, 1992.

RESENDE, M.D.V.; DUDA, L.L.; GUIMARÃES, P.R.B.; FERNANDES, J.S.C. Análise de modelos lineares mistos via inferência bayesiana. **Revista de Matemática e Estatística**, v.19, p.41-70, 2001.

SMITH, B. J. BOA: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistical Software**. 21:2 - 37. 1997.

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.

VAN TASSEL, 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.

WEBER, T.; RORATO, P.R.N.; LOPES, J.S.; COMIN, J.G.; DORNELLES, M. de A.; ARAÚJO, R.O. 2009. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para escores visuais na fase pós-desmama de bovinos da raça Aberdeen Angus.2009b. **Ciência Rural**, , v.39, n.3, p.832-837, 2009b.

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 precocidade na fase pré-desmama em uma população da raça Aberdeen Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38,p.832-842, 2009a.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas avaliações genéticas para todas as características, as médias, modas e medianas das estimativas dos parâmetros estimados foram bastante próximas, indicando uma simetria das distribuições *a posteriori*. De acordo com as pressuposições Bayesianas a semelhança com esta distribuição, indica que houve convergência das análises e, portanto que as estimativas de herdabilidade e de correlações genéticas são adequadas. O erro de Monte Carlo para as estimativas de herdabilidade foi pequeno em todas as análises, o que indica que o tamanho estabelecido para a cadeia de Gibbs foi suficiente para obter estimativas precisas das médias a posteriori.

A região de credibilidade foi de baixa magnitude para todas as estimativas, indicando que existem densidades elevadas para as amostras de herdabilidade nestes intervalos. Portanto, a maior concentração de estimativas está em intervalos pequenos, distribuídos em torno da média o que aumenta a confiabilidade nestes valores.

As médias a posteriori das estimativas de herdabilidade direta para os escores foram maiores ao sobreno do que a desmama tanto para conformação (0,12 x 0,17), quanto para precocidade (0,17 x 0,19). Os escores de precocidade apresentaram maiores estimativas de herdabilidade tanto a desmama quanto ao sobreano, quando comparado aos escores de conformação, portanto devem responder mais rapidamente a seleção.

Para as características de crescimento, foram observadas estimativas de herdabilidade de igual magnitude para o ganho médio diário e velocidade de crescimento a desmama tanto para o efeito direto (0,15) quanto para o materno (0,18). Ao sobreano o ganho médio diário e velocidade de ganho de peso, também apresentaram o mesmo valores bem próximos de estimativas de herdabilidade. Portanto, é provável que estas características devem responder de forma similar à seleção direta.

As correlações genéticas entre os escores nas duas fases foi elevada, sendo igual a 0,52 para conformação e a 0,60 para precocidade. Estes altos valores são esperados, visto que a avaliação dos escores à desmama está contida na avaliação dos mesmos ao sobreano, não sendo possível separar uma avaliação da outra, como é possível fazer para as características de peso em que o ganho de peso pode ser determinado em cada fase de avaliação. Assim, grande parte dos genes que influenciam os escores a desmama, influenciam também a expressão desta característica ao sobreano.

As correlações genéticas entre efeito materno para características de crescimento com os escores de conformação e precocidade a desmama foram negativas, variando de -0,26 a -0,45. Essa correlação genética com os escores visuais avaliados ao sobreano foram positivas e de média a alta magnitude, tanto para conformação (variando de 0,24 a 0,45), como para precocidade (0,31 a 0,39). Portanto, quando se considera o ciclo completo em bovinos de corte, é preferível selecionar para a precocidade e conformação ao sobreano, pois respostas favoráveis ocorrem também para o efeito materno, que é de grande importância para as características avaliadas até a desmama.

As correlações genéticas entre os escores à desmama com o efeito direto para as características de crescimento foram maiores à desmama, variando de 0,41 a 0,46, do que àquelas obtidas com as características ao sobreano, as quais variaram de -0,15 a -0,09. A seleção direta para os escores avaliados à desmama deve promover resposta correlacionada maior para as características de crescimento avaliadas nesta fase, e pouca resposta é esperada para as características de crescimento ao sobreano, pois as correlações genéticas são de baixa magnitude.

As correlações genéticas e o efeito direto entre os escores ao sobreano e as características de crescimento à desmama variaram de 0,21 a 0,39 e para características de crescimento avaliadas ao sobreano a correlação genética foi mais elevada, variando de 0,47 a 0,60.

