

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**EFEITO DA ESCALA E DO MODELO DE ANÁLISE NA
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ESCORES VISUAIS – ESTUDO
DE SIMULAÇÃO**

Fabiana Barichello
Médica Veterinária

Jaboticabal – SP – Brasil
2011

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**EFEITO DA ESCALA E DO MODELO DE ANÁLISE NA
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ESCORES VISUAIS – ESTUDO
DE SIMULAÇÃO**

Fabiana Barichello

Orientador: Prof. Dr. Maurício Mello de Alencar

Co-orientador: Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Campus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento Animal.

Jaboticabal – SP – Brasil
Fevereiro de 2011

Barichello, Fabiana
B252e Efeito da escala e do modelo de análise na avaliação genética de
escores visuais – Estudo de simulação / Fabiana Barichello. – –
Jaboticabal, 2011
vii, 68 f. : il. ; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, 2011

Orientador: Maurício Mello de Alencar

Banca examinadora: Danísio Prado Munari, Elias Nunes Martins,
Gerson Barreto Mourão, Henrique Nunes de Oliveira

Bibliografia

1. Bovinos de corte. 2. Escores visuais. 3. Simulação. I. Título. II.
Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.2:636.082

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação –
Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

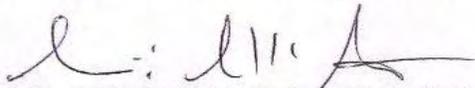
TÍTULO: EFEITO DA ESCALA E DO MODELO DE ANÁLISE NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ESCORES VISUAIS - ESTUDO DE SIMULAÇÃO

AUTORA: FABIANA BARICHELO

ORIENTADOR: Prof. Dr. MAURICIO MELLO DE ALENCAR

CO-ORIENTADOR: Prof. Dr. ROBERTO AUGUSTO DE ALMEIDA TORRES JUNIOR

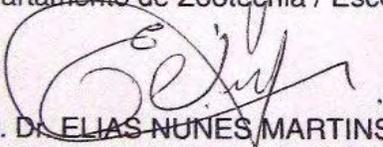
Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL , pela Comissão Examinadora:



Prof. Dr. MAURICIO MELLO DE ALENCAR
EMBRAPA Pecuária Sudeste / São Carlos/SP



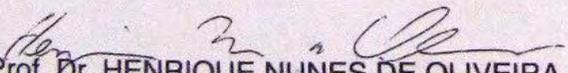
Prof. Dr. GERSON BARRETO MOURÃO
Departamento de Zootecnia / Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - USP / Piracicaba/SP



Prof. Dr. ELIAS NUNES MARTINS
Departamento de Zootecnia / Universidade Estadual de Maringá



Prof. Dr. DANÍSIO PRADO MUNARI
Departamento de Ciências Exatas / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal



Prof. Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA
Departamento de Zootecnia / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Data da realização: 18 de fevereiro de 2011.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

FABIANA BARICHELO - nascida em Cruz Alta - RS, no dia 04 de outubro de 1982, formou-se em Medicina Veterinária pela Universidade Federal de Santa Maria – RS, em julho de 2005. Durante os períodos de janeiro a março de 2004 e de janeiro a junho de 2005 e realizou estágio na área de Melhoramento Genético Animal na Embrapa Gado de Corte, sob a orientação do Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior. Em agosto de 2005, iniciou o mestrado em Genética e Melhoramento Animal, na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Unesp, Campus de Jaboticabal, sob a orientação do Prof. Dr. Maurício Mello de Alencar e co-orientação do Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior, recebendo o título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal em fevereiro de 2007. Em março de 2007, iniciou o programa de doutorado em Genética e Melhoramento Animal, na mesma instituição, sob a orientação do Prof. Dr. Maurício Mello de Alencar e co-orientação do Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior. Em outubro de 2007, participou do XXVII Curso Internacional de Mejora Genética Animal, oferecido pelo INIA em Madri, Espanha. No período de julho de 2009 a maio de 2010, realizou estágio na University of Georgia sob a supervisão do Dr. Ignacy Misztal.

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais Abrilinho (*in memorium*) e Orilde pela vida e oportunidade.

Ao Dr. Maurício Mello de Alencar pela orientação segura e dedicada, os ensinamentos transmitidos, incentivos e amizade, muito obrigada.

Ao Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior pelas constantes orientações e ensinamentos, pela amizade, por acreditar e investir em mim, minha eterna gratidão.

À Embrapa Pecuária Sudeste e a Embrapa Gado de Corte pela infraestrutura, atenção e apoio de seus pesquisadores e funcionários.

Aos professores Danísio Prado Munari, Henrique Nunes de Oliveira, Jeffrey Frederico Lui e Sandra Aidar de Queiroz pelas valiosas considerações prestadas no Exame de Qualificação.

Ao Prof. Dr. Elias Nunes Martins, ao Prof. Dr. Gerson Barreto Mourão, ao Prof. Dr. Danísio Prado Munari e ao Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira pela disponibilidade em participar da banca examinadora e por suas valiosas sugestões que permitiram aperfeiçoar este trabalho.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, pela oportunidade de desenvolver o doutorado.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) e a Coordenação de Aperfeiçoamento do Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão das bolsas de estudo.

À University of Georgia, ao Dr. Ignacy Misztal e demais integrantes do Animal Breeding and Genetics Group pelo convívio, oportunidade e ensinamentos.

Aos amigos de perto ou de longe, colegas, companheiros de pós-graduação pela amizade, convívio, suporte, ajuda e aprendizagem.

E a todos que direta ou indiretamente contribuíram para que este trabalho fosse realizado, muito obrigada.

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
Revisão de Literatura.....	3
Referências Bibliográficas	11
CAPÍTULO 2 – ANÁLISE GENÉTICA DE ESCORES VISUAIS UTILIZANDO MODELOS LINEARES E DE LIMIAR: I. ESTIMATIVA DE VALORES GENÉTICOS PARA ESCORES ATRIBUÍDOS POR ESCALA RELATIVA E FIXA	17
Resumo	17
Introdução.....	18
Material e Métodos	19
Resultados e Discussão	24
Conclusões.....	34
Referências Bibliográficas	36
CAPÍTULO 3 – ANÁLISE GENÉTICA DE ESCORES VISUAIS UTILIZANDO MODELOS LINEARES E DE LIMIAR: II. ESTIMATIVA DE VALORES GENÉTICOS PARA DIFERENTES ESCORES RELATIVOS	38
Resumo	38
Introdução.....	39
Material e Métodos	40
Resultados e Discussão	45
Conclusões.....	55
Referências Bibliográficas	56
CAPÍTULO 4 – IMPLICAÇÕES	59
APÊNDICE	61

EFEITO DA ESCALA E DO MODELO DE ANÁLISE NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ESCORES VISUAIS – ESTUDO DE SIMULAÇÃO

RESUMO – Várias características são avaliadas por meio de escores visuais nos programas de avaliação genética no Brasil. Os sistemas de atribuição dos escores variam quanto ao número de classes de notas, ao referencial adotado para atribuição das notas e à frequência das notas nas diferentes classes e ao modelo empregado na análise dos dados. O objetivo neste estudo foi avaliar o impacto de diferentes escalas de atribuição dos escores, modelos de análise dos dados e sua interação na identificação dos genótipos superiores para essas características, por meio de dados simulados. Foram simulados dados de uma característica contínua na escala subjacente, transformados em valores (1 a 6) na escala discreta observada, com diferentes escalas (relativa uniforme, relativa normal, relativa assimétrica e fixa), dois valores de herdabilidade (0,25 e 0,49) e duas variâncias de grupos de contemporâneos (0,25 e 1,00). Estimaram-se os valores genéticos utilizando modelos de limiar, linear e linear após transformação dos dados. Análises com modelo de limiar e notas com escala relativa normal apresentaram melhores acurácias para a predição dos valores genéticos. A utilização do modelo de limiar incrementa a acurácia das estimativas, mas em razão da demanda computacional e de problemas de implementação, o modelo linear pode ser empregado na análise de dados categóricos avaliados sob escala relativa normal com seis classes. A transformação de dados proposta foi eficiente em algumas situações, podendo ser considerada como alternativa ao modelo linear, dependendo da estrutura dos dados.

Palavras-chave: bovinos de corte, escala relativa, modelo de limiar, dados transformados

EFFECT OF SCALE AND MODEL OF ANALYSIS ON GENETIC EVALUATION OF VISUAL SCORES – SIMULATION STUDY

Abstract – Genetic improvement programs in Brazil involve the monitoring of many traits that are evaluated by means of visual scores. The systems used to evaluate animals vary in terms of the number of classes, the referential from which the scores are given, the distribution of observations in score classes and the model used to analyze the data. The objective of this study was to evaluate the impact of different scales of score evaluation, models of analysis and their interactions on the identification of superior genotypes for visual scores, by means of a simulation study. Data of a continuous trait were simulated in a subjacent scale and then transformed into a discrete trait (1 to 6) in the observable scale, with different scale distributions (uniform relative, normal relative, asymmetric relative and fixed), two heritabilities (0.25 and 0.49) and two contemporary group variances (0.25 and 1.00). Breeding values were estimated using threshold model, linear model and linear model after data transformation. The threshold model and the relative normal scale showed better accuracy for the prediction of breeding values. The use of a threshold model can lead to an increase in the estimates' accuracy, but despite the computational demand and implementation issues, the linear model can be used to analyze discrete data assigned under a normal relative scale with six score classes. The proposed data transformation was effective for some situations and depending on the data structure it should be considered as an alternative option instead of linear model.

Key words: beef cattle, scale of evaluation, threshold model, transformed data

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

Dentre as estratégias do melhoramento genético animal, a seleção procura utilizar as diferenças genéticas existentes entre indivíduos dentro de uma raça, visando aumentar a frequência de genes desejáveis nos animais do sistema. O sucesso na seleção dos pais da próxima geração está diretamente relacionado ao processo de colheita de informações fenotípicas e a utilização de um procedimento de análise apropriado permitindo prever o valor genético dos animais mais acuradamente.

Na busca por implementar avaliações para novos critérios de seleção ligados à qualidade de carcaça, adaptabilidade, etc., o elevado custo ou a baixa operacionalidade da avaliação por critérios mais objetivos tem levado ao uso de métodos subjetivos, como os escores visuais. Neste sentido, várias características passaram a ser avaliadas nos programas de melhoramento de bovinos de corte por meio de escores, tais como estrutura, precocidade, musculabilidade, conformação, conformação frigorífica, umbigo, condição corporal, temperamento e adaptabilidade.

Para essas características, é feita visualização das diferenças contínuas entre os animais e são atribuídas notas (escores) que têm natureza discreta. Os diversos sistemas utilizados na avaliação dos animais variam quanto ao número de classes de notas, quanto ao referencial a que são dadas as notas e quanto à frequência das notas nas várias classes, dependendo da característica e do programa de avaliação. Assim, o número de classes varia de dois, como em temperamento (FUERST, 2006), nove ou dez, como para condição corporal de vacas (MERCADANTE et al., 2006), até 50, como para escores de teto (SAPP et al., 2003), sendo mais comum escores de cinco ou seis classes, como para conformação frigorífica (BARICHELLO et al., 2010) e o conjunto de características de conformação, precocidade e musculabilidade (FARIA et al., 2008ab). Quanto ao referencial, o escore pode ser de escala fixa (condição corporal, umbigo, pelagem, temperamento), em que a nota dada ao animal independe do meio, ou seja, as classes obedecem a um padrão fixo pré-estabelecido, ou de escala relativa (conformação, precocidade, musculabilidade), em que a nota dada ao animal é relativa ao seu grupo de contemporâneos. Enquanto a escala fixa facilita a elaboração de um

referencial único e a padronização da avaliação entre diversos avaliadores, bem como uma observação direta da evolução do rebanho (tendência fenotípica), uma escala relativa privilegia a discriminação entre os animais no grupo de contemporâneos, evitando que condições de manejo forcem a concentração de notas nas classes extremas e reduza a quantidade de informação sobre o ordenamento dos animais para um dado quesito sob avaliação.

Além da natureza dos dados e das diferentes formas de obtê-los, outra questão é a forma de analisar os dados. Encontram-se na literatura vários trabalhos utilizando modelos lineares mistos na predição de valores genéticos para características categóricas. Os modelos lineares mistos são considerados mais adequados para a estimação dos efeitos aleatórios quando a variável resposta é contínua (HENDERSON, 1973 citado por ABDEL-AZIM & BERGER, 1999). No entanto, o uso de modelos lineares mistos não é o mais indicado para dados discretos (ABDEL-AZIM & BERGER, 1999; LUO et al., 2001). Assim, outros modelos mais adequados têm sido descritos para a avaliação dessas características, como o modelo de limiar.

O modelo de limiar (*threshold model*) relaciona a resposta observada na escala categórica com uma escala subjacente contínua e normal, assumindo um modelo linear na escala subjacente (FALCONER & MACKAY, 1996), o que muito se aproxima das formas de manifestação e de avaliação reais dessas características. As notas de uma dada categoria são observadas/atribuídas se os valores da escala subjacente estiverem localizados dentro dos limiares que definem aquela categoria. Para dados categóricos, a frequência esperada das classes depende da posição da média na escala subjacente em relação aos valores fixos dos limiares (FARIA et al., 2008b).

O modelo de limiar seria mais adequado para a avaliação de dados categóricos, mas sua implementação na prática é mais complexa e, normalmente, envolve o emprego de inferência Bayesiana com uso do Amostrador de Gibbs. Entretanto, o número razoavelmente grande de classes utilizado na avaliação dos escores visuais, bem como o grande volume de dados e a maior simplicidade de análise, tem levado à utilização de modelos lineares mistos na análise da grande maioria das características categóricas avaliadas nos programas de melhoramento de bovinos de corte.

Desta forma, é relevante o estudo do impacto que a forma de avaliação de características avaliadas por escores visuais tem na discriminação entre os animais, bem como sua interação com o modelo empregado na predição dos valores genéticos resultando em diferenças na aproximação do valor genético verdadeiro e no progresso genético obtido nos programas de seleção.

Objetivos

Comparar diferentes escalas de atribuição dos escores visuais e modelos de análise, bem como a interação entre eles, na habilidade de prever valores genéticos por meio de um estudo com dados simulados.

Revisão de Literatura

Atualmente, no Brasil, os escores visuais estão sendo amplamente utilizados em programas de melhoramento genético de bovinos de corte. Esses escores são avaliados de diferentes formas (escalas fixa ou relativa), dependendo da característica e do programa de melhoramento.

Existem escores que possuem pequeno número de classes (2 a 3) como em Fuerst (2006), em virtude de pequena capacidade de discriminação entre os animais, e existem escores que são avaliados com grande número de classes (SAPP et al., 2003). No entanto, em função do tempo disponível para observação e do poder de discriminação entre as classes de escores pelos técnicos, os programas de melhoramento, em sua grande maioria, tem adotado a atribuição de escores visuais numa escala de 5 ou 6 classes.

Sapp et al. (2003) estudaram escores visuais de teto em vacas Gelbvieh ao primeiro parto que variavam de 0 (muito grande) a 50 (muito pequeno) e testaram o impacto da redução do número de escores para cinco ou dez classes de respostas sobre as estimativas dos parâmetros genéticos. Os autores sugeriram que a classificação simplificada por escores (5 ou 10 classes de respostas) poderia ser adotada sem comprometer o progresso genético esperado para a característica.

Além do número de classes, o referencial de atribuição dos escores tem grande impacto na forma de avaliação e nas propriedades dos dados gerados. Quando o referencial é fixo (escala fixa), os animais que recebem a mesma nota apresentam o mesmo aspecto visual, independente do meio. Esse tipo de escore é tradicionalmente utilizado para avaliação da condição corporal de vacas, tamanho de umbigo e temperamento.