Os valores estimados para as correlações genéticas dos escores com as características de ganho médio diário ou velocidade de ganho de peso são bastante similares portanto, a seleção para qualquer uma dessas características deve promover resposta correlacionada de igual magnitude sobre os escores, visto que a herdabilidade para as características de crescimento foram muito semelhantes.

São poucos os trabalhos na literatura que apresentam correlações entre características produtivas avaliadas nas diferentes fases de vida do animal que não os pesos. Assim, trabalhos comparando características e fases distintas da vida do animal podem ser úteis para prever mudanças genéticas em uma característica quando a seleção for direcionada para outra, numa fase diferente de produção.

4 CONCLUSÕES

A seleção para escore de precocidade e conformação à desmama promove ganho genético favorável para as características de crescimento nesta fase, porém pequena resposta deve ser esperada ao sobreano para o ganho médio diário de peso ou velocidade de ganho de peso.

A seleção para escores de conformação ou precocidade ao sobreano promove ganho genético favorável para as características ganho médio diário de peso e velocidade de ganho de peso à desmama e ao sobreano.

Respostas correlacionadas de igual magnitude são esperadas para os escores de conformação e precocidade se seleção for direcionada para ganho médio diário ou para velocidade de ganho de peso.

REFERÊNCIAS

ANUALPEC. Anuário da Pecuária Brasileira. São Paulo: **Instituto FNP**, 2010.

AZEVEDO JUNIOR, J. **Modelos Bayesianos alternativos na análise genética de característica de carcaça in vivo, de bovinos guzerá**. 2010. 78 f. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

BARBOSA, L.. et al. Estimção de parâmetros genéticos em suínos usando Amostrador de Gibbs. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v. 37, n. 7, p. 1200-1206, jul. 2008.

BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas em bovinos Nelore usando inferência bayesiana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 12, p. 1412-1418, dez. 2010.

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

CARNEIRO JUNIOR., M.J. et al. Influência da informação a priori na avaliação genética animal utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 1905-1913, 2005.

COSTA, A. L. L. **Análise genética da taxa de crescimento em músculo e de características de carcaça em um rebanho de suínos Large White**. 2008.83 f. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

DAL-FARRA, R. A.; ROSO, V. M.; SCHENKEL, F. S. Efeitos de ambiente e de heterose sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame e sobre os escores visuais ao desmame de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 31, n. 3, p. 1350-1361, Mai./Jun. 2002 (suplemento).

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279 p.

FALCONER, D. S. The inheritance of liability to certain diseases estimated from the incidence from relatives. **Annal of Human Genetic**, v. 29, p. 51-76, ago. 1965.

FARIA, C. U. et al. Inferência bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, v. 8, n. 1, p. 75-86, jan./mar. 2007.

FARIA, C. U. 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, jul. 2008.

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, jul./dez. 2008.

GELMAN, A.; RUBIN, D.B. Inference from iterative simulation using multiple sequences. **Statistical Science**, v. 7, n. 4, p. 457-511, 1992.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M. **Bayesian statistics**. New York: Oxford University, 1992. p. 625-631.

GIANOLA, D. Theory and analysis of threshold characters. **Journal of animal Science**, v. 54, n. 5, 1982.

HOESCHELE, I.; GIANOLA, D. Bayesian versus maximum quasilielihood methods for sire evaluation with categorical data. **Journal of Dairy Science**, v. 72, n. 5. p.1569-1577, jun.1988.

KIPPERT; C. J. et al. Efeito de Fatores ambientais Sobre escores visuais de Avaliação à desmama e Estimativa de Parâmetros Genéticos de Bezerros da Raça Charolês. **Ciência Rural**, v. 36, n. 2. p. 579-585, Mar./Apr. 2006.

KOURY FILHO, W. et al. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 12, p. 2362-2367, dez. 2009.

KOURY FILHO, W. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 5, p. 1015-1022, jan. 2010.

MARCONDES C.R., et al. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária Zootecnia**, v. 57, n. 2, p. 234-240, apr. 2005.

NOGUEIRA, D.A.; SÁFADI, T.; FERREIRA, D.F. Avaliação de critérios de convergência univariados para o método de Monte Carlo via Cadeias de Markov. **Revista Brasileira de Estatística**, v. 65, n. 224, p. 59 - 88, jun/dez. 2004.

ORTIZ PEÑA, C. D.; CARVALHEIRO, R.; QUEIROZ, S. A.; FRIES, L. A. Comparison of selection criteria for pre-weaning growth traits of Nelore cattle. **Livestock Production Science**, v. 86, p. 163-167, mar. 2004.

PIRES, B. C. 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 Reprodução Animal.**, v. 11, n. 3, p. 651-661 jul/set, 2010.

QUEIROZ, S. A. et al. Efeitos ambientais e genéticos sobre escores visuais e ganho de peso à desmama de animais formadores da raça Brangus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 2, .p. 277-283, fev. 2009.

RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. Comment: One long run with diagnostics: implementation strategies for markov chain monte carlo. **Statistical Science**, v. 7, n. 4, p. 493-497, 1992.

RAMOS, A. A. et al. Critérios de seleção (GND e D160) para velocidades de crescimento em bubalinos de corte. **Ciência Animal Brasileira**, v. 10, n. 03, p. 776-782, 2009.

RESENDE, M.D.V; ROSA-PEREZ, J.R.H. **Genética quantitativa e estatística no melhoramento animal**. Curitiba: Imprensa Universitária, Universidade Federal do Paraná, 1999. 494p.

RESENDE, M.D.V. et al. Análise de modelos lineares mistos via inferência bayesiana. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 19, p. 4 1-70, 2001.

SILVA, N.A.M. et al. Modelo hierárquico Bayesiano aplicado na avaliação genética de curvas de crescimento de bovinos de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia.**, v. 62, n. 1, p. 647-654, abr. 2010.

THOMPSON, R. Sire evaluation. **Biometrics**, v. 35, n. 1, p. 339-353, mar.1979.

WEBER, T. et al. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para escores visuais na fase pós-desmama de bovinos da raça Aberdeen Angus. **Ciência Rural**, v. 39, n. 3, p. 832-837, nov. 2009b.

WEBER, T. et al.. 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, n. 5, p. 832-842, mai. 2009a.

ANEXO

ANEXO A – Instruções para submissão de trabalhos na revista PAB

Os trabalhos enviados à PAB devem ser inéditos e não podem ter sido encaminhados a outro periódico científico ou técnico. Dados publicados na forma de resumos, com mais de 250 palavras, não devem ser incluídos no trabalho.

A Comissão Editorial faz análise dos trabalhos antes de submetê-los à assessoria científica. Nessa análise, consideram-se aspectos como: escopo; apresentação do artigo segundo as normas da revista; formulação do objetivo de forma clara; clareza da redação; fundamentação teórica; atualização da revisão da literatura; coerência e precisão da metodologia; resultados com contribuição significativa; discussão dos fatos observados frente aos descritos na literatura; qualidade das tabelas e figuras; originalidade e consistência das conclusões. Após a aplicação desses critérios, se o número de trabalhos aprovados ultrapassa a capacidade mensal de publicação, é aplicado o critério da relevância relativa, pelo qual são aprovados os trabalhos cuja contribuição para o avanço do conhecimento científico é considerada mais significativa. Esse critério só é aplicado aos trabalhos que atendem aos requisitos de qualidade para publicação na revista, mas que, em razão do elevado número, não podem ser todos aprovados para publicação. Os trabalhos rejeitados são devolvidos aos autores e os demais são submetidos à análise de assessores científicos, especialistas da área técnica do artigo.

São considerados, para publicação, os seguintes tipos de trabalho: Artigos Científicos, Notas Científicas e Artigos de Revisão, este último a convite do Editor. Os trabalhos publicados na PAB são agrupados em áreas técnicas, cujas principais são: Entomologia, Fisiologia Vegetal, Fitopatologia, Fitotecnia, Fruticultura, Genética, Microbiologia, Nutrição Mineral, Solos e Zootecnia. O texto deve ser digitado no editor de texto Word, em espaço duplo, fonte Times New Roman, corpo 12, folha formato A4, margens de 2,5 cm, com páginas e linhas numeradas.

Escopo e política editorial

A revista Pesquisa Agropecuária Brasileira (PAB) é uma publicação mensal da Embrapa, que edita e publica trabalhos técnico-científicos originais, em português, espanhol ou inglês, resultantes de pesquisas de interesse agropecuário. A principal forma de contribuição é o Artigo, mas a PAB também publica Notas Científicas e Revisões a convite do Editor.