Quando a característica sob avaliação é mais influenciada pelas condições de meio, estes escores baseados em escala fixa tendem a ser menos informativos para grupos sujeitos a condições extremas em que a maior parte dos animais recebe escore máximo ou mínimo. No sentido de contornar estes problemas, surgiram os escores relativos, que são avaliados tendo como referencial o grupo a que o animal pertence (escala relativa). Entretanto, existem questionamentos quanto à capacidade dos escores atribuídos de forma relativa considerarem adequadamente a tendência genética, dado que a média permanece constante ao longo do tempo. Outro problema desses escores é a tendência de os avaliadores evitarem escores baixos, o que causa concentração de notas nos escores mais altos.

Cardoso et al. (2001b) estudaram escores visuais de bovinos Angus à desmama, avaliados relativamente aos grupos de contemporâneos, e relataram efeitos de grupo de contemporâneos, de mês de nascimento, idade da vaca ao parto, sexo e idade do bezerro sobre os escores visuais. Estes efeitos, segundo os autores, possivelmente foram devido às diferenças de habilidade entre técnicos para atribuir os escores de forma relativa ao grupo de contemporâneos. No entanto, o relato de efeitos ambientais sobre escores visuais avaliados de forma relativa ao grupo de contemporâneos é freqüente na literatura (PONS et al., 1989; JORGE JÚNIOR et al., 2004; KIPPERT et al., 2006; BARICHELLO et al., 2011). Isso é perfeitamente explicado por possíveis diferenças quanto ao mérito genético e outros efeitos ambientais nos grupos de contemporâneos, que forçam a existência dessas diferenças quanto ao efeito ambiental do grupo de contemporâneos para que a média fenotípica permaneça igual em todos os grupos.

Avaliações por escores fixos ocorrem a partir de uma escala pré-definida. Considerando que estas avaliações geralmente envolvem aspectos subjetivos e que cada avaliador pode ter uma estratificação desta escala de avaliação ligeiramente diferente de outro avaliador, Varona et al. (2009) propuseram um modelo de limiar considerando o efeito de avaliador no modelo e contrastaram com dois outros modelos: linear e de limiar sem efeito de avaliador. Os autores concluíram que o modelo que incluía o efeito de avaliador foi o mais adequado, e que este resultado pode ser claramente verificado pelo fato dos limiares estimados serem perceptivelmente diferentes entre os avaliadores. O modelo proposto ainda permitiu aumento na resposta esperada à seleção.

No estudo de Van Melis et al. (2003), com animais Nelore, os escores visuais analisados (conformação, precocidade e musculosidade) apresentavam classes de respostas de 1 a 9. Já Cardoso et al. (2001ab) e Kippert et al. (2006), trabalhando com animais Angus e Charolês à desmama, respectivamente, utilizaram escores (conformação, precocidade, musculosidade e tamanho) com cinco classes de respostas. Em todos esses trabalhos, as avaliações foram feitas de forma relativa ao grupo de contemporâneos.

Outra forma de utilização dos escores visuais é na avaliação de umbigo (conjunto formado por prepúcio, umbigo, e bainha), em que, segundo revisão de Torres Júnior et al. (2003), as notas dos escores variam de acordo com as associações de raça, sendo mais comum escores com cinco ou seis classes, avaliados a partir de uma referência de tamanho e posicionamento dentro de uma escala fixa.

A avaliação de condição corporal de vacas também é efetuada por meio de escores que variam de 1 a 5 (SOCCAL et al., 2004), de 3 a 8 (MELLO et al., 2003) ou, segundo Mercadante et al. (2006), de 1 a 9, todos seguindo uma escala fixa de atribuição desses escores.

Outra característica avaliada por escore visual é o temperamento dos animais. Segundo Fuerst (2006), a característica é comumente avaliada com duas, três, cinco ou nove classes de resposta. Os escores para essa característica são atribuídos com base em escala fixa.

Fraga et al. (2003 e 2005) utilizaram escores de 0 a 4 e de 1 a 5 para avaliar as infestações de bovinos Caracu por carrapato e por mosca-dos-chifres, respectivamente, de acordo com o número de parasitas infestantes. Bueno et al. (2006) utilizaram escores, variando de 1 a 6, para avaliar tipo de pelagem e infestação por carrapato, por meio de escores fixos, em animais $\frac{1}{2}$ *Bos tauros* + $\frac{1}{2}$ *Bos indicus*.

Além das diferenças nos números de classes, formas de avaliação das características e das metodologias de estimação empregadas, os efeitos aleatórios considerados nos modelos de avaliação também variam. Alguns autores utilizaram apenas o efeito aditivo direto como efeito aleatório (KOURY FILHO et al., 2003; VAN MELIS et al., 2003; BUENO et al., 2006), outros utilizaram efeitos aditivo direto e materno como aleatórios (BUENO et al., 2006; KIPPERT et al., 2006), enquanto, Cardoso et al. (2001a) utilizaram efeitos aditivo direto e de ambiente permanente materno e Fraga et al. (2003 e 2005) consideraram os efeitos aditivos direto e de ambiente permanente do próprio animal.

Estimativas de herdabilidade foram obtidas para características de escores visuais em bovinos de corte no Brasil, utilizando modelos lineares mistos e, em geral, o método da máxima verossimilhança restrita (REML) como em Cardoso et al. (2001a), Van Melis et al. (2003) e Kippert et al. (2006) que estimaram herdabilidade de escores visuais de conformação, precocidade, musculosidade e tamanho, com escalas relativas e diferentes amplitudes, utilizando diferentes modelos e efeitos aleatórios, que variaram de 0,18 a 0,37. Para conformação frigorífica e escore de pelagem avaliados à desmama por escalas relativa e fixa, respectivamente, Barichello et al. (2010) estimaram herdabilidades iguais a 0,20 e 0,52, com modelos incluindo efeitos aditivo direto, aditivo materno e de ambiente permanente materno e de efeitos aditivo direto e de ambiente permanente materno, respectivamente. Também para tipo de pelagem, Bueno et al. (2006) estimaram herdabilidade de 0,50, por meio de modelo animal. Para tamanho do umbigo, também utilizando diferentes modelos, Viu et al. (1999), Koury Filho et al. (2003) e Barichello et al. (2010) estimaram valores de herdabilidade que variaram de 0,10 a 0,29. Para condição corporal de vaca, Mello et al. (2003), utilizando inferência bayesiana, e Mercadante et al. (2006), utilizando o método REML, estimaram valores

de herdabilidade que variaram de 0,19 a 0,29. Trabalhando com escores de resistência ao carrapato e à mosca-dos-chifres, Fraga et al. (2003 e 2005) estimaram valores de herdabilidade de 0,15 e 0,06, após transformação para $(x + 0,5)^{1/2}$, enquanto que Bueno et al. (2006) estimaram herdabilidade de 0,06 para escore de infestação por carrapatos.

Outra forma de abordagem para análise de características avaliadas por meio de escores visuais é a transformação dos escores de forma que estes apresentem propriedades de dados lineares como em Fuerst (2006). O autor analisou escore de temperamento com três e quatro classes de resposta, sendo que os escores foram transformados para escore de Snell (SNELL, 1964) e posteriormente analisados por um modelo animal linear, estimando herdabilidade de 0,04. Matilainen et al. (2009), em estudo com dados de peso ao nascer, tempo de gestação e facilidade de parto para bovinos da raça Limousin, na Inglaterra, testando modelos de limiar, linear e linear com escores normalizados, relataram altas (0,90) correlações entre os três modelos estudados, porém, relataram também uma grande mudança na classificação dos melhores animais, sendo 0,68 e 0,60 as correlações encontradas entre os modelos linear e linear com escores normalizados com o modelo de limiar, respectivamente.

Marcondes et al. (2005) estimaram herdabilidade para a característica de habilidade de permanência no rebanho (“stayability”) por meio de modelos linear e de limiar, encontrando menor estimativa de herdabilidade quando a característica foi avaliada sob metodologia linear em comparação à limiar. No entanto, quando o valor de herdabilidade estimado no modelo linear foi transformado para a escala normal subjacente, conforme sugerido por Robertson em Dempster & Lerner (1950) (a transformação leva em consideração a herdabilidade estimada na escala observada, a frequência de dados em cada classe de respostas para a característica e a distribuição acumulada), o valor obtido ficou bem próximo aquele encontrado sob o modelo de limiar. Isto ressalta a importância de se considerar o procedimento de análise na interpretação da estimativa da herdabilidade para escore visual.

O modelo linear estima os parâmetros genéticos na escala observada, enquanto o modelo de limiar estima os parâmetros genéticos na escala de limiar. Como há um processo de perda de informação quando os fenótipos na escala subjacente são

agrupados em classes que recebem o mesmo valor fenotípico na escala observada, nesta escala os dados têm menos informação sobre os valores genéticos e, por isso, menor herdabilidade. Segundo Van Tassel et al. (1998), a utilização dos modelos de limiar para a estimativa dos parâmetros genéticos de dados categóricos poderá proporcionar maiores ganhos genéticos, como consequência da obtenção de maiores estimativas de herdabilidade na escala subjacente, o que proporciona melhor identificação de animais com valores genéticos superiores.

Abdel-Azim & Berger (1999) simularam alguns cenários de avaliações de características discretas, variando herdabilidade, número de classes de resposta ou distribuições de frequências, e estimaram parâmetros genéticos das características por meio de modelo de limiar, linear ou linear com dados transformados, sob modelo touro. Para o referido estudo, os autores concluíram haver grande perda de acurácia nas estimativas para dados categóricos quando estes foram avaliados sob modelos lineares.

Faria et al. (2008a) estimaram correlações genéticas entre escores visuais e características de crescimento à desmama em animais Nelore por meio de modelos bayesianos de limiar-linear, sendo necessárias algumas considerações iniciais. Para as características contínuas não foi considerado o efeito genético aditivo materno, devido a dificuldade de estimar muitas (co)variâncias genéticas sob modelo animal limiar-linear, mas o efeito de ambiente permanente materno foi considerado. O efeito de grupo de contemporâneos foi considerado como aleatório e como efeitos fixos apenas sexo e classe de idade da vaca. Estas considerações foram necessárias visto que os modelos de limiar apresentam problemas na estimação dos componentes de variância com grande número de níveis de efeitos fixos (MORENO et al., 1997, VARONA et al., 1999, LUO et al., 2002). No entanto, ainda assim é necessário que haja um grande número de dados dentro de cada nível de efeito fixo para que a convergência seja atingida (VARONA et al., 1999). Ainda, segundo Gianola & Sorensen (2007), é necessária a fixação da variância residual em 1,0 para se obter identificabilidade na função de verossimilhança, sendo essa pressuposição padrão em análises de dados categóricos. Mesmo com todas essas restrições, os autores ainda relataram problemas de

convergência da cadeia do Amostrador de Gibbs, ocorrendo o fenômeno de crescimento indefinido dos parâmetros (*blowing up*), citado por Varona et al. (1999).

Em outro trabalho, Faria et al. (2008b) compararam as estimativas de parâmetros genéticos obtidas em análises de escores visuais por meio de inferência bayesiana sob modelo animal de limiar e linear. Após realizarem todas as considerações necessárias para o sucesso das análises por modelo de limiar, os autores concluíram não haver diferenças entre os parâmetros genéticos estimados obtidos pelos modelos de limiar e linear e também sobre a ordenação dos valores genéticos dos animais, sendo ambos os modelos aptos para a utilização em programas de melhoramento genético.

Ramirez-Valverde et al. (2001) compararam as correlações entre os valores genéticos obtidos por meio de modelos unicaráter de limiar e linear para os escores de facilidade de parto e relataram vantagem de 10% da correlação estimada com o modelo de limiar sobre o modelo linear. Entretanto, em termos práticos, para os autores a vantagem de usar modelo de limiar em vez de modelo linear não é clara, principalmente devido às dificuldades de implementação e convergência das análises por modelo de limiar.

A utilização da simulação de dados para testar diferentes abordagens de avaliação é prática comum e de reconhecida eficiência para as mais diversas características consideradas em programas de melhoramento genético, como podemos observar em Carlén et al. (2006) testando diferentes abordagens para analisar dados de mastite em bovinos, em Mekkawy et al. (2010) utilizando dados de campo e simulados para avaliar a melhor metodologia para analisar número de cordeiros por parto, Pérez-Enciso et al. (1996) propondo um novo modelo para a avaliação de dados de tamanho de leitegada em suínos, Stock et al. (2007) utilizando simulação de dados fenotípicos e genotípicos de cavalos para serem utilizados em modelos multi-características na comparação das estimativas dos componentes de variância e dos valores genéticos por diferentes abordagens estatísticas e muitos outros exemplos de utilização de simulação de dados que podem ser encontrados na literatura.

A grande vantagem em se utilizar estudos de simulação para avaliar a eficiência de novas abordagens deve-se ao conhecimento dos valores verdadeiros na população

simulada o que permite que estes sejam posteriormente comparados com os valores estimados (HENDERSON, 1975), o que permite maior conhecimento sobre as estimativas, ou seja, se as estimativas são subestimados, superestimados ou outras formas de viés nas estimativas obtidas.

Referências Bibliográficas

ABDEL-AZIM, G.A.; BERGER, P.J. Properties of threshold model predictions. **Journal of Animal Science**, v.77, p.582-590, 1999.

BARICHELO, F.; ALENCAR, M.M.; TORRES JÚNIOR, R.A.A.; SILVA, L.O.C. Herdabilidade e correlações quanto ao peso, perímetro escrotal e escores visuais à desmama, em bovinos Canchim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.563-570, 2010.

BARICHELO, F.; ALENCAR, M.M.; TORRES JÚNIOR, R.A.A.; SILVA, L.O.C. Efeitos ambientais e genéticos sobre peso, perímetro escrotal e escores de avaliação visual à desmama em bovinos da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.286-293, 2011.

BUENO, R.S.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; TORRES, R.A.; MOURÃO, G.B.; BALIEIRO, J.C.C.; MATTOS, E.C.; PEDROSA, V.B. Genetic parameters of growth and adaptive traits in a composite beef cattle population (*Bos taurus* x *Bos indicus*). In: WORLD CONGRESS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006. Belo Horizonte, MG. **Proceedings...** Belo Horizonte: SBMA: 2006. (CD-ROM).

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. 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, 2001a.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; 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, 2001b.

CARLÉN, E.; EMANUELSON, U.; STRANDBERG, E. Genetic evaluation of mastitis in dairy cattle using linear models, threshold models, and survival analysis: A simulation study. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.4049-4057, 2006.

DEMPSTER, E.R.; LERNER, I.M. Heritability of threshold characters. With an appendix by A. Robertson. **Genetics**, v.35, p.212-236, 1950.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman, 1996, 464p.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; REYES, A.L.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Estimativas de correlações genéticas entre escores visuais e características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando modelos bayesianos linear-limiar. **Ciência Animal Brasileira**, v.9, n.2, p.327-340, 2008a.

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

FRAGA, A.B.; ALENCAR, M.M.; FIGUEIREDO, L.A.; RAZOOK, A.G.; CYRILLO, J.N.S.G. Análise de fatores genéticos e ambientais que afetam a infestação de fêmeas bovinas da raça Caracu por carrapatos (*Boophilus microplus*). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.6 (Suplemento 1), p.1578-1586, 2003.

FRAGA, A.B.; ALENCAR, M.M.; FIGUEIREDO, L.A.; RAZOOK, A.G.; CYRILLO, J.N.S.G. Genetic analysis of the infestation of females of the Caracu cattle breed by Horn Fly (*Haematobia irritans irritans*) (L.) (Diptera:Muscidae). **Genetics and Molecular Biology**, v.28, n.2, p. 242-247, 2005.