Análise dos artigos

A Comissão Editorial faz a análise dos trabalhos antes de submetê-los à assessoria científica. Nessa análise, consideram-se aspectos como escopo, apresentação do artigo segundo as normas da revista, formulação do objetivo de forma clara, clareza da redação, fundamentação teórica, atualização da revisão da literatura, coerência e precisão da metodologia, resultados com contribuição significativa, discussão dos fatos observados em relação aos descritos na literatura, qualidade das tabelas e figuras, originalidade e consistência das conclusões. Após a aplicação desses critérios, se o número de trabalhos aprovados ultrapassa a capacidade mensal de publicação, é aplicado o critério da relevância relativa, pelo qual são aprovados os trabalhos cuja contribuição para o avanço do conhecimento científico é considerada mais significativa. Esse critério é aplicado somente aos trabalhos que atendem aos requisitos de qualidade para publicação na revista, mas que, em razão do elevado número, não podem ser todos aprovados para publicação. Os trabalhos rejeitados são devolvidos aos autores e os

demais são submetidos à análise de assessores científicos, especialistas da área técnica do artigo.

Forma e preparação de manuscritos

- Os trabalhos enviados à PAB devem ser inéditos (não terem dados – tabelas e figuras – publicadas parcial ou integralmente em nenhum outro veículo de divulgação técnico-científica, como boletins institucionais, anais de eventos, comunicados técnicos, notas científicas etc.) e não podem ter sido encaminhados simultaneamente a outro periódico científico ou técnico. Dados publicados na forma de resumos, com mais de 250 palavras, não devem ser incluídos no trabalho.

- São considerados, para publicação, os seguintes tipos de trabalho: Artigos Científicos, Notas Científicas e Artigos de Revisão, este último a convite do Editor.

- Os trabalhos publicados na PAB são agrupados em áreas técnicas, cujas principais são: Entomologia, Fisiologia Vegetal, Fitopatologia, Fitotecnia, Fruticultura, Genética, Microbiologia, Nutrição Mineral, Solos e Zootecnia.- O texto deve ser digitado no editor de texto Microsoft Word, em espaço duplo, fonte Times New Roman, corpo 12, folha formato A4, com margens de 2,5 cm e com páginas e linhas numeradas.

Informações necessárias na submissão on-line de trabalhos

No passo 1 da submissão (Início), em "comentários ao editor", informar a relevância e o aspecto inédito do trabalho.No passo 2 da submissão (Inclusão de metadados), em "resumo da biografia" de cada autor, informar a formação e o grau acadêmico. Clicar em "incluir autor" para inserir todos os coautores do trabalho, na ordem de autoria.Ainda no passo 2, copiar e colar o título, resumo e termos para indexação (key words) do trabalho nos respectivos campos do sistema. Depois, ir à parte superior da tela, no campo "Idioma do formulário", e selecionar "English". Descer a tela (clicar na barra de rolagem) e copiar e colar o "title", "abstract" e os "index terms" nos campos correspondentes. (Para dar continuidade ao processo de submissão, é necessário que tanto o título, o resumo e os termos para indexação quanto o title, o abstract e os index terms do manuscrito tenham sido fornecidos.)No passo 3 da submissão (Transferência do manuscrito), carregar o trabalho completo em arquivo Microsoft Word 1997 a 2003.No passo 4 da submissão (Transferência de documentos suplementares), carregar, no sistema on-line da revista PAB, um arquivo Word com todas as cartas (mensagens) de concordância dos coautores coladas conforme as explicações abaixo: Colar um e-mail no arquivo word de cada coautor de concordância com o seguinte conteúdo: "Eu, ..., concordo com o conteúdo do trabalho intitulado "....." e com a submissão para a publicação na revista PAB.

Como fazer: Peça ao co autor que lhe envie um e-mail de concordância, encaminhe-o para o seu próprio e-mail (assim gerará os dados da mensagem original: assunto, data, de e para), marque todo o email e copie e depois cole no arquivo word. Assim, teremos todas as cartas de concordâncias dos co-autores num mesmo arquivo.

Organização do Artigo Científico

- A ordenação do artigo deve ser feita da seguinte forma:- Artigos em português - Título, autoria, endereços institucionais e eletrônicos, Resumo, Termos para indexação, título em

inglês, Abstract, Index terms, Introdução, Material e Métodos, Resultados e Discussão, Conclusões, Agradecimentos, Referências, tabelas e figuras.- Artigos em inglês - Título, autoria, endereços institucionais e eletrônicos, Abstract, Index terms, título em português, Resumo, Termos para indexação, Introduction, Materials and Methods, Results and Discussion, Conclusions, Acknowledgements, References, tables, figures.- Artigos em espanhol - Título, autoria, endereços institucionais e eletrônicos, Resumen, Términos para indexación; título em inglês, Abstract, Index terms, Introducción, Materiales y Métodos, Resultados y Discusión, Conclusiones, Agradecimientos, Referencias, cuadros e figuras.- O título, o resumo e os termos para indexação devem ser vertidos fielmente para o inglês, no caso de artigos redigidos em português e espanhol, e para o português, no caso de artigos redigidos em inglês.- O artigo científico deve ter, no máximo, 20 páginas, incluindo-se as ilustrações (tabelas e figuras), que devem ser limitadas a seis, sempre que possível.

Título- Deve representar o conteúdo e o objetivo do trabalho e ter no máximo 15 palavras, incluindo-se os artigos, as preposições e as conjunções.- Deve ser grafado em letras minúsculas, exceto a letra inicial, e em negrito.- Deve ser iniciado com palavras chaves e não com palavras como "efeito" ou "influência".- Não deve conter nome científico, exceto de espécies pouco conhecidas; neste caso, apresentar somente o nome binário.- Não deve conter subtítulo, abreviações, fórmulas e símbolos.- As palavras do título devem facilitar a recuperação do artigo por índices desenvolvidos por bases de dados que catalogam a literatura.

Nomes dos autores- Grafar os nomes dos autores com letra inicial maiúscula, por extenso, separados por vírgula; os dois últimos são separados pela conjunção "e", "y" ou "and", no caso de artigo em português, espanhol ou em inglês, respectivamente.- O último sobrenome de cada autor deve ser seguido de um número em algarismo arábico, em forma de expoente, entre parênteses, correspondente à chamada de endereço do autor.

Endereço dos autores- São apresentados abaixo dos nomes dos autores, o nome e o endereço postal completos da instituição e o endereço eletrônico dos autores, indicados pelo número em algarismo arábico, entre parênteses, em forma de expoente.- Devem ser agrupados pelo endereço da instituição.- Os endereços eletrônicos de autores da mesma instituição devem ser separados por vírgula.

Resumo- O termo Resumo deve ser grafado em letras minúsculas, exceto a letra inicial, na margem esquerda, e separado do texto por travessão.- Deve conter, no máximo, 200 palavras, incluindo números, preposições, conjunções e artigos.- Deve ser elaborado em frases curtas e conter o objetivo, o material e os métodos, os resultados e a conclusão.- Não deve conter citações bibliográficas nem abreviaturas.- O final do texto deve conter a principal conclusão, com o verbo no presente do indicativo.

Termos para indexação- A expressão Termos para indexação, seguida de dois-pontos, deve ser grafada em letras minúsculas, exceto a letra inicial.

- Os termos devem ser separados por vírgula e iniciados com letra minúscula.- Devem ser no mínimo três e no máximo seis, considerando-se que um termo pode possuir duas ou mais palavras.

- Não devem conter palavras que compoñham o título.

- Devem conter o nome científico (só o nome binário) da espécie estudada.- Devem, preferencialmente, ser termos contidos no AGROVOC: Multilingual Agricultural Thesaurus ou no Índice de Assuntos da base SciELO

.Introdução- A palavra Introdução deve ser centralizada e grafada com letras minúsculas, exceto a letra inicial, e em negrito.- Deve apresentar a justificativa para a realização do trabalho, situar a importância do problema científico a ser solucionado e estabelecer sua relação com outros trabalhos publicados sobre o assunto.- O último parágrafo deve expressar o objetivo de forma coerente com o descrito no início do Resumo.

Material e Métodos- A expressão Material e Métodos deve ser centralizada e grafada em negrito; os termos Material e Métodos devem ser grafados com letras minúsculas, exceto as letras iniciais. - Deve ser organizado, de preferência, em ordem cronológica.- Deve apresentar a descrição do local, a data e o delineamento do experimento, e indicar os tratamentos, o número de repetições e o tamanho da unidade experimental. - Deve conter a descrição detalhada dos tratamentos e variáveis.- Deve-se evitar o uso de abreviações ou as siglas.- Os materiais e os métodos devem ser descritos de modo que outro pesquisador possa repetir o experimento.- Devem ser evitados detalhes supérfluos e extensas descrições de técnicas de uso corrente.- Deve conter informação sobre os métodos estatísticos e as transformações de dados.- Deve-se evitar o uso de subtítulos; quando indispensáveis, grafá-los em negrito, com letras minúsculas, exceto a letra inicial, na margem esquerda da página.