FUERST, C. Genetic analysis of temperament in simmental dual purpose cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006. Belo Horizonte, MG. **Anais...** Belo Horizonte: SBMA, 2006. (CD-ROM)

GIANOLA, D.; SORENSEN, D. **Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. New York: Springer, 2007. 740p. Statistics for Biology and Health.

HENDERSON, C.R. Comparison of alternative sire evaluation methods. **Journal of Animal Science**, v.41, p. 760-770, 1975.

JORGE JÚNIOR, J.; DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G. Fatores de correção de escores visuais de conformação, precocidade e musculatura, à desmama, para idade da vaca ao parto, data juliana de nascimento e idade à desmama em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.2044-2053, 2004. (suplemento 2)

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

KOURY FILHO, W.; JUBILEU, J. S.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; PEREIRA, E.; CARDOSO, E.P. Parâmetros genéticos para escore de umbigo e características de produção em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.55, n.5, p.594-598, 2003.

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

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

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

MATILAINEN, K.; MRODE, R.; STRADÉN, I.; THOMPSON, R.; MÄNTYSAARI, E.A. Linear-threshold animal model for birth weight, gestation length and calving ease in United Kingdom Limousin beef cattle data. **Livestock Science**, v.122, p.143-148, 2009.

MEKKAWY, W.; ROEHE, R.; LEWIS, R.M.; DAVIES, M.H.; BÜNGER, L.; SIMM, G.; HARESIGN, W. Comparison of repeatability and multiple trait threshold models for litter size in sheep using observed and simulated data in Bayesian analyses. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.127, p.261-271, 2010.

MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; TORAL, F.L.B.; BARBOSA, P.F. Herdabilidade dos escores da condição corporal de vacas ao parto e ao desmame em um rebanho da raça Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40, 2003, Santa Maria, **Anais...** Santa Maria: SBZ, 2003. (CD-ROM).

MERCADANTE, M.E.Z.; SILVA, J.A. II V.; RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A. Herdabilidade do escore de condição corporal de vacas Nelore e relações com peso, altura e dias ao parto. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 43., 2006. João Pessoa, PB. **Anais...** João Pessoa: SBZ: 2006. (CD-ROM).

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

PÉREZ-ENCISO, M.; BIDANEL, J.P.; BAQUEDANO, I.; NOGUERA, J.L. A comparison of alternative genetic models for litter size in pigs. **Animal Science**, v.63, p.255-264, 1996.

PONS, S.B.; MILAGRES, J.C.; TEIXEIRA, N.M. Efeitos de fatores genéticos e de ambiente sobre o crescimento e o escore de conformação em bovinos Hereford no Rio Grande do Sul. I – Peso e escore de conformação à desmama. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.18, n.5, p.391-401, 1989.

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

SAPP, R.L.; REKAYA, R.; BERTRAND, J.K. Simulation study of teat score in first-parity Gelbvieh cows: Parameter estimation. **Journal of Animal Science**, v.81, p.2959-2963, 2003.

SNELL, E.J. A scaling procedure for ordered categorical data. **Biometrics**, v.20, p.592-607, 1964.

SOCCAL, D.C.; BRONDANI, I.L.; ALVES FILHO, D.C.; RESTLE, J.; SILVA, J.H.S.; SANTOS, C.V.M; KUSS, F.; FERREIRA, J.J.; MISSIO, R.L. Desempenho de novilhos jovens mestiços Charolês – Nelore em confinamento. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004. Campo Grande, MS. **Anais...** Campo Grande: SBZ, 2004. (CD-ROM).

STOCK, K.F.; HOESCHELE, I.; DISTL, O. Estimation of genetic parameters and prediction of breeding values for multivariate threshold and continuous data in a simulated horse population using Gibbs sampling and residual maximum likelihood. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.124, p.308-319, 2007.

TORRES JÚNIOR, R.A.A.; BIGNARDI, A.B.; SILVA, L.O.C. Seleção para correção de prepúcio e ausência de prolapso em touros de corte. **Documentos 137**. Embrapa Gado de Corte, 2003.

VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P.; SILVA, J.A.II.V.; FERRAZ, J.B.S. Estimacão de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de máxima verossimilhança restrita e R. **Revista Brasileira de Zootecnia** v.32, n.6, p.1624-1632, 2003 (suplemento).

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

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

VARONA, L.; MORENO, C.; ALTARRIBA, J. A model with heterogeneous thresholds for subjective traits: Fat cover and conformation score in the Pirenaica beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.87, p.1210-1217, 2009.

VIU, M.A.O.; TONHATI, H.; MUÑOZ, M.F.C. Abordagem genética das características de crescimento e tamanho de prepúcio em bovinos de corte. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36., 1999. Porto Alegre, RS. **Anais...** Porto Alegre: SBZ, 1999.

CAPÍTULO 2 - ANÁLISE GENÉTICA DE ESCORES VISUAIS UTILIZANDO MODELOS LINEARES E DE LIMIAR: I. ESTIMATIVA DE VALORES GENÉTICOS PARA ESCORES ATRIBUÍDOS POR ESCALA RELATIVA E FIXA

Resumo – Diferentes sistemas de atribuição de escores visuais e modelos de análise dos dados têm sido utilizados pelos programas de melhoramento genético no Brasil. O objetivo neste estudo foi comparar os valores genéticos estimados para escores visuais atribuídos de forma relativa ou de forma fixa, obtidos por análises bayesianas uni-características, por modelos animal linear, animal de limiar e animal linear com dados transformados. Foram simulados rebanhos com 40 touros e 1.200 fêmeas, selecionados ao acaso e acasalados aleatoriamente por 20 anos. Foram gerados efeitos aditivos direto e materno e de ambiente permanente materno, grupo de contemporâneos e efeito da idade da vaca ao parto, os quais juntamente com erro aleatório independente formaram o valor fenotípico do animal na escala subjacente. Foram geradas vinte repetições para cada combinação de herdabilidade direta (0,25 e 0,49) e variância de grupo de contemporâneos (0,25 e 1,00). Os dados na escala observada (escores visuais) foram gerados por meio dos valores fenotípicos na escala subjacente utilizando uma escala de atribuição fixa ou relativa ao grupo de contemporâneos de forma a se obter dados com as frequências desejadas e então analisados por três diferentes modelos (linear, limiar e linear com dados transformados). A correlação de Pearson foi obtida entre os valores genéticos preditos e os verdadeiros separadamente para as categorias de touro, vacas e progênie. Escores visuais atribuídos de forma relativa e analisados por modelo de limiar apresentaram estimativas de valor genético mais acuradas às obtidas nos demais modelos considerados, no entanto o modelo linear pode ser empregado para a análise de escores visuais relativos quando estes apresentam distribuição normal, sem perda de acurácia.

Palavras-chave: bovino de corte, dados transformados, modelo de limiar, simulação

Introdução

Os escores visuais têm sido utilizados pelos programas de melhoramento genético para avaliação de características de carcaça, de comportamento ou mesmo reprodutivas. No entanto, a forma mais difundida do uso dos escores visuais é na avaliação de características de carcaça, tais como conformação, precocidade e musculosidade (FARIA et al., 2008) e conformação frigorífica (BARICHELLO et al., 2010), no intuito de selecionar animais que correspondam às exigências de mercado. Um exemplo é a seleção para precocidade de acabamento de carcaça buscando animais que não apresentem tamanho adulto excessivo (CARDOSO et al., 2001a), o que tem sido feito de forma eficiente e com baixo custo de implementação.

A maioria dos escores visuais para características de carcaça é avaliada em relação aos grupos de contemporâneos (conformação, precocidade e estrutura) pressupondo-se que os escores apresentem distribuição de frequência simétrica, dentro de grupos de contemporâneos, próxima a uma distribuição normal, ou seja, com frequências maiores nas classes intermediárias. A justificativa para a utilização deste tipo de avaliação é que essas características são mais influenciadas pelos efeitos ambientais. No entanto, outros escores, tais como escores de umbigo, pelame e condição corporal, são avaliados independente do grupo de contemporâneos, ou seja, de acordo com um padrão pré-definido da raça, o que caracteriza a avaliação de escores por escala fixa.

Na literatura é comum encontrar trabalhos com escores visuais analisados por modelos lineares mistos (CARDOSO et al., 2001a; KIPPERT et al., 2006; FARIA et al., 2008; BARICHELLO et al., 2010) que não é o mais adequado para esse tipo de características, visto que estas pressupõem distribuição de dados normal (Gaussiana) e sabe-se que escores visuais são de natureza discreta (categórica) e seguem distribuição de probabilidade multinomial (AGRESTI, 2007). No entanto, os modelos lineares mistos são comumente utilizados na predição de valores genéticos para escores visuais por serem fáceis de implementar tanto para modelos animal ou touro, e pela menor demanda computacional.

O modelo de limiar (*threshold model*) tem sido descrito como mais adequado na predição de valores genéticos para escores visuais (ABDEL-AZIM & BERGER, 1999; LUO et al., 2001), visto que relaciona a resposta observada na escala categórica com uma escala subjacente contínua e normal, assumindo um modelo linear na escala subjacente (FALCONER & MACKAY, 1996), o que muito se aproxima das formas de manifestação e de avaliação reais dessas características. No entanto, é comum o relato de dificuldades na implementação de análises de dados por meio de modelos de limiar (FARIA et al., 2008).

Assim sendo, a utilização de um procedimento intermediário que transforme os escores visuais em dados com propriedades mais interessantes pode ser uma alternativa. Os modelos lineares fazem uso de médias na estimação dos efeitos ambientais e genéticos do modelo. Entretanto, o emprego de médias só é adequado quando a escala tem a propriedade aditiva, e isso nem sempre ocorre para dados categóricos. Por outro lado, os modelos de limiar têm demanda computacional elevada e superioridade de magnitude discutível para emprego massivo em avaliações genéticas de escores visuais. Neste caso, talvez a utilização de modelos lineares com dados transformados, de forma a restaurar a propriedade aditiva da escala de medida, seja o procedimento de escolha.

Desta forma, o objetivo neste estudo foi comparar os valores genéticos direto e materno preditos para escores visuais atribuídos de forma relativa ao grupo de contemporâneos ou de forma fixa, obtidos por análises bayesianas uni-características, por modelo animal linear, modelo animal de limiar e modelo animal linear com dados transformados.

Material e Métodos

Simulação da população

Os dados utilizados neste trabalho foram obtidos por meio de simulação, gerados a partir de um rebanho com 40 touros e 1.200 fêmeas (1.000 vacas e 200 novilhas), selecionados ao acaso da safra de produtos e acasalados aleatoriamente. A descrição completa da simulação dos dados encontra-se no Apêndice A. Das 1.200 matrizes

acasaladas foram escolhidas aleatoriamente 1.000 fêmeas prenhes que permaneceram no rebanho no ano seguinte. Os touros foram escolhidos aleatoriamente entre os machos de um ano de idade do ano anterior e foram mantidos na reprodução por dois anos e, então, descartados.

Foram simuladas diferentes taxas de prenhes para as vacas de acordo com a idade, iniciando aos 2 anos até os 13 anos, sendo que a partir dos 14 anos as fêmeas não foram mais expostas à reprodução. De acordo com uma taxa de desmama de 90%, foram produzidos cerca de 900 bezerros com dados colheitados por ano. Os produtos gerados foram aleatoriamente distribuídos entre machos e fêmeas.

A simulação contemplou 20 anos de evolução do rebanho. Ao final dos 20 anos, cada conjunto de dados constou, em média, de 18.000 dados fenotípicos e 21.040 animais no pedigree. Todos os animais do rebanho inicial foram considerados não aparentados e sem dados fenotípicos.

Foram gerados efeitos aditivos direto, materno e de ambiente permanente materno. Para os produtos, foram geradas informações de grupos de contemporâneos e o efeito da idade da vaca ao parto, que juntamente com os demais efeitos e um erro aleatório independente formaram o valor fenotípico do animal na escala subjacente.

A característica simulada apresentou resposta observada em escala categórica de seis classes, com uma escala subjacente normal contínua, assumindo que a escala subjacente apresenta distribuição normal e modelo linear. A característica seguiu o modelo $y = b + ivp + a + m + c + e$, em que y corresponde ao fenótipo do animal na escala subjacente, b refere-se aos efeitos de grupo de contemporâneos, ivp é o efeito da idade da vaca ao parto, a representa o valor genético aditivo do animal, m representa o efeito aditivo materno da mãe do animal, e c corresponde ao efeito de ambiente permanente materno da mãe do animal e e está associado ao erro aleatório.

Os valores genéticos aditivos direto e materno para a população base foram gerados a partir de uma distribuição normal bivariada com média zero e variância aditiva direta (σ_a^2) em função da herdabilidade direta ($N(0, h_a^2)$), variância aditiva materna (σ_m^2) em função da herdabilidade materna ($N(0, h_m^2 = 0,09)$) e correlação (r_{am}) entre os efeitos aditivos direto e materno fixada em $r_{am} = -0,20$, valor próximo à média

(-0,16) de 23 trabalhos sumarizados por Koots et al. (1994). A fração da variância atribuída ao ambiente permanente materno foi de $c^2 = 0,09$ e o efeito de ambiente permanente materno foi gerado por $(N(0, c^2))$.

Foram utilizados dois níveis de herdabilidade direta ($h_a^2 = 0,25$ e $h_a^2 = 0,49$) na simulação, de forma a se avaliar o efeito diferencial dos fatores em estudo para essas duas situações encontradas para dados categóricos (BARICHELLO et al., 2010). Os efeitos de grupos de contemporâneos foram simulados com base em uma distribuição normal de forma a simular pequena ($\sigma_{CC}^2 = 0,25$) ou grande ($\sigma_{CC}^2 = 1,00$) diferença entre os grupos de contemporâneos, assim criando diferentes impactos na distribuição dos fenótipos na escala observada, quando uma escala fixa é adotada. Estes valores da variância entre grupos de contemporâneos foram escolhidos para representar magnitudes semelhantes ao que se observam quando se tem avaliações entre e dentro de rebanhos.

Simulação das escalas de colheita de dados

Os dados na escala observada foram gerados de forma a se obterem duas diferentes distribuições (Y) dos dados (Figura 1): distribuição relativa normal (Y_2) e distribuição fixa normal (Y_4).

Para gerar Y_2 foram utilizados pontos de truncamento padronizados que, multiplicados pelo desvio-padrão dos valores fenotípicos na escala subjacente (σ_y), dentro dos grupos de contemporâneos, e adicionados à média dos valores fenotípicos do grupo de contemporâneos, produziram os limiares que foram utilizados na transformação do fenótipo na escala subjacente no fenótipo observado na escala categórica, resultando em uma distribuição com maiores frequências nas classes centrais e menores nas classes extremas.

Para gerar Y_4 foram utilizados pontos de truncamento padronizados que foram multiplicados pelo desvio-padrão de todos os valores fenotípicos gerados na escala subjacente (σ_y), ignorando a identificação de grupos de contemporâneos, e adicionados à média geral dos valores fenotípicos na escala subjacente, representando a atribuição

das notas com base em uma escala fixa, independente dos grupos de contemporâneos, ou seja, as frequências reais de cada classe variaram dependendo do nível do efeito ambiental daquele grupo (grupos com efeito ambiental maior apresentaram frequências mais altas de escores elevados).

Foram geradas 20 repetições para cada combinação de valor de herdabilidade e magnitude dos efeitos de grupo de contemporâneos, totalizando 80 populações. Cada uma dessas populações teve seus dados na escala subjacente utilizados para gerar dados na escala observada pelos dois sistemas de atribuição de notas sendo os dados analisados pelos três diferentes modelos, totalizando 480 análises.

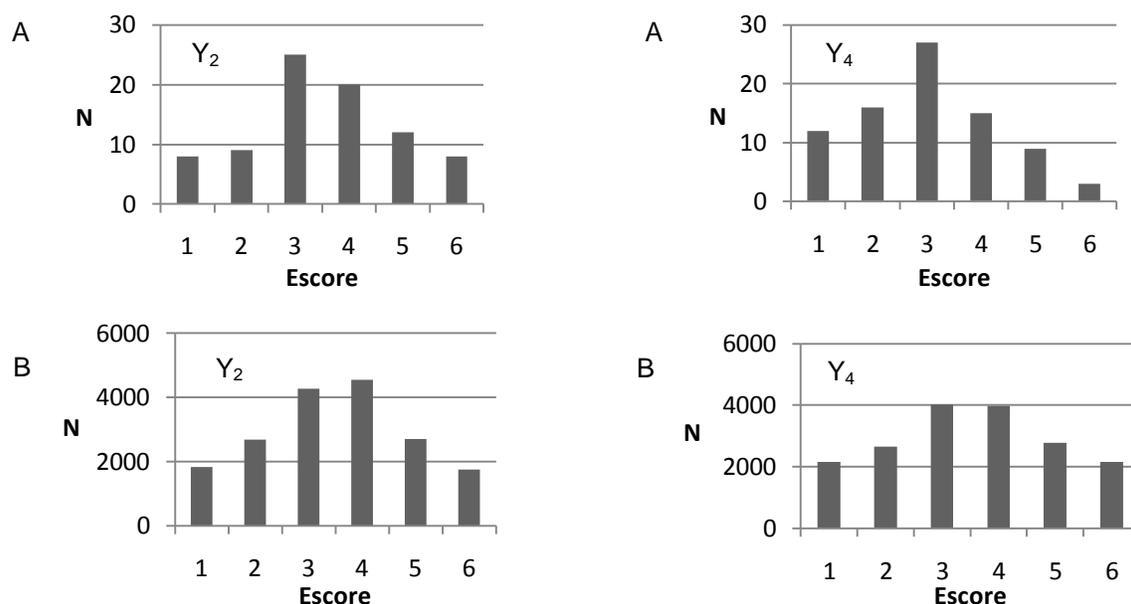


Figura 1. Representação gráfica do número de animais (N) por classe de escore para escala relativa normal (Y₂) e fixa normal (Y₄) em um grupo de contemporâneos (A) e na população (B).

Modelos de análise dos dados

Os dados foram analisados sob um modelo animal com três distintas abordagens (Modelo): modelo linear (LN), modelo de limiar (TH) e modelo linear com dados transformados (TR). Na escala transformada, os escores de uma determinada classe, em um grupo de contemporâneos foram substituídos pela média de uma distribuição normal padrão truncada, para tanto, foram obtidos para cada classe, em cada grupo de

contemporâneos, os pontos de truncamento inferior e superior tal que $t_l = \{t|P[Z < t_l] = I\}$ e $t_s = \{t|P[Z > t_s] = S\}$, em que I e S correspondem às frequências observadas acumuladas nas classes abaixo e acima da classe considerada, respectivamente. As médias esperadas da distribuição normal padronizada acima dos pontos de truncamento da classe de interesse foram calculadas pelas equações $\bar{X}_I = \frac{f(t_l)}{1-I}$ e $\bar{X}_S = \frac{f(t_s)}{S}$, ou seja, a correção dos dados foi feita por $Y_c = \frac{f(t_l) - f(t_s)}{1-S-I}$ em que o novo valor fenotípico corresponde a $Y_c = E[Z|t_l < Z < t_s]$.

Os valores genéticos foram estimados por inferência bayesiana, utilizando-se os programas Gibbs2f90 e Thrgibbs1f90 (MISZTAL et al., 2002). O modelo estatístico adotado foi $y = Xb + Za + Wm + Qc + e$ em que, y = vetor das variáveis dependentes; b = vetor de efeitos fixos de grupos de contemporâneos e idade da vaca; a , m e c = vetores de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e de ambiente permanente materno, respectivamente; e = vetor de erros aleatórios residuais associados às observações; e X , Z , W , e Q são as respectivas matrizes de incidência para cada efeito.

Os valores genéticos foram estimados pelo amostrador de Gibbs considerando os componentes de variância conhecidos e utilizando valores previamente estimados. Para as análises foram utilizadas cadeias de 110.000 ciclos com descarte (*burn-in*) amostral dos 10.000 ciclos e a retirada amostral a cada 20 ciclos. A convergência e as médias da distribuição a *posteriori* foram calculadas com a ajuda do programa Postbiggsf90 desenvolvido por S. Tsuruta (MISZTAL et al., 2002).

Para a avaliação da eficiência relativa das metodologias de estimação de valores genéticos foram estimadas correlações de Pearson dos valores genéticos verdadeiros e os valores genéticos preditos separadamente para cada categoria animal: progênie, touro e vaca. A categoria progênie foi definida como sendo os animais nascidos nas duas últimas safras da simulação de dados; para touros foram selecionados apenas touros com dados próprios e com progênie avaliada em duas safras; para vacas foram selecionadas aquelas com, no mínimo, três e, no máximo, sete produtos, o que correspondeu a, aproximadamente, 1/3 do número total de vacas simuladas. Isto teve

por objetivo discriminar os animais em categorias mais homogêneas quanto a precisão com que se conhece seu valor genético.

O impacto dos diferentes fatores sobre a precisão de estimação de valores genéticos (correlação de Pearson) para as diferentes categorias (touro, vaca e progênie) foi analisado pelo método dos quadrados mínimos com base em um modelo incluindo os efeitos de valor de h_a^2 , σ_{GC}^2 , escala (Y) e Modelo de análise empregado. Foram incluídas também as interações desses fatores. O delineamento foi equivalente a parcelas sub-subdivididas em que os valores h_a^2 e σ_{GC}^2 correspondem a tratamentos em arranjo fatorial 2 x 2 aplicados nas parcelas (20 repetições em cada subclasse); a escala (Y) é aplicada na subparcela gerando os dois diferentes conjuntos de dados para cada repetição e o Modelo aplicado na sub-subparcela gerando as três análises distintas a que foram submetidos cada conjunto de dados.

Resultados e Discussão

Valor Genético Direto

Os resultados da análise de variância da correlação estimada entre os valores genéticos direto verdadeiros e os preditos para cada categoria animal (Tabela 1) serão comentados seguindo o grau de complexidade dos efeitos, ou seja, das interações com maior número de efeitos até efeitos simples, quando relevantes.

Progênie

As médias das correlações estimadas foram superiores quando se utilizou escala relativa (Y_2), independente de σ_{GC}^2 e do Modelo utilizado (Tabela 2). As diferenças das correlações estimadas, quando a variância de grupo de contemporâneos foi baixa, foram inferiores a 1%. No entanto, quando $\sigma_{GC}^2 = 1,00$ essa diferença aumentou para 2% a 3%. Não houve grandes diferenças entre as correlações estimadas dentro de escala, exceto para Y_4 que apresentou queda da correlação quando a variação entre grupos de contemporâneos foi maior. Para escores visuais atribuídos de forma relativa normal (Y_2), tanto o modelo linear quanto o de limiar foram adequados para a análise destes escores. Estes resultados justificam a utilização de uma escala relativa e análise

de dados por modelo linear pelos programas de melhoramento devido a simplicidade de implementação e pouca perda na acurácia das estimativas.

Tabela 1. Resumo das análises de variância da correlação entre os valores genéticos diretos verdadeiros e os preditos para progênie, touros e vacas de acordo com os diferentes fatores em estudo.

Fonte de variação	GL	Quadrado Médio		
		Progênie	Touros	Vacas
h_a^2	1	**	**	**
σ_{GC}^2	1	-	-	*
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2$	1	-	-	-
$R(h_a^2 \times \sigma_{GC}^2)$ (Resíduo a)	76			
Y	1	**	**	**
$h_a^2 \times Y$	1	-	*	-
$\sigma_{GC}^2 \times Y$	1	**	**	**
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times Y$	1	-	-	-
$Y \times R(h_a^2 \times \sigma_{GC}^2)$ (Resíduo b)	76			
Modelo	2	**	**	**
$h_a^2 \times$ Modelo	2	**	-	**
$\sigma_{GC}^2 \times$ Modelo	2	**	**	**
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times$ Modelo	2	-	-	*
$Y \times$ Modelo	2	**	**	**
$h_a^2 \times Y \times$ Modelo	2	-	-	-
$\sigma_{GC}^2 \times Y \times$ Modelo	2	**	**	**
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times Y \times$ Modelo	2	-	-	*
Resíduo Geral	304			

** P<0,01; * P<0,05; - P>0,05

GL, h_a^2 , σ_{GC}^2 , R = graus de liberdade, herdabilidade direta verdadeira, variância de grupo de contemporâneos, repetição

Y = escala (relativa normal e fixa)

Modelo = linear, linear com dados transformados, limiar

Para os escores visuais atribuídos com base em uma escala fixa, o modelo de limiar foi mais adequado em todas as situações (Tabela 2), e sob baixo efeito de variância de grupo de contemporâneos, os modelos linear e de dados transformados se equivaleram; porém sob elevado efeito de variância de grupo de contemporâneos, o modelo de dados transformados apresentou melhor desempenho do que o modelo linear. Assim, recomenda-se a implementação de modelo de limiar e, caso esse não seja possível, dar preferência para algum procedimento de transformação de dados e, como terceira alternativa, implementar análise com modelos lineares. Entretanto, as

diferenças observadas foram tão pequenas que questões de outra natureza podem ser mais relevantes que as diferenças de acurácia das avaliações dessa ordem de magnitude.

Tabela 2. Correlação média estimada entre os valores genéticos diretos verdadeiros e preditos para progênie e touros de acordo com a interação de variância de grupo de contemporâneos (σ_{GC}^2), escala (Y) e modelo utilizados.

Y ¹	Modelo		
	Linear	Limiar	Transformado
Progênie			
$\sigma_{GC}^2 = 0,25$			
Y ₂	0,690 ^{abA}	0,691 ^{aA}	0,689 ^{bA}
Y ₄	0,684 ^{bB}	0,686 ^{aB}	0,684 ^{bB}
$\sigma_{GC}^2 = 1,00$			
Y ₂	0,692 ^{abA}	0,692 ^{aA}	0,691 ^{bA}
Y ₄	0,673 ^{cB}	0,678 ^{aB}	0,675 ^{bB}
Touro			
$\sigma_{GC}^2 = 0,25$			
Y ₂	0,916 ^{aA}	0,917 ^{aA}	0,915 ^{bA}
Y ₄	0,913 ^{bB}	0,915 ^{aB}	0,913 ^{bB}
$\sigma_{GC}^2 = 1,00$			
Y ₂	0,916 ^{aA}	0,916 ^{aA}	0,915 ^{aA}
Y ₄	0,905 ^{cB}	0,908 ^{aB}	0,906 ^{bB}

¹Y₂ = relativa normal; Y₄ = fixa. Letras minúsculas para comparação na linha e letras maiúsculas para comparação na coluna. Comparações realizadas dentro de mesmo valor de variância de grupo de contemporâneos e categoria animal. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de Progênie e de Touro de $\pm 0,0002$.

As médias das correlações estimadas sob o efeito da interação de $h_a^2 \times$ Modelo (Tabela 3) mostram que o modelo de limiar apresentou estimativas mais acuradas em relação aos demais modelos, independente da herdabilidade verdadeira considerada, e que os modelos linear e linear com dados transformados foram equivalentes para ambos os valores de herdabilidade verdadeira. Observou-se também, Tabela 3, que as correlações estimadas quando $h_a^2 = 0,49$ foram superiores às correlações estimadas quando $h_a^2 = 0,25$.

Tabela 3. Correlação média estimada entre os valores genéticos diretos verdadeiros e preditos para progênie de acordo com os efeitos de herdabilidade direta verdadeira (h_a^2) e Modelo de análise dos dados.

h_a^2	Modelo		
	Linear	Limiar	Transformado
0,25	0,626 ^b	0,627 ^a	0,626 ^b
0,49	0,744 ^b	0,747 ^a	0,744 ^b

Letras minúsculas para comparação na linha. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0001$.

Touros

Verificou-se que as médias das correlações estimadas para touros seguiram o mesmo padrão das correlações estimadas para progênie (Tabela 2), ou seja, as médias das correlações estimadas foram superiores quando se utilizou escala relativa (Y_2), independente de σ_{GC}^2 e do Modelo utilizados, apenas os valores foram de maior magnitude, resultado este esperado pela maior quantidade de dados disponíveis para touros.

Para os dois valores de h_a^2 estudados, as médias das correlações estimadas para touros sob os efeitos da interação de $h_a^2 \times Y$ (Tabela 4) apresentaram o mesmo padrão, ou seja, foram levemente superiores quando atribuídos sob escala relativa normal (Y_2), sendo que a diferença entre as escalas é maior quando $h_a^2 = 0,25$.

Tabela 4. Correlação média estimada entre os valores genéticos diretos verdadeiros e estimados para touros de acordo com os efeitos de herdabilidade direta verdadeira (h_a^2) e escala (Y^1) utilizados.

h_a^2	Y	
	Y_2	Y_4
0,25	0,888 ^a	0,881 ^b
0,49	0,944 ^a	0,939 ^b

¹ Y_2 = relativa normal; Y_4 = fixa. Letras minúsculas para comparação na linha. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0003$.

Vacas

As médias das correlações estimadas, quando a população foi simulada com $h_a^2 = 0,25$ e $\sigma_{GC}^2 = 0,25$, apresentam valores semelhantes pelos diferentes modelos, ou mesmo, pelas diferentes escalas. No entanto, quando considerado $\sigma_{GC}^2 = 1,00$, as

correlações estimadas pela escala relativa (Y_2) foram superiores àquelas pela escala fixa (Y_4), para todos os modelos considerados (Tabela 5).

Resultado diferente (Tabela 5) foi observado quando $h_a^2 = 0,49$, visto que as maiores correlações foram estimadas sob baixo efeito de variância de grupo de contemporâneos ($\sigma_{GC}^2 = 0,25$) e escala relativa (Y_2), para todos os modelos avaliados. Os dados simulados sob alto efeito de variância de grupo de contemporâneos ($\sigma_{GC}^2 = 1,00$) também apresentaram as melhores estimativas de correlação quando avaliados sob escala relativa (Y_2), para todos os modelos contemplados pelo estudo.

Tabela 5. Correlação média estimada entre os valores genéticos diretos verdadeiros e preditos para vacas de acordo com os efeitos de herdabilidade direta verdadeira (h_a^2), variância de grupo de contemporâneos (σ_{GC}^2), escala (Y^1), e modelo de análise de dados utilizados.

		Y	Modelos		
			Linear	Limiar	Transformado
$h_a^2 = 0,25$	$\sigma_{GC}^2 = 0,25$	Y_2	0,501 ^{aA}	0,502 ^{aA}	0,501 ^{aA}
		Y_4	0,501 ^{aA}	0,502 ^{aA}	0,501 ^{aA}
	$\sigma_{GC}^2 = 1,00$	Y_2	0,496 ^{aB}	0,497 ^{aB}	0,495 ^{aB}
		Y_4	0,478 ^{bC}	0,484 ^{aC}	0,480 ^{bC}
$h_a^2 = 0,49$	$\sigma_{GC}^2 = 0,25$	Y_2	0,488 ^{aA}	0,488 ^{aA}	0,486 ^{aA}
		Y_4	0,484 ^{bB}	0,486 ^{aB}	0,483 ^{bB}
	$\sigma_{GC}^2 = 1,00$	Y_2	0,485 ^{aB}	0,486 ^{aB}	0,484 ^{aAB}
		Y_4	0,471 ^{cC}	0,476 ^{aC}	0,474 ^{bC}

¹ Y_2 = relativa normal; Y_4 = fixa. Letras minúsculas para comparação na linha e letras maiúsculas para comparação na coluna. Comparações realizadas dentro de mesmo valor de herdabilidade direta verdadeira. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0003$.