Resultados e Discussão- A expressão Resultados e Discussão deve ser centralizada e grafada em negrito, com letras minúsculas, exceto a letra inicial.- Todos os dados apresentados em tabelas ou figuras devem ser discutidos.- As tabelas e figuras são citadas sequencialmente.- Os dados das tabelas e figuras não devem ser repetidos no texto, mas discutidos em relação aos apresentados por outros autores.- Evitar o uso de nomes de variáveis e tratamentos abreviados.- Dados não apresentados não podem ser discutidos.- Não deve conter afirmações que não possam ser sustentadas pelos dados obtidos no próprio trabalho ou por outros trabalhos citados.- As chamadas às tabelas ou às figuras devem ser feitas no final da primeira oração do texto em questão; se as demais sentenças do parágrafo referirem-se à mesma tabela ou figura, não é necessária nova chamada.- Não apresentar os mesmos dados em tabelas e em figuras.- As novas descobertas devem ser confrontadas com o conhecimento anteriormente obtido.

Conclusões- O termo Conclusões deve ser centralizado e grafado em negrito, com letras minúsculas, exceto a letra inicial.- Devem ser apresentadas em frases curtas, sem comentários adicionais, com o verbo no presente do indicativo.- Devem ser elaboradas com base no objetivo do trabalho.- Não podem consistir no resumo dos resultados.- Devem apresentar as novas descobertas da pesquisa.- Devem ser numeradas e no máximo cinco.

Agradecimentos- A palavra Agradecimentos deve ser centralizada e grafada em negrito, com letras minúsculas, exceto a letra inicial.- Devem ser breves e diretos, iniciando-se com "Ao, Aos, À ou Às" (pessoas ou instituições).- Devem conter o motivo do agradecimento.

Referências- A palavra *Referências* deve ser centralizada e grafada em negrito, com letras minúsculas, exceto a letra inicial.

- Devem ser de fontes atuais e de periódicos: pelo menos 70% das referências devem ser dos últimos 10 anos e 70% de artigos de periódicos.

- Devem ser normalizadas de acordo com a NBR 6023 da ABNT, com as adaptações descritas a seguir.-

Devem ser apresentadas em ordem alfabética dos nomes dos autores, separados por ponto-e-vírgula, sem numeração.

- Devem apresentar os nomes de todos os autores da obra.
- Devem conter os títulos das obras ou dos periódicos grafados em negrito.
- Devem conter somente a obra consultada, no caso de citação de citação.
- Todas as referências devem registrar uma data de publicação, mesmo que aproximada.
- Devem ser trinta, no máximo.

Exemplos:

- Artigos de Anais de Eventos (aceitos apenas trabalhos completos)

AHRENS, S. A fauna silvestre e o manejo sustentável de ecossistemas florestais. In: SIMPÓSIO LATINO-AMERICANO SOBRE MANEJO FLORESTAL, 3., 2004, Santa Maria. **Anais**. Santa Maria: UFSM, Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, 2004. p.153-162.

- Artigos de periódicos

SANTOS, M.A. dos; NICOLÁS, M.F.; HUNGRIA, M. Identificação de QTL associados à simbiose entre *Bradyrhizobium japonicum*, *B. elkanii* e soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.67-75, 2006.

- Capítulos de livros

AZEVEDO, D.M.P. de; NÓBREGA, L.B. da; LIMA, E.F.; BATISTA, F.A.S.; BELTRÃO, N.E. de M. Manejo cultural. In: AZEVEDO, D.M.P.; LIMA, E.F. (Ed.). **O agronegócio da mamona no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão; Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. p.121-160.

- Livros

OTSUBO, A.A.; LORENZI, J.O. **Cultivo da mandioca na Região Centro-Sul do Brasil**. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste; Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2004. 116p. (Embrapa Agropecuária Oeste. Sistemas de produção, 6).

- Teses

HAMADA, E. **Desenvolvimento fenológico do trigo (cultivar IAC 24 - Tucuruí), comportamento espectral e utilização de imagens NOAA-AVHRR**. 2000. 152p. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas.