Percebe-se, na Tabela 5, que as diferenças entre as correlações estimadas se acentuam quando a herdabilidade verdadeira foi baixa ($h_a^2 = 0,25$), assim como o modelo de dados transformados apresentou estimativas levemente mais acuradas que o modelo linear quando $\sigma_{GC}^2 = 1,00$ e a escala utilizada foi a escala fixa. Também se verificou que o modelo linear foi equivalente ao modelo de limiar para Y_2 e que o modelo de limiar apenas apresentou estimativas mais acuradas para os escores atribuídos de forma fixa, principalmente quando considerada alta variância entre grupos de contemporâneos.

Esses resultados indicaram que para as avaliações nacionais, em que a variância de grupo de contemporâneos é grande e a adoção do modelo linear é necessária por questões de magnitude do banco de dados e disponibilidade de recursos computacionais, a adoção de uma escala de atribuição de escores relativa é mais recomendada.

Valor Genético Materno

O resumo da análise de variância da correlação estimada entre os valores genéticos maternos verdadeiros e os preditos para cada categoria animal (Tabela 6) serão considerados e descritos seguindo o grau de complexidade dos efeitos, ou seja, das interações com maior número de efeitos até efeitos simples, quando relevantes. Segundo a Tabela 6, pode-se observar que a h_a^2 apresentou efeito significativo apenas para touros, e que Y e Modelo foram significativos para todas as categorias consideradas, ressaltando a importância de se considerar a forma como os dados fenotípicos são atribuídos e qual modelo é mais indicado para realizar as análises.

Progenie

A correlação estimada pelo modelo de limiar ($0,351 \pm 0,0003$) foi superior e diferente das correlações estimadas pelos modelos linear ($0,350 \pm 0,0003$) e de dados transformados ($0,349 \pm 0,0003$), sendo que os modelos linear e de dados transformados não diferiram entre si.

Considerando-se o efeito das escalas e da σ_{GC}^2 (Figura 2), a média das correlações estimadas foi maior quando $\sigma_{GC}^2 = 1,00$ em relação à $\sigma_{GC}^2 = 0,25$ para ambas as escalas, sendo o aumento de 5,8% e 3,8% para as escalas relativa e fixa, respectivamente. Observou-se também que a escala relativa (Y_2) foi superior à escala fixa (Y_4) em ambas as situações, sendo esta superioridade maior quando $\sigma_{GC}^2 = 1,00$.

Tabela 6. Resumo das análises de variância da correlação estimada entre os valores genéticos maternos verdadeiros e os preditos para progênie, touros e vacas de acordo com os diferentes fatores em estudo.

Fonte de variação	GL	Quadrado Médio		
		Progênie	Touros	Vacas
h_a^2	1	-	*	-
σ_{GC}^2	1	-	-	-
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2$	1	-	-	-
$R(h_a^2 \times \sigma_{GC}^2)$ (Resíduo a)	76			
Y	1	**	**	**
$h_a^2 \times Y$	1	-	-	-
$\sigma_{GC}^2 \times Y$	1	*	**	**
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times Y$	1	-	-	*
$Y \times R(h_a^2 \times \sigma_{GC}^2)$ (Resíduo b)	76			
Modelo	2	**	**	**
$h_a^2 \times$ Modelo	2	-	-	-
$\sigma_{GC}^2 \times$ Modelo	2	-	**	**
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times$ Modelo	2	-	-	*
Y x Modelo	2	-	**	**
$h_a^2 \times Y \times$ Modelo	2	-	-	-
$\sigma_{GC}^2 \times Y \times$ Modelo	2	-	-	**
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times Y \times$ Modelo	2	-	-	-
Resíduo Geral	304			

** P<0,01; *P<0,05; - P>0,05

GL, h_a^2 , σ_{GC}^2 , R = graus de liberdade, herdabilidade direta verdadeira, variância de grupo de contemporâneos, repetição Y = escala (relativa normal e fixa)

Modelo = linear, linear com dados transformados, limiar

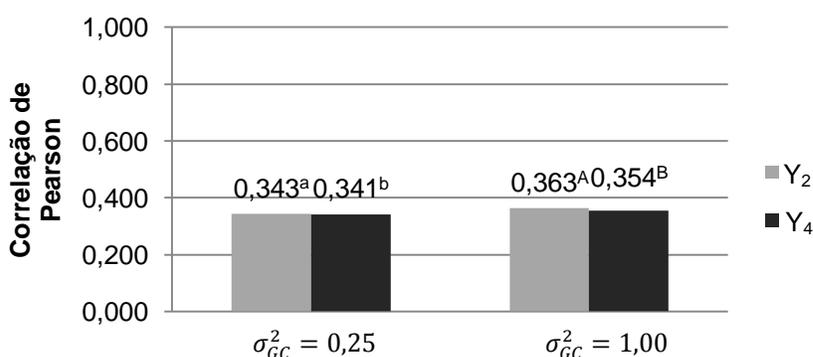


Figura 2. Correlação de Pearson entre os valores genéticos maternos preditos e verdadeiros para progênie sob a interação dos efeitos de variância de grupo de contemporâneos (σ_{GC}^2) e escala de colheita de dados (Y₂: relativa normal e Y₄: fixa). Comparações realizadas dentro de mesmo valor de σ_{GC}^2 . Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0003$.

Touros

As correlações estimadas foram 3,7% mais acuradas quando a herdabilidade direta verdadeira foi alta ($0,617 \pm 0,0002$) quando comparada à herdabilidade verdadeira baixa ($0,595 \pm 0,0002$). Independente do modelo de análise de dados utilizado, a escala relativa apresentou correlações levemente superiores às correlações obtidas quando a atribuição de dados se deu sob escala fixa (Y_4) (Figura 3). Para a escala relativa, não houve diferença entre os modelos testados, já para a escala fixa, o modelo de limiar foi ligeiramente superior aos demais, ou seja, a diferença entre os modelos é dependente da escala de colheita dos dados (Y), enquanto que as diferenças entre Y não foram dependentes do modelo de análise de dados empregado.

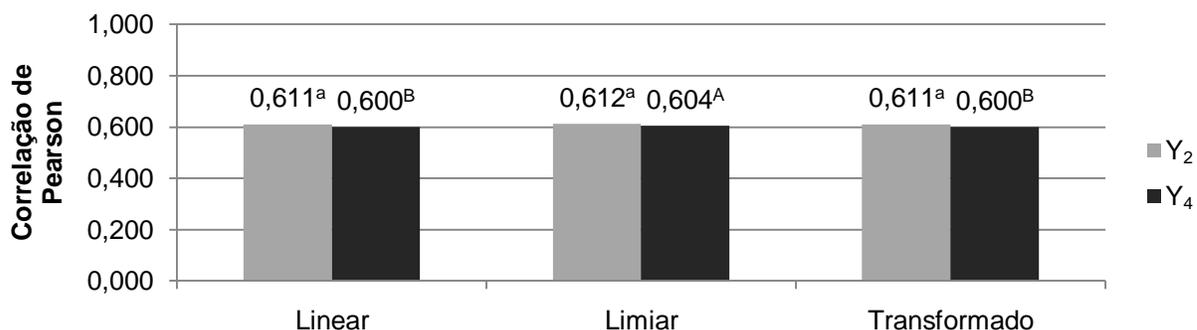


Figura 3. Correlação de Pearson entre os valores genéticos maternos verdadeiros e preditos para touros sob a interação dos efeitos de modelo (Linear, Limiar e Transformado) e escala de colheita de dados (Y_2 : relativa normal e Y_4 : fixa). Comparações realizadas dentro de escala de colheita de dados. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0005$.

Considerando o efeito da interação entre σ_{GC}^2 e Modelo (Figura 4), o modelo de limiar e o de dados transformados não apresentaram diferenças para os dois níveis de σ_{GC}^2 analisados, porém o modelo linear apresentou correlação ligeiramente superior para $\sigma_{GC}^2 = 0,25$ quando comparado com $\sigma_{GC}^2 = 1,00$. Também como resultado da referida interação, os modelos linear e de limiar estimaram correlações semelhantes, sendo que o modelo de dados transformados apresentou correlação inferior, quando considerado $\sigma_{GC}^2 = 0,25$. Quando considerados sob $\sigma_{GC}^2 = 1,00$, o modelo de limiar continuou

apresentando as melhores estimativas, sendo que os demais modelos não diferiram entre si.

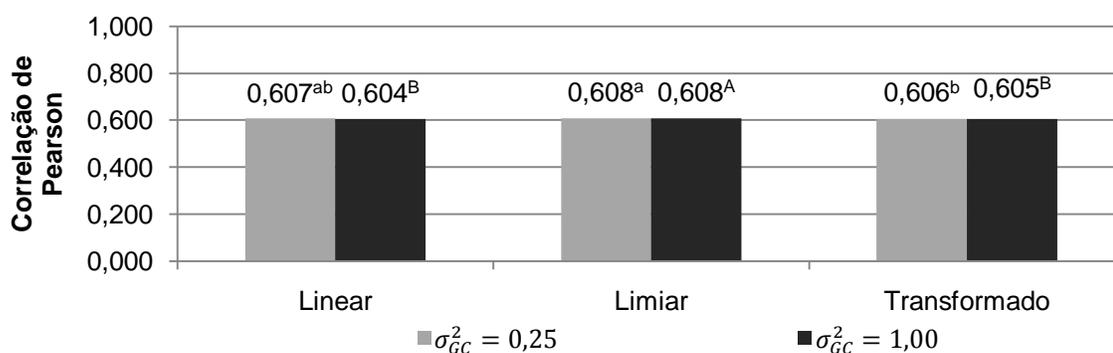


Figura 4. Correlação de Pearson entre os valores genéticos maternos verdadeiros e preditos para touros sob a interação dos efeitos de modelo (Linear, Limiar e Transformado) e variância de grupo de contemporâneos (σ_{GC}^2). Comparações realizadas dentro de mesmo valor de σ_{GC}^2 . Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0005$.

Vacas

Considerando-se apenas $\sigma_{GC}^2 = 0,25$, observou-se (Tabela 7) que o modelo de limiar foi suficientemente robusto para estimar os valores genéticos maternos, independente da escala (Y_2 ou Y_4); os demais modelos apresentaram melhor desempenho nas estimativas de valores genéticos maternos quando a escala foi relativa normal (Y_2).

Considerando-se $\sigma_{GC}^2 = 1,00$, observou-se (Tabela 7) que os dados avaliados sob escala relativa (Y_2) foram mais eficientes na estimativa dos valores genéticos maternos para todos os modelos de análise de dados considerados. O modelo linear foi equivalente ao modelo de limiar quando os escores foram atribuídos de forma relativa. O modelo de dados transformado foi mais eficiente em relação ao modelo linear quando os escores foram atribuídos de forma fixa e sob grande efeito de variância de grupo de contemporâneos. Em situações de avaliação genética entre rebanhos, os escores atribuídos de forma fixa e analisados de forma linear provocam queda na eficiência de seleção.

Tabela 7. Correlação média estimada entre os valores genéticos maternos verdadeiros e preditos para vacas de acordo com os efeitos de variância de grupo de contemporâneos (σ_{GC}^2), escala (Y^1) e modelo de análise utilizados.

Y^1	Modelo		
	Linear	Limiar	Transformado
		$\sigma_{GC}^2 = 0,25$	
Y_2	0,495 ^{abA}	0,495 ^{aA}	0,494 ^{bA}
Y_4	0,493 ^{bB}	0,494 ^{aA}	0,492 ^{bB}
		$\sigma_{GC}^2 = 1,00$	
Y_2	0,491 ^{abA}	0,491 ^{aA}	0,490 ^{bA}
Y_4	0,475 ^{cbB}	0,480 ^{abB}	0,477 ^{bB}

¹ Y_2 = relativa normal; Y_4 = fixa. Letras minúsculas para comparação na linha e letras maiúsculas para comparação na coluna. Comparações realizadas dentro de mesmo valor de variância de grupo de contemporâneos. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0003$.

De acordo com a Tabela 8, para ambos os valores de herdabilidade direta verdadeira (h_a^2), as correlações estimadas sob baixo efeito de variância de grupo de contemporâneos ($\sigma_{GC}^2 = 0,25$) foram ligeiramente superiores em todos os modelos de análise de dados empregados.

Tabela 8. Correlação média estimada entre os valores genéticos maternos verdadeiros e preditos para vacas de acordo com os efeitos de herdabilidade verdadeira (h_a^2), variância de grupo de contemporâneos (σ_{GC}^2), e modelo de análise (Modelo) utilizados.

h_a^2	σ_{GC}^2	Modelo		
		Linear	Limiar	Transformado
0,25	0,25	0,501 ^{aA}	0,502 ^{aA}	0,501 ^{aA}
	1,00	0,487 ^{bB}	0,490 ^{abB}	0,488 ^{bB}
0,49	0,25	0,486 ^{abA}	0,487 ^{aA}	0,485 ^{bA}
	1,00	0,478 ^{bB}	0,481 ^{abB}	0,479 ^{bB}

Letras minúsculas para comparação na linha e letras maiúsculas para comparação na coluna. Comparações realizadas dentro de mesmo valor de herdabilidade direta verdadeira. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0003$.

Na literatura disponível sobre escores visuais não foram localizados estudos que abordam a comparação entre escores avaliados de formas relativa e fixa, dificultando a discussão dos resultados apresentados.

Nasser El Dine & Olabi (2009) compararam, por meio de análise de variância, escores atribuídos de forma absoluta e relativa em análise sensorial de alimentos, e

relataram que, em geral, os modelos com escores relativos apresentaram sensibilidade semelhante aos efeitos e interações para as variáveis estudadas assim como com os modelos de escores absolutos.

Alguns autores (CARDOSO et al., 2001b; JORGE Jr. et al., 2001; DAL-FARRA et al., 2002; KIPPERT et al., 2006) relataram a presença de efeito de grupo de contemporâneos quando da realização das avaliações genéticas de escores visuais atribuídos em relação ao grupo de contemporâneos, levando alguns autores (CARDOSO et al., 2001b) a questionarem a diferença de habilidade entre os técnicos para atribuir escores com base na média dos animais contemporâneos. Entretanto, quando se força a média fenotípica do grupo de contemporâneos a ser igual nos diversos grupos, o efeito de grupo de contemporâneos deve variar para acomodar diferenças do mérito genético médio e do efeito médio da idade da vaca ao parto para os animais daquele grupo. Por exemplo, um grupo filho de touros muito bons, para ter uma média fenotípica semelhante a de outro grupo de filhos de touros ruins, tem que ter um efeito de grupo de contemporâneos negativo para compensar sua superioridade genética. Da mesma forma, um grupo de filhos de novilhas para ter a mesma média fenotípica de um grupo de filhos de vacas tem que ter um efeito de grupo de contemporâneos elevado para compensar o baixo desempenho esperado de filhos de novilhas.

Embora as diferenças obtidas pelos modelos e pela adoção da escala relativa ou fixa serem de pequena magnitude para as diferentes situações consideradas, estas devem ser consideradas quando da definição de procedimentos e na avaliação genética por programa de melhoramento, pois ganhos de acurácia nas estimativas de valores genéticos implicam em maior ganho genético por unidade de tempo.

Conclusões

A avaliação genética dos escores visuais deve levar em consideração a população de onde vem e a forma com que estes são atribuídos ou a forma de atribuição de escores nos programas de melhoramento deve levar em conta as diferenças existentes na população e o procedimento que será empregado na sua análise. O modelo linear

pode ser empregado para a análise de escores visuais relativos sem perda de acurácia. Nas avaliações nacionais de características avaliadas por escores fixos, que implicam em alta variância ambiental, as estimativas podem ser mais acuradas se for empregada uma transformação que recobre as propriedades de aditividade e continuidade dos dados.

Referências bibliográficas

ABDEL-AZIM, G.A.; BERGER, P.J. Properties of threshold model predictions. **Journal of Animal Science**, v.77, p.582-590, 1999.

AGRESTI, A. **An introduction to categorical data analysis**. 2 ed. New Jersey: John Wiley & Sons, 2007, 372p.

BARICHELLO, F.; ALENCAR, M.M.; TORRES JÚNIOR, R.A.A.; SILVA, L.O.C. Herdabilidade e correlações quando ao peso, perímetro escrotal e escores visuais à desmama, em bovinos Canchim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.563-570, 2010.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. 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, 2001a.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; 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, 2001b.

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**, v.31, n.3, p.1350-1361, 2002 (suplemento).

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman, 1996, 464p.

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

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

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

KOOTS, K.R.; GIBSON, J.P.; WILTON, J.N. Analysis of published genetic parameters estimates for beef production traits. 1. Heritability. **Animal Breeding Abstract**, v.62, p.309-338, 1994.

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

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. Blupf90 and related programs. In: Proc. 7th World Congr. Appl. Livest. Prod., 2002. Montpellier, France. Commun. No. 28-07, 2002.

NASSER EL DINE, A.; OLABI, A. Effect of reference foods in repeated acceptability tests: Testing familiar and novel foods using 2 acceptability scales. **Journal of Food Science**, v.74, p.97-106, 2009.

CAPÍTULO 3 - ANÁLISE GENÉTICA DE ESCORES VISUAIS UTILIZANDO MODELOS LINEARES E DE LIMIAR: III. ESTIMATIVA DE VALORES GENÉTICOS PARA DIFERENTES ESCORES RELATIVOS

Resumo – Alguns escores visuais são atribuídos com base no grupo de contemporâneos à que os animais pertencem, ou seja, tem uma escala relativa. A orientação dos programas de melhoramento genético é que os escores sejam atribuídos de forma a se obter uma distribuição de dados próxima à normal, com maior concentração nas classes intermediárias, condição que nem sempre é verificada na prática. O objetivo neste estudo foi comparar valores genéticos preditos para escores visuais relativos apresentando distribuições normal, assimétrica e uniforme, obtidos por modelo animal linear, modelo animal de limiar e modelo animal linear com dados transformados. Foram simulados rebanhos com 40 touros e 1.200 fêmeas, selecionados ao acaso e acasalados aleatoriamente, por 20 anos. Foram gerados efeitos aditivos direto e materno e de ambiente permanente materno, de grupo de contemporâneos e da idade da vaca ao parto, os quais juntamente com um erro aleatório independente formaram o valor fenotípico do animal na escala subjacente. Os dados na escala observada (escores visuais) foram gerados de forma a se obterem: distribuições normal, assimétrica e uniforme relativas ao grupo de contemporâneos. Foram geradas vinte repetições para cada combinação de herdabilidade (0,25 e 0,49) e de variâncias de grupos de contemporâneos (0,25 e 1,00). Os valores genéticos foram estimados por meio de Inferência Bayesiana e foi obtida a correlação de Pearson entre os valores genéticos preditos e os verdadeiros dentro de cada categoria animal (progênie, touros e vacas). As correlações entre os valores genéticos verdadeiros e preditos estimadas quando os escores apresentaram distribuição normal e analisados por modelo de limiar foram ligeiramente superiores aos demais modelos considerados, para todas as categorias de animais.

Palavras-chave: bovino de corte, dados transformados, simulação

Introdução

A avaliação de características por meio de escores visuais é comum na produção animal. No entanto, atribuição de escores visuais de forma relativa, ou seja, avaliados com base no grupo de contemporâneos, é prática comum no Brasil para características de carcaça (CARDOSO et al., 2001; FARIA et al., 2008; BARICHELLO et al., 2010), mas não em outros países.

Dentre os estudos disponíveis com escores visuais relativos, alguns utilizaram metodologia de modelos mistos lineares na avaliação genética (CARDOSO et al., 2001; BARICHELLO et al., 2010), desconsiderando a natureza discreta destes dados. Outros estudos (FARIA et al., 2008) optaram pela utilização de modelos de limiar (*threshold models*), metodologia considerada mais adequada por relacionar a resposta observada na escala discreta com uma escala subjacente contínua e normal, assumindo um modelo linear na escala subjacente (FALCONER & MACKAY, 1996).

A recomendação dos programas de avaliação genética para escores visuais relativos é que apresentem distribuição, dentro de grupo de contemporâneos, próxima a uma distribuição normal, o que nem sempre ocorre, sendo comum apresentarem distribuições assimétricas com maior concentração de dados nas extremidades, como visto em Barichello et al. (2010), evidenciando uma tendência dos técnicos em evitar as notas baixas e concentrar as notas nas classes mais altas.

Faria et al. (2008) relataram não haver diferenças nos valores genéticos preditos e na classificação dos animais quando os escores visuais foram avaliados por modelos lineares mistos ou por modelos de limiar em análises bayesianas bi-características. Alguns estudos (VARONA et al., 1999; RAMIREZ-VALVERDE et al., 2001; LEE et al., 2002; MATILAINEN et al., 2009) com escore de facilidade de parto também analisaram modelos lineares mistos ou modelos de limiar para a estimativa dos valores genéticos, sendo alguns estudos a favor dos modelos lineares mistos (LEE et al., 2002) por estes serem de fácil implementação e apresentarem resultados semelhantes, e outros (RAMIREZ-VALVERDE et al., 2001; MATILAINEN et al., 2009) a favor dos modelos de limiar. No entanto, Abdel-Azim & Berger (1999) e Matilainen et al. (2009) consideraram a opção de utilizar escores transformados no intuito de normalizar e também tornar os

dados contínuos, o que favoreceria a utilização dos modelos lineares mistos, sem comprometimento das pressuposições básicas dos mesmos.

Desta forma, o objetivo neste estudo foi comparar os valores genéticos preditos de escores visuais com distribuição relativa normal, relativa assimétrica e relativa uniforme, obtidos por análises bayesianas uni-características, em modelo animal linear, modelo animal de limiar e modelo animal linear com dados transformados.

Material e Métodos

Simulação da população

Os dados utilizados neste trabalho foram obtidos por meio de simulação, gerados a partir de um rebanho com 40 touros e 1.200 fêmeas (1.000 vacas e 200 novilhas), selecionados ao acaso da safra de produtos e acasalados aleatoriamente. A descrição completa da simulação dos dados encontra-se no Apêndice A. Das 1.200 matrizes acasaladas foram escolhidas aleatoriamente 1.000 fêmeas prenhes que permaneceram no rebanho no ano seguinte. Os touros foram escolhidos aleatoriamente entre os machos de um ano de idade do ano anterior e foram mantidos na reprodução por dois anos e, então, descartados.

Foram simuladas diferentes taxas de prenhes para as vacas de acordo com a idade, iniciando aos 2 anos até os 13 anos, sendo que a partir dos 14 anos as fêmeas não foram mais expostas à reprodução. De acordo com uma taxa de desmama de 90%, foram produzidos cerca de 900 bezerros com dados colheitados por ano. Os produtos gerados foram aleatoriamente distribuídos entre machos e fêmeas.

A simulação contemplou 20 anos de evolução do rebanho. Ao final dos 20 anos, cada conjunto de dados constou, em média, de 18.000 dados fenotípicos e 21.040 animais no pedigree. Todos os animais do rebanho inicial foram considerados não aparentados e sem dados fenotípicos.

Foram gerados efeitos aditivos direto, materno e de ambiente permanente materno. Para os produtos, foram geradas informações de grupos de contemporâneos e o efeito da idade da vaca ao parto, que juntamente com os demais efeitos e um erro aleatório independente formaram o valor fenotípico do animal na escala subjacente.

A característica simulada apresenta resposta observada em escala categórica de seis classes, com uma escala subjacente normal contínua, assumindo que a escala subjacente apresenta distribuição normal e modelo linear. A característica seguiu o modelo $y = b + ivp + a + m + c + e$, em que y corresponde ao fenótipo do animal na escala subjacente, b refere-se aos efeitos de grupo de contemporâneos, ivp é o efeito da idade da vaca ao parto, a representa o valor genético aditivo do animal, m representa o efeito aditivo materno da mãe do animal, e c corresponde ao efeito de ambiente permanente materno da mãe do animal e e está associado ao erro aleatório.

Os valores genéticos aditivos direto e materno para a população base foram gerados a partir de uma distribuição normal bivariada com média zero e variância aditiva direta (σ_a^2) em função da herdabilidade direta ($N(0, h_a^2)$), variância aditiva materna (σ_m^2) em função da herdabilidade materna ($N(0, h_m^2 = 0,09)$) e correlação (r_{am}) entre os efeitos aditivos direto e materno fixada em $r_{am} = -0,20$, valor próximo à média (-0,16) de 23 trabalhos sumarizados por Koots et al. (1994). A fração da variância atribuída ao ambiente permanente materno foi de $c^2 = 0,09$ e o efeito de ambiente permanente materno foi gerado através de ($N(0, c^2)$).

Foram utilizados dois níveis de herdabilidade direta ($h_a^2 = 0,25$ e $h_a^2 = 0,49$) na simulação, de forma a se avaliar o efeito diferencial dos fatores em estudo para essas duas situações encontradas para dados categóricos (BARICHELLO et al., 2010). Os efeitos de grupos de contemporâneos foram simulados com base em uma distribuição normal de forma a simular pequena ($\sigma_{GC}^2 = 0,25$) ou grande ($\sigma_{GC}^2 = 1,00$) diferença entre os grupos de contemporâneos, assim criando diferentes impactos na distribuição dos fenótipos na escala observada, quando uma escala fixa é adotada. Estes valores da variância entre grupos de contemporâneos foram escolhidos para representar magnitudes semelhantes ao que se observam quando se tem avaliações entre e dentro de rebanhos.

Simulação das escalas de colheita de dados

Os dados na escala observada foram gerados de forma a se obterem três diferentes distribuições (Y) dos dados (Figura 1) relativas aos grupos de contemporâneos: distribuição uniforme (Y_1), distribuição normal (Y_2) e distribuição assimétrica (Y_3).

Para gerar Y_1 foram utilizados pontos de truncamento padronizados que, multiplicados pelo desvio-padrão dos valores fenotípicos na escala subjacente (σ_y), dentro dos grupos de contemporâneos, e adicionados à média dos valores fenotípicos do grupo de contemporâneos, produziram os limiares que foram utilizados na transformação do fenótipo na escala subjacente no fenótipo observado na escala categórica, resultando em uma distribuição de frequência das observações correspondente a, aproximadamente, 16,6% em cada classe de resposta, simulando atribuição de escores sem grande distinção das diferenças fenotípicas dos animais.

Para gerar Y_2 foram utilizados pontos de truncamento padronizados que, multiplicados pelo desvio-padrão dos valores fenotípicos na escala subjacente (σ_y), dentro dos grupos de contemporâneos, e adicionados à média dos valores fenotípicos do grupo de contemporâneo, produziram os limiares que foram utilizados na transformação do fenótipo na escala subjacente no fenótipo observado na escala categórica, resultando em uma distribuição com maiores frequências nas classes centrais e menores nas classes extremas.

Para gerar Y_3 foi utilizado o mesmo procedimento anterior, mas com os pontos de truncamento padronizados de forma a se obterem as distribuições de frequências desejadas, ou seja, onde a frequência de animais em cada escore está deslocada para a direita, representando tendência dos avaliadores em concentrar os escores nas notas favoráveis (simulando os dados encontrados por Barichello et al., 2010).

Foram geradas 20 repetições para cada combinação de valor de herdabilidade e magnitude dos efeitos de grupo de contemporâneos, totalizando 80 populações. Cada uma dessas populações teve seus dados na escala subjacente utilizados para gerar dados na escala observada pelos dois sistemas de atribuição de notas sendo os dados analisados pelos três diferentes modelos, totalizando 720 análises.

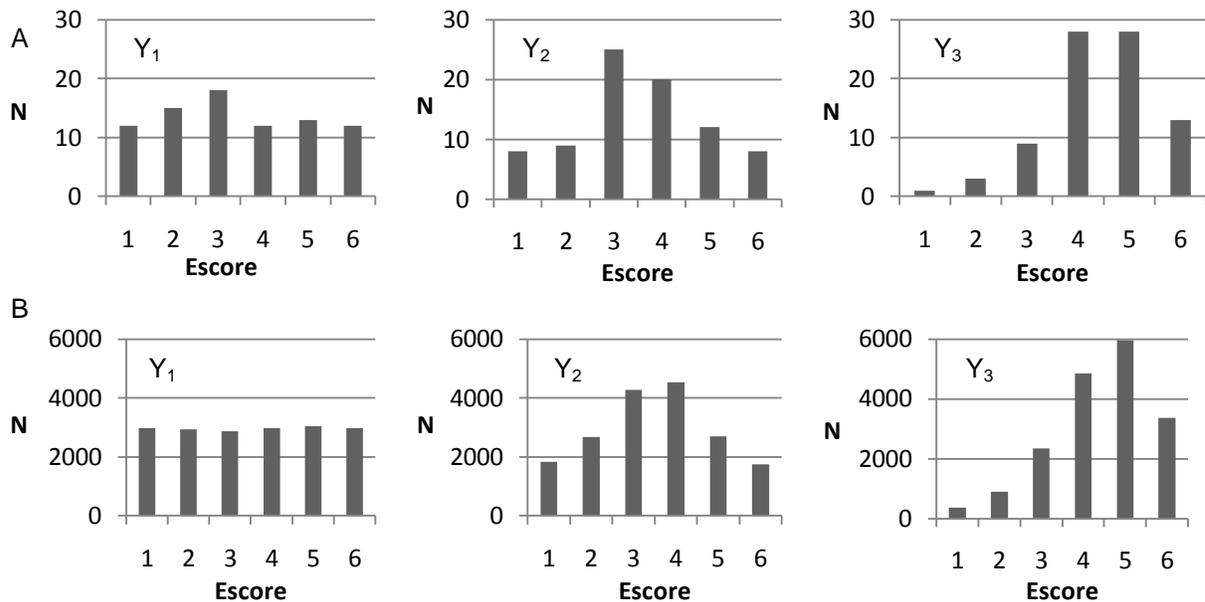


Figura 1. Representação gráfica do número de animais (N) por classe de escore para escala relativa uniforme (Y₁), normal (Y₂) e assimétrica (Y₃) em um grupo de contemporâneos (A) e na população (B).

Modelos de análise dos dados

Os dados foram analisados sob um modelo animal com três distintas abordagens (Modelo): modelo linear (LN), modelo de limiar (TH) e modelo linear com dados transformados (TR). Na escala transformada, os escores de uma determinada classe, em um grupo de contemporâneos foram substituídos pela média de uma distribuição normal padrão truncada, para tanto, foram obtidos para cada classe, em cada grupo de contemporâneos, os pontos de truncamento inferior e superior tal que $t_l = \{t | P[Z < t] = I\}$ e $t_s = \{t | P[Z > t] = S\}$, em que I e S correspondem às frequências observadas acumuladas nas classes abaixo e acima da classe considerada, respectivamente. As médias esperadas da distribuição normal padronizada acima dos pontos de truncamento da classe de interesse foram calculadas pelas equações $\bar{X}_I = \frac{f(t_l)}{1-I}$ e $\bar{X}_S = \frac{f(t_s)}{S}$, ou seja, a correção dos dados foi feita por $Y_c = \frac{f(t_l) - f(t_s)}{1-S-I}$ em que o novo valor fenotípico corresponde a $Y_c = E[Z | t_l < Z < t_s]$.