- Fontes eletrônicas

EMBRAPA AGROPECUÁRIA OESTE. **Avaliação dos impactos econômicos, sociais e ambientais da pesquisa da Embrapa Agropecuária Oeste**: relatório do ano de 2003. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2004. 97p. (Embrapa Agropecuária Oeste. Documentos, 66). Disponível em: . Acesso em: 18 abr. 2006.

Citações- Não são aceitas citações de resumos, comunicação pessoal, documentos no prelo ou qualquer outra fonte, cujos dados não tenham sido publicados.

- A autocitação deve ser evitada.

- Devem ser normalizadas de acordo com a NBR 10520 da ABNT, com as adaptações descritas a seguir.

- Redação das citações dentro de parênteses

- Citação com um autor: sobrenome grafado com a primeira letra maiúscula, seguido de vírgula e ano de publicação.

- Citação com dois autores: sobrenomes grafados com a primeira letra maiúscula, separados pelo "e" comercial (&), seguidos de vírgula e ano de publicação.

- Citação com mais de dois autores: sobrenome do primeiro autor grafado com a primeira letra maiúscula, seguido da expressão et al., em fonte normal, vírgula e ano de publicação.

- Citação de mais de uma obra: deve obedecer à ordem cronológica e em seguida à ordem alfabética dos autores.

- Citação de mais de uma obra dos mesmos autores: os nomes destes não devem ser repetidos; colocar os anos de publicação separados por vírgula.

- Citação de citação: sobrenome do autor e ano de publicação do documento original, seguido da expressão "citado por" e da citação da obra consultada.

- Deve ser evitada a citação de citação, pois há risco de erro de interpretação; no caso de uso de citação de citação, somente a obra consultada deve constar da lista de referências.-
Redação das citações fora de parênteses

- Citações com os nomes dos autores incluídos na sentença: seguem as orientações anteriores, com os anos de publicação entre parênteses; são separadas por vírgula.

Fórmulas, expressões e equações matemáticas- Devem ser iniciadas à margem esquerda da página e apresentar tamanho padronizado da fonte Times New Roman.

- Não devem apresentar letras em itálico ou negrito, à exceção de símbolos escritos convencionalmente em itálico.

Tabelas- As tabelas devem ser numeradas seqüencialmente, com algarismo arábico, e apresentadas em folhas separadas, no final do texto, após as referências.

- Devem ser auto-explicativas.- Seus elementos essenciais são: título, cabeçalho, corpo (colunas e linhas) e coluna indicadora dos tratamentos ou das variáveis.
- Os elementos complementares são: notas-de-rodapé e fontes bibliográficas.- O título, com ponto no final, deve ser precedido da palavra Tabela, em negrito; deve ser claro, conciso e completo; deve incluir o nome (vulgar ou científico) da espécie e das variáveis dependentes.
- No cabeçalho, os nomes das variáveis que representam o conteúdo de cada coluna devem ser grafados por extenso; se isso não for possível, explicar o significado das abreviaturas no título ou nas notas-de-rodapé.
- Todas as unidades de medida devem ser apresentadas segundo o Sistema Internacional de Unidades.
- Nas colunas de dados, os valores numéricos devem ser alinhados pelo último algarismo.
- Nenhuma célula (cruzamento de linha com coluna) deve ficar vazia no corpo da tabela; dados não apresentados devem ser representados por hífen, com uma nota-de-rodapé explicativa.
- Na comparação de médias de tratamentos são utilizadas, no corpo da tabela, na coluna ou na linha, à direita do dado, letras minúsculas ou maiúsculas, com a indicação em nota-de-rodapé do teste utilizado e a probabilidade.
- Devem ser usados fios horizontais para separar o cabeçalho do título, e do corpo; usá-los ainda na base da tabela, para separar o conteúdo dos elementos complementares. Fios horizontais adicionais podem ser usados dentro do cabeçalho e do corpo; não usar fios verticais.
- As tabelas devem ser editadas em arquivo Word, usando os recursos do menu Tabela; não fazer espaçamento utilizando a barra de espaço do teclado, mas o recurso recuo do menu Formatar Parágrafo.
- Notas de rodapé das tabelas- Notas de fonte: indicam a origem dos dados que constam da tabela; as fontes devem constar nas referências.
- Notas de chamada: são informações de caráter específico sobre partes da tabela, para conceituar dados. São indicadas em algarismo arábico, na forma de expoente, entre parênteses, à direita da palavra ou do número, no título, no cabeçalho, no corpo ou na coluna indicadora. São apresentadas de forma contínua, sem mudança de linha, separadas por ponto.- Para indicação de significância estatística, são utilizadas, no corpo da tabela, na forma de expoente, à direita do dado, as chamadas ns (não-significativo); * e ** (significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente).

Figuras- São consideradas figuras: gráficos, desenhos, mapas e fotografias usados para ilustrar o texto.

- Só devem acompanhar o texto quando forem absolutamente necessárias à documentação dos fatos descritos.

- O título da figura, sem negrito, deve ser precedido da palavra Figura, do número em algarismo arábico, e do ponto, em negrito.
- Devem ser auto-explicativas.- A legenda (chave das convenções adotadas) deve ser incluída no corpo da figura, no título, ou entre a figura e o título.- Nos gráficos, as designações das variáveis dos eixos X e Y devem ter iniciais maiúsculas, e devem ser seguidas das unidades entre parênteses.
- Figuras não-originais devem conter, após o título, a fonte de onde foram extraídas; as fontes devem ser referenciadas.
- O crédito para o autor de fotografias é obrigatório, como também é obrigatório o crédito para o autor de desenhos e gráficos que tenham exigido ação criativa em sua elaboração.
- As unidades, a fonte (Times New Roman) e o corpo das letras em todas as figuras devem ser padronizados.
- Os pontos das curvas devem ser representados por marcadores contrastantes, como: círculo, quadrado, triângulo ou losango (cheios ou vazios).
- Os números que representam as grandezas e respectivas marcas devem ficar fora do quadrante.
- As curvas devem ser identificadas na própria figura, evitando o excesso de informações que comprometa o entendimento do gráfico.
- Devem ser elaboradas de forma a apresentar qualidade necessária à boa reprodução gráfica e medir 8,5 ou 17,5 cm de largura.
- Devem ser gravadas nos programas Word, Excel ou Corel Draw, para possibilitar a edição em possíveis correções.- Usar fios com, no mínimo, 3/4 ponto de espessura.- No caso de gráfico de barras e colunas, usar escala de cinza (exemplo: 0, 25, 50, 75 e 100%, para cinco variáveis).
- Não usar negrito nas figuras.- As figuras na forma de fotografias devem ter resolução de, no mínimo, 300 dpi e ser gravadas em arquivos extensão TIF, separados do arquivo do texto.- Evitar usar cores nas figuras; as fotografias, porém, podem ser coloridas.

Notas Científicas- Notas científicas são breves comunicações, cuja publicação imediata é justificada, por se tratar de fato inédito de importância, mas com volume insuficiente para constituir um artigo científico completo. - Apresentação de Notas Científicas

- A ordenação da Nota Científica deve ser feita da seguinte forma: título, autoria (com as chamadas para endereço dos autores), Resumo, Termos para indexação, título em inglês, Abstract, Index terms, texto propriamente dito (incluindo introdução, material e métodos, resultados e discussão, e conclusão, sem divisão), Referências, tabelas e figuras.
- As normas de apresentação da Nota Científica são as mesmas do Artigo Científico, exceto nos seguintes casos:- Resumo com 100 palavras, no máximo.- Deve ter apenas oito páginas,

incluindo-se tabelas e figuras.- Deve apresentar, no máximo, 15 referências e duas ilustrações (tabelas e figuras).

Outras informações- Não há cobrança de taxa de publicação.- Os manuscritos aprovados para publicação são revisados por no mínimo dois especialistas.- O editor e a assessoria científica reservam-se o direito de solicitar modificações nos artigos e de decidir sobre a sua publicação.- São de exclusiva responsabilidade dos autores as opiniões e conceitos emitidos nos trabalhos.- Os trabalhos aceitos não podem ser reproduzidos, mesmo parcialmente, sem o consentimento expresso do editor da PAB.Contatos com a secretaria da revista podem ser feitos por telefone: (61)3448-4231 e 3273-9616, fax: (61)3340-5483, via e-mail: pab@sct.embrapa.br ou pelos correios: Embrapa Informação TecnológicaPesquisa Agropecuária Brasileira – PABCaixa Postal 040315CEP 70770 901 Brasília, DF