Os valores genéticos foram estimados por inferência bayesiana, utilizando-se os programas Gibbs2f90 e Thrgibbs1f90 (MISZTAL et al., 2002). O modelo estatístico

adotado foi $y = Xb + Za + Wm + Qc + e$ em que, y = vetor das variáveis dependentes; b = vetor de efeitos fixos de grupos de contemporâneos e idade da vaca; a , m e c = vetores de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e de ambiente permanente materno, respectivamente; e = vetor de erros aleatórios residuais associados às observações; e X , Z , W , e Q são as respectivas matrizes de incidência para cada efeito.

Os valores genéticos foram estimados pelo amostrador de Gibbs considerando os componentes de variância conhecidos e utilizando valores previamente estimados. Para as análises foram utilizadas cadeias de 110.000 ciclos com descarte (*burn-in*) amostral dos 10.000 ciclos e a retirada amostral a cada 20 ciclos. A convergência e as médias da distribuição *a posteriori* foram calculadas com a ajuda do programa Postgibbsf90 desenvolvido por S. Tsuruta (MISZTAL et al., 2002).

Para a avaliação da eficiência relativa das metodologias de estimação de valores genéticos foram estimadas correlações de Pearson dos valores genéticos verdadeiros e os valores genéticos preditos separadamente para cada categoria animal: progênie, touro e vaca. A categoria progênie foi definida como sendo os animais nascidos nas duas últimas safras da simulação de dados; para touros foram selecionados apenas touros com dados próprios e com progênie avaliada em duas safras; para vacas foram selecionadas aquelas com, no mínimo, três e, no máximo, sete produtos, o que correspondeu a, aproximadamente, 1/3 do número total de vacas simuladas. Isto teve por objetivo discriminar os animais em categorias mais homogêneas quanto a precisão com que se conhece seu valor genético.

O impacto dos diferentes fatores sobre a acurácia de estimação de valores genéticos (correlação de Pearson) para as diferentes categorias (touro, vaca e progênie) foi analisado pelo método dos quadrados mínimos com base em um modelo incluindo os efeitos de valor de h_a^2 , σ_{GC}^2 , escala (Y) e Modelo de análise empregado. Foram incluídas também as interações desses fatores. O delineamento foi equivalente a parcelas sub-subdivididas em que os valores h_a^2 e σ_{GC}^2 correspondem a tratamentos em arranjo fatorial 2 x 2 aplicados nas parcelas (20 repetições em cada subclasse); a escala (Y) é aplicada na subparcela gerando os três diferentes conjuntos de dados para

cada repetição e o Modelo aplicado na sub-subparcela gerando as três análises distintas a que foram submetidos cada conjunto de dados.

Resultados e Discussão

Valor Genético Direto

Os resultados da análise de variância da correlação estimada entre os valores genéticos direto verdadeiros e os preditos para cada categoria animal (Tabela 1) serão comentados seguindo o grau de complexidade dos efeitos, ou seja, das interações com maior número de efeitos até efeitos simples, quando relevantes.

Tabela 1. Resumo das análises de variância das correlações estimadas entre os valores genéticos direto verdadeiros e os preditos para progênie, touros e vacas de acordo com os diferentes fatores em estudo.

Fonte de variação	GL	Quadrado Médio		
		Progênie	Touros	Vacas
h_a^2	1	**	**	**
σ_{GC}^2	1	-	-	-
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2$	1	-	-	-
$R(h_a^2 \times \sigma_{GC}^2)$ (Resíduo a)	76			
Y	2	**	**	**
$h_a^2 \times Y$	2	-	-	-
$\sigma_{GC}^2 \times Y$	2	-	-	-
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times Y$	2	-	-	-
$Y \times R(h_a^2 \times \sigma_{GC}^2)$ (Resíduo b)	152			
Modelo	2	**	**	**
$h_a^2 \times$ Modelo	2	**	-	**
$\sigma_{GC}^2 \times$ Modelo	2	*	-	-
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times$ Modelo	2	-	-	-
Y x Modelo	4	**	**	**
$h_a^2 \times Y \times$ Modelo	4	**	-	-
$\sigma_{GC}^2 \times Y \times$ Modelo	4	-	-	-
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times Y \times$ Modelo	4	-	-	-
Resíduo Geral	456			

** P<0,01; * P<0,05; - P>0,05

GL, h_a^2 , σ_{GC}^2 , R = graus de liberdade, herdabilidade direta verdadeira, variância de grupo de contemporâneos, repetição

Y = escala (relativa uniforme, relativa normal, relativa assimétrica)

Modelo = linear, linear com dados transformados, limiar

O efeito da interação de escala (Y) e Modelo de análise foi significativo para todas as categorias consideradas (Tabela 1), indicando que se deve verificar a distribuição dos escores visuais para então empregar o modelo mais adequado para a estimativa dos valores genéticos permitindo assim maior acurácia das estimativas.

Progênie

Segundo as correlações estimadas apresentadas na Tabela 2, verifica-se que a escala relativa normal (Y_2) apresentou as maiores acurácias, independente dos demais fatores (h_a^2 e Modelo). Observou-se também que a escolha do melhor modelo de análise a ser empregado é dependente da herdabilidade direta da característica e, quando a atribuição de escores visuais é feita de forma relativa normal (Y_2), o modelo linear foi equivalente ao modelo de limiar.

Tabela 2. Estimativas de correlações entre os valores genéticos direto verdadeiros e preditos para progênie, conforme os efeitos de herdabilidade verdadeira (h_a^2), escala (Y^1) e Modelo de análise utilizados.

Y	Modelo		
	Linear	Limiar	Transformado
$h_a^2 = 0,25$			
Y_1	0,627 ^{bB}	0,629 ^{aB}	0,628 ^{bB}
Y_2	0,632 ^{abA}	0,632 ^{aA}	0,631 ^{bA}
Y_3	0,625 ^{bC}	0,627 ^{aC}	0,625 ^{bC}
$h_a^2 = 0,49$			
Y_1	0,742 ^{cB}	0,747 ^{aB}	0,744 ^{bB}
Y_2	0,751 ^{aA}	0,752 ^{aA}	0,749 ^{bA}
Y_3	0,741 ^{cC}	0,746 ^{aB}	0,744 ^{bB}

¹ Y_1 = relativa uniforme; Y_2 = relativa normal; Y_3 = relativa assimétrica. Letras minúsculas para comparação na linha e letras maiúsculas para comparação na coluna. Comparações realizadas dentro de mesmo valor de herdabilidade direta verdadeira. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0002$.

Ainda segundo a Tabela 2, para $h_a^2 = 0,25$, observa-se que as estimativas foram mais acuradas quando a distribuição foi normal, seguida de uniforme e, por último, a distribuição assimétrica para todos os modelos testados. Para $h_a^2 = 0,49$, as estimativas foram superiores quando comparadas às obtidas para $h_a^2 = 0,25$, resultado este esperado devido à maior fração de variância aditiva. As correlações foram mais

acuradas quando a distribuição foi normal seguida pelas demais, com exceção da distribuição assimétrica quando analisada sob modelo linear. Estes resultados indicam que é melhor atribuir os escores visuais de forma uniforme, com baixo efeito discriminatório entre os animais, do que atribuir os escores de forma concentrada nas extremidades.

As correlações estimadas sob o efeito da interação de σ_{GC}^2 x Modelo de análise (Figura 2) foram mais elevadas quando $\sigma_{GC}^2 = 1,00$, resultado contraditório, pois espera-se que dados obtidos sob baixo efeito de variância ambiental apresentem estimativas mais acuradas. Quando $\sigma_{GC}^2 = 0,25$, a maior correlação foi apresentada pelo modelo de limiar, seguida pelo modelo de dados transformados e pelo modelo linear, sendo todos diferentes entre si. Para $\sigma_{GC}^2 = 1,00$, a maior correlação foi apresentada pelo modelo de limiar, seguida pelos modelos de dado transformado e linear, sendo que os dois últimos não diferiram entre si.

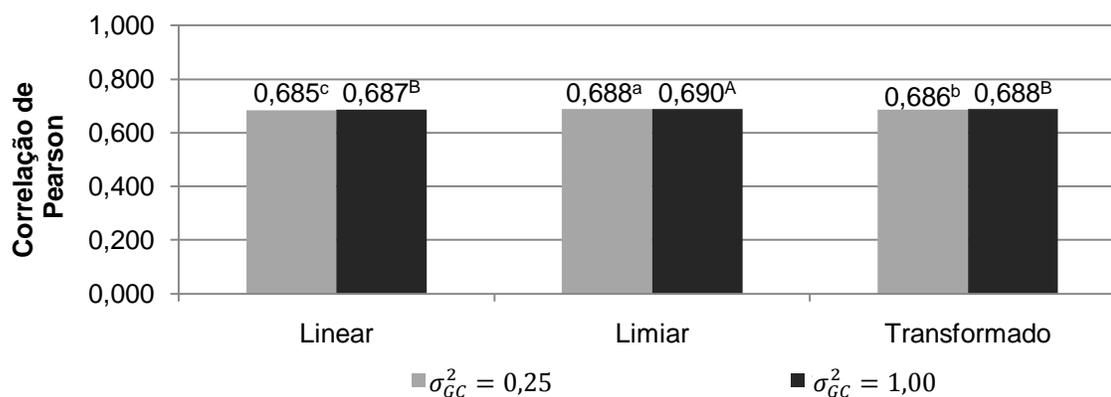


Figura 2. Correlação de Pearson entre os valores genéticos direto verdadeiros e preditos para progênie sob a interação dos efeitos de modelo (Linear, Limiar e Transformado) e variância de grupo de contemporâneos (σ_{GC}^2). Comparações realizadas dentro de mesmo valor de σ_{GC}^2 . Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0001$.

Touros

As estimativas de correlação obtidas entre os valores genéticos direto verdadeiros e preditos para touros segundo o efeito de herdabilidade direta verdadeira foi 6,4% superior para $h_a^2 = 0,49$ ($0,942 \pm 0,0006$) quando comparado à $h_a^2 = 0,25$ ($0,885 \pm 0,0006$). Estas estimativas de correlação para touros segundo a interação Y x Modelo

(Tabela 3), segue o padrão das estimativas de correlação obtidas para progênie sob a interação $h_a^2 = 0,25 \times Y \times \text{Modelo}$ (Tabela 2). O modelo de limiar apresentou as estimativas mais acuradas, independente da escala. Os dados de escores visuais que apresentaram distribuição normal e foram analisados por modelos lineares não apresentaram comprometimento das estimativas quando comparado ao modelo de limiar. No caso dos dados que não foram atribuídos de forma a seguirem uma distribuição normal, foi preferível que estes apresentem frequência semelhante para cada classe de resposta, em detrimento às distribuições assimétricas e ainda assim, sempre que possível, seja aplicado algum tipo de transformação de dados permitindo assim o uso de modelos lineares com menores danos à acurácia das estimativas.

Tabela 3. Estimativa de correlação entre os valores genéticos direto verdadeiros e preditos para touros e vacas de acordo com a interação de escala (Y^1) e Modelo de análise utilizados.

Y	Modelo		
	Linear	Limiar	Transformado
	Touros		
Y ₁	0,913 ^{cB}	0,914 ^{aB}	0,913 ^{bB}
Y ₂	0,916 ^{aA}	0,916 ^{aA}	0,915 ^{bA}
Y ₃	0,911 ^{cC}	0,914 ^{aC}	0,912 ^{bC}
	Vacas		
Y ₁	0,605 ^{bB}	0,607 ^{aB}	0,605 ^{bB}
Y ₂	0,610 ^{aA}	0,611 ^{aA}	0,610 ^{bA}
Y ₃	0,603 ^{cC}	0,606 ^{aB}	0,605 ^{bB}

¹ Y₁= relativa uniforme; Y₂ = relativa normal; Y₃ = relativa assimétrica. Letras minúsculas para comparação na linha e letras maiúsculas para comparação na coluna. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de touros e vacas de $\pm 0,0001$.

Vacas

Para vacas as estimativas de correlação entre os valores genéticos diretos verdadeiros e preditos sob o efeito da interação $Y \times \text{Modelo}$ (Tabela 3) seguiram o padrão encontrado para progênie (Tabela 2) quando $h_a^2 = 0,49 \times Y \times \text{Modelo}$. Assim como para progênie e touros, o modelo de limiar apresentou as estimativas mais acuradas, independente de Y. Quando os dados seguiram uma distribuição próxima a normal (Y₂) os modelos de limiar e linear se equivaleram. E, novamente, a estimativa

mais baixa de correlação foi obtida quando se utilizou modelo linear em dados que apresentavam distribuição assimétrica (Y_3).

Outro efeito a ser considerado foi o da interação $h_a^2 \times$ Modelo sobre as estimativas das correlações dos valores genéticos direto verdadeiros e preditos (Figura 3). Para ambos os valores de h_a^2 o modelo de limiar apresentou estimativas mais acuradas. No caso de $h_a^2 = 0,25$, os modelos linear e de dados transformados apresentaram estimativas semelhantes, já para $h_a^2 = 0,49$, a transformação de dados empregada melhorou levemente as estimativas de correlação entre os valores genéticos verdadeiros e preditos.

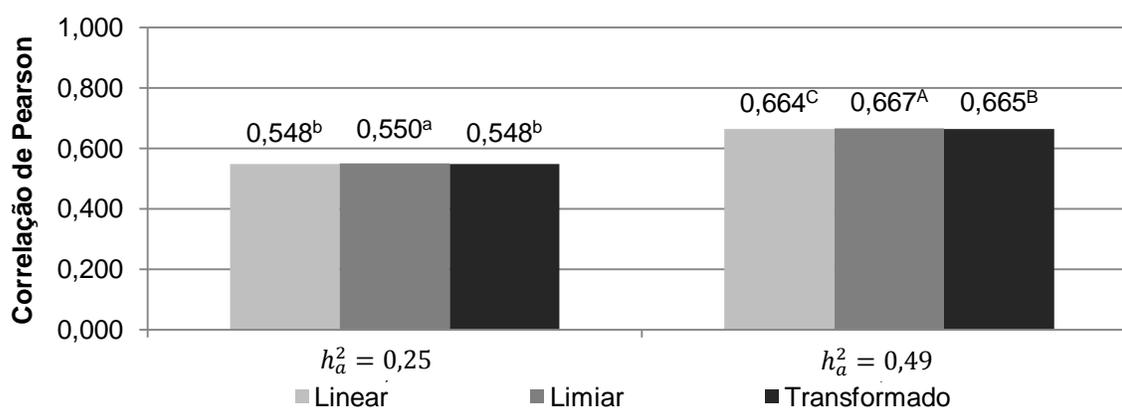


Figura 3. Correlação de Pearson entre os valores genéticos diretos verdadeiros e preditos para vacas sob a interação dos efeitos de modelo (Linear, Limiar e Transformado) e herdabilidade direta verdadeira (h_a^2). Comparações realizadas dentro de mesmo valor de herdabilidade direta verdadeira. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0001$.

As correlações estimadas apresentadas neste estudo pelos modelos de limiar foram em média 1% superiores às correlações estimadas pelos modelos linear e de dados transformados. Estes resultados foram semelhantes aos reportados por Casellas et al. (2007) com dados de tamanho de ninhada para ovinos da raça Ripollesa, em que as correlações entre os valores genéticos direto verdadeiros e preditos encontradas foram de $0,658 \pm 0,005$ para modelo de limiar, e de $0,648 \pm 0,005$ para modelo linear, quando considerada toda a população, o que corresponde a um incremento de 1,5% na correlação estimada por modelo de limiar uni-característica.

Varona et al. (1999) relataram que as correlações entre os valores genéticos direto verdadeiros e preditos para dificuldade de parto foram levemente superiores quando estimados por modelo de limiar. Diferenças maiores foram reportadas por Meijering & Gianola (1985) e por Hoeschele & Gianola (1988), com diferentes parâmetros genéticos e modelo touro. Varona et al. (1999) e Casellas et al. (2007) afirmam que a substituição de modelo uni-característica por um modelo bi-característica parece fornecer acréscimos de três vezes na correlação estimada do que a substituição de modelo linear por modelo de limiar. A utilização de modelos multi-características pode ser uma opção para aumentar a acurácia das observações, mas também aumentará a demanda computacional e o tempo de processamento.

Ramirez-Valverde et al. (2001), em estudo com dificuldade de parto, utilizando validação cruzada para comparar diferentes metodologias de análise de dados, relataram correlações 10% superiores para valores genéticos aditivos estimados por modelos de limiar quando comparados a modelos lineares, utilizando informação de toda a população. Neste estudo, o modelo de limiar apresentou estimativas superiores, mas que não chegaram a 10%. Esse baixo incremento pode estar ligado ao fato das correlações terem sido estimadas separadamente para cada categoria animal e não utilizando toda a população.

Ainda Ramirez-Valverde et al. (2001), verificaram o efeito dos modelos sobre os valores genéticos de touros selecionando touros de baixa acurácia (menos de 50 bezerros), média acurácia (entre 50 e 100 bezerros) e de alta acurácia (acima de 100 bezerros), concluindo que a medida que o número de dados disponíveis para os touros aumentava, as diferenças entre os modelos uni-característica de limiar e linear diminuía. Estes resultados concordam com a hipótese apresentada por Clutter et al. (1989) de que quando o número de dados para dificuldade de parto por touro é limitada, é provável que ocorram diferenças na classificação dos touros usando modelos de limiar e linear. Esta mesma situação pode ter ocorrido com os resultados aqui apresentados, visto que apenas touros com a mesma quantidade e qualidade de informação foram considerados no estudo, sem perda de informação. Em banco de dados reais é comum encontrar-se animais com muita informação e outros com quase

nenhuma informação, ou mesmo informações imprecisas, o que pode interferir com a acurácia das estimativas.

Faria et al. (2008) estimaram valores genéticos para escores de musculosidade, estrutura física e conformação em bovinos Nelore sob modelos linear e limiar, em análises uni-característica, e relataram que as correlações de Spearman para os escores considerados entre as duas metodologias estudadas foram acima de 99%, indicando que praticamente não houve mudança na classificação dos animais, entre os modelos adotados, embora a magnitude dos valores genéticos preditos possam ser diferentes.

Abdel-Azim & Berger (1999) relataram mínimo ou nenhum incremento nas estimativas de parâmetros genéticos ou valores genéticos quando da transformação dos dados proposta por Snell (1964). Neste estudo, a transformação de dados proposta apresentou estimativas superiores às obtidas por modelo linear, mas inferiores às obtidas por modelo de limiar, indicando a transformação de dados como um procedimento intermediário aos outros dois modelos estudados.

Os resultados aqui encontrados parecem concordar com os resultados da literatura sobre modelos lineares e de limiar para a análise de dados discretos em geral, em que os modelos de limiar apresentam resultados superiores em estudos de simulação. No entanto, quando considerados em análises de dados de campo, ambos os modelos, linear e de limiar, parecem se equivalerem.

Valor Genético Materno

Os resultados da análise de variância da correlação estimada entre os valores genéticos maternos verdadeiros e os preditos para cada categoria animal (Tabela 4) serão comentados seguindo o grau de complexidade das interações.

Análises genéticas de escores visuais visando estimativas de valores genéticos maternos devem levar em consideração a distribuição dos escores (Y) e, diante desta, o modelo de análise que mais se adequar às características inerentes dos dados disponíveis (Tabela 4). A herdabilidade direta verdadeira dos escores visuais simulados

não influenciou a estimativa dos valores genéticos maternos para nenhuma das categorias consideradas.

Tabela 4. Resumo das análises de variância das correlações estimadas entre os valores genéticos maternos verdadeiros e os preditos para progênie, touros e vacas de acordo com os diferentes fatores em estudo.

Fonte de variação	GL	Quadrado Médio		
		Progênie	Touros	Vacas
h_a^2	1	-	-	-
σ_{GC}^2	1	*	-	-
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2$	1	-	-	-
$R(h_a^2 \times \sigma_{GC}^2)$ (Resíduo a)	76			
Y	2	*	**	**
$h_a^2 \times Y$	2	-	-	-
$\sigma_{GC}^2 \times Y$	2	-	-	-
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times Y$	2	-	-	**
$Y \times R(h_a^2 \times \sigma_{GC}^2)$ (Resíduo b)				
Modelo	2	**	**	**
$h_a^2 \times$ Modelo	2	-	*	-
$\sigma_{GC}^2 \times$ Modelo	2	-	-	-
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times$ Modelo	2	-	-	-
Y x Modelo	4	-	*	**
$h_a^2 \times Y \times$ Modelo	4	-	-	-
$\sigma_{GC}^2 \times Y \times$ Modelo	4	-	-	-
$h_a^2 \times \sigma_{GC}^2 \times Y \times$ Modelo	4	-	-	-
Resíduo Geral	456			

** P<0,01; * P<0,05; - P>0,05

GL, h_a^2 , σ_{GC}^2 , R = graus de liberdade, herdabilidade direta verdadeira, variância de grupo de contemporâneos, repetição

Y = escala (relativa uniforme, relativa normal, relativa assimétrica)

Modelo = linear, linear com dados transformados, limiar

Progênie

A média da correlação estimada pelo modelo de limiar ($0,352 \pm 0,0002$) foi levemente superior e diferente das correlações estimadas pelos modelos linear e de dados transformados ($0,350 \pm 0,0002$), assim como a escala relativa normal (Y_2 ; $0,353 \pm 0,0002$) foi superior às demais, sendo seguida pela escala uniforme (Y_1 ; $0,350 \pm 0,0002$) e, finalmente, pela assimétrica (Y_3 ; $0,349 \pm 0,0002$). A correlação estimada quando $\sigma_{GC}^2 = 1,00$ foi $0,361 \pm 0,0002$ e quando $\sigma_{GC}^2 = 0,25$ foi $0,340 \pm 0,0002$, revelando aumento de 6,2% quando estimada sob alta variância ambiental. Estes resultados

seguem o mesmo padrão encontrado para as estimativas de valores genéticos diretos de progênie.

Touros

Pode-se observar (Tabela 5) que as estimativas de correlação entre os valores genéticos maternos verdadeiros e preditos foram de magnitude inferior e seguiram padrão semelhante às estimativas obtidas para os valores genéticos diretos (Tabela 3). Todos os modelos considerados neste estudo estimaram correlações semelhantes quando os escores apresentaram distribuição normal. Para escores com distribuição assimétrica, o modelo de dados transformados apresentou estimativas equivalentes ao modelo de limiar, sendo o modelo linear inferior à ambos modelos.

Tabela 5. Estimativa de correlação entre os valores genéticos maternos verdadeiros e estimados para touros e vacas de acordo com a interação de escala (Y^1) e Modelo utilizados.

Y	Modelo		
	Linear	Limiar	Transformado
	Touros		
Y ₁	0,604 ^{bB}	0,607 ^{aB}	0,605 ^{bB}
Y ₂	0,611 ^{aA}	0,612 ^{aA}	0,611 ^{aA}
Y ₃	0,604 ^{bB}	0,608 ^{aB}	0,606 ^{aB}
	Vacas		
Y ₁	0,488 ^{bB}	0,490 ^{aB}	0,489 ^{bB}
Y ₂	0,493 ^{abA}	0,493 ^{aA}	0,492 ^{bA}
Y ₃	0,486 ^{cC}	0,489 ^{aB}	0,488 ^{bB}

¹ Y₁= relativa uniforme; Y₂ = relativa normal; Y₃ = relativa assimétrica. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Letras minúsculas para comparação na linha e letras maiúsculas para comparação na coluna. Erro-padrão associado às médias de Touros de $\pm 0,0005$ e de Vacas de $\pm 0,0002$.

As estimativas de correlações dos valores genéticos maternos para touros foram, em média, 3% superiores quando $h_a^2 = 0,49$ em relação à $h_a^2 = 0,25$ (Figura 4). Para $h_a^2 = 0,25$, o modelo de limiar foi mais acurado nas estimativas, enquanto que os modelos linear e de dados transformados foram equivalentes entre si. Para $h_a^2 = 0,49$, as estimativas mais acuradas foram obtidas pelo modelo de limiar, seguido pelo modelo de dados transformados e pelo modelo linear, concordando com resultados anteriores onde estimativas mais acuradas foram obtidas pelo modelo de limiar, e que a

transformação de dados foi uma opção intermediária entre o modelo considerado mais adequado, modelo de limiar, e o modelo mais utilizado, modelo linear.

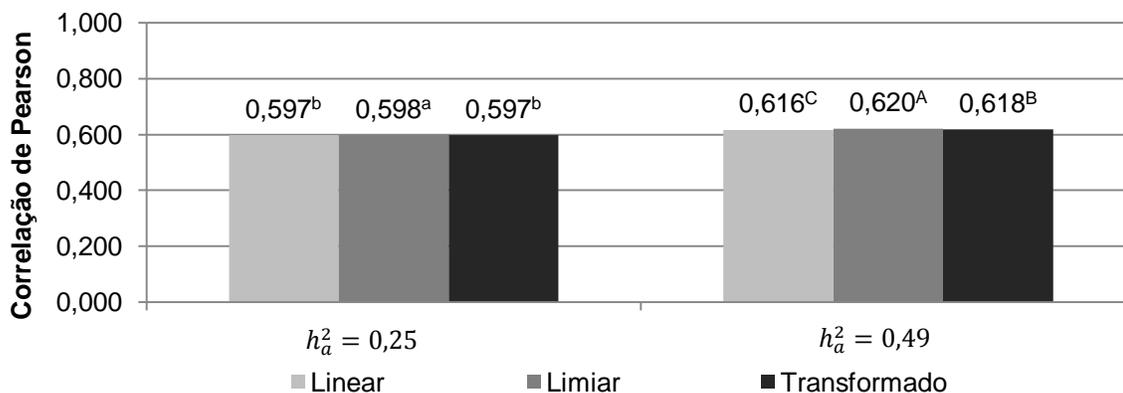


Figura 4. Correlação de Pearson entre os valores genéticos maternos verdadeiros e preditos para touros sob a interação dos efeitos de modelo (Linear, Limiar e Transformado) e herdabilidade direta verdadeira (h_a^2). Comparações realizadas dentro de mesmo valor de h_a^2 . Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0004$.

Vacas

As estimativas de correlações para o valor genético materno para vacas foram inferiores às estimadas para touros (Tabela 5), resultado esperado devido a menor quantidade de informações disponíveis para vacas. As estimativas obtidas pelos modelos de limiar e linear se equivaleram quando os escores apresentam distribuição normal. E, seguindo o padrão de resultados anteriores, a estimativa de correlação mais baixa foi obtida quando os escores visuais apresentaram distribuição assimétrica e foram analisados sob modelo linear.

Verificou-se que para ambos os valores de h_a^2 , as estimativas foram mais acuradas quando consideradas sob baixo efeito ambiental ($\sigma_{GC}^2 = 0,25$), com exceção das estimativas obtidas para escores visuais de herdabilidade direta alta ($h_a^2 = 0,49$) apresentando distribuição assimétrica (Y_3) (Tabela 6). Os escores visuais considerados sob distribuição normal apresentaram correlações levemente superiores às demais distribuições, sendo que Y_1 e Y_3 apresentaram comportamentos distintos dependendo da combinação $h_a^2 \times \sigma_{GC}^2$.

Tabela 6. Estimativas de correlação entre os valores genéticos maternos verdadeiros e preditos para vacas sob a interação de herdabilidade direta verdadeira (h_a^2), variância de grupo de contemporâneos (σ_{GC}^2) e escala (Y^1) utilizados.

h_a^2	σ_{GC}^2	Y		
		Y_1	Y_2	Y_3
0,25	0,25	0,498 ^{ca}	0,501 ^{aA}	0,499 ^{bA}
	1,00	0,490 ^{bB}	0,496 ^{aB}	0,488 ^{cB}
0,49	0,25	0,485 ^{bA}	0,488 ^{aA}	0,481 ^{cB}
	1,00	0,483 ^{bB}	0,485 ^{aB}	0,483 ^{bA}

¹ Y_1 = relativa uniforme; Y_2 = relativa normal; Y_3 = relativa assimétrica. Letras minúsculas para comparação na linha e letras maiúsculas para comparação na coluna. Comparações realizadas dentro de mesmo valor de herdabilidade direta verdadeira. Valores seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey 5%. Erro-padrão associado às médias de $\pm 0,0002$.

Estudos que consideram efeito genético materno para características discretas são escassos na literatura disponível, visto que a maioria apenas considera o efeito direto do animal nos modelos. Ramirez-Valverde et al. (2001) apresentaram estudo sobre os efeitos dos modelos lineares e de limiar sobre os valores genéticos maternos estimados para touros de baixa, média e alta acurácia. Os autores observaram correlações mais baixas para os efeitos genéticos maternos quando comparados com os efeitos diretos; os modelos de limiar apresentaram correlações ligeiramente superiores aos modelos lineares para touros de baixa, média e alta acurácia, no entanto, esta diferença reduziu gradualmente com o aumento das informações disponíveis para touros. Os resultados apresentados no presente estudo concordam com os de Ramirez-Valverde et al. (2001), mesmo que os autores apenas consideraram as estimativas para touros.

Conclusões

Os valores genéticos estimados por modelo de limiar são mais acurados do que valores genéticos estimados pelos modelos linear e linear com dados transformados. A transformação dos dados aqui proposta não foi eficiente para ser utilizada como uma opção de tratamento para os dados de escores visuais. Quando os escores são atribuídos de forma relativa e apresentam distribuição normal, a análise pelos modelos linear e de limiar se equivalem.

Referências Bibliográficas

ABDEL-AZIM, G.A.; BERGER, P.J. Properties of threshold model predictions. **Journal of Animal Science**, v.77, p.582-590, 1999.

BARICHELO, F.; ALENCAR, M.M.; TORRES JÚNIOR, R.A.A.; SILVA, L.O.C. Herdabilidade e correlações quanto ao peso, perímetro escrotal e escores visuais à desmama, em bovinos Canchim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.563-570, 2010.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerras Angus criados no estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.1, p.41-48, 2001.

CASELLAS, J.; CAJA, G.; FERRET, A.; PIEDRAFITA, J. Analysis of litter size and days to lambing in the Ripollesa ewe. II. Estimation of variance components and response to phenotypic selection on litter size. **Journal Animal Science**, v.85, p.625-631, 2007.

CLUTTER, A.C.; BERGER, P.J.; MATTISON, J.M. Threshold model analysis of dystocia in dairy cattle when progeny information is limited. **Journal of Dairy Science**, v.72, p.3264-3272, 1989.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman, 1996, 464p.

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

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

KOOTS, K.R.; GIBSON, J.P.; WILTON, J.N. Analysis of published genetic parameters estimates for beef production traits. 1. Heritability. **Animal Breeding Abstract**, v.62, p.309-338, 1994.

LEE, D.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K.; REKAYA, R. National evaluation for calving ease, gestation length and birth weight by linear and threshold models methodologies. **Journal of Applied Genetics**, v.43, p.209-216, 2002.

MATILAINEN, K.; MRODE, R.; STRADÉN, I.; THOMPSON, R.; MÄNTYSAARI, E.A. Linear-threshold animal model for birth weight, gestation length and calving ease in United Kingdom Limousin beef cattle data. **Livestock Science**, v.122, p.143-148, 2009.

MEIJERING, A.; GIANOLA, D. Linear versus nonlinear methods of sire evaluation for categorical traits: a simulation study. **Genetics Selection Evolution**, v.17, p.115-131, 1985.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. Blupf90 and related programs. In: Proc. 7th World Congr. Appl. Livest. Prod., 2002. Montpellier, France. Commun. No. 28-07, 2002.

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

SNELL, E.J. A scaling procedure for ordered categorical data. **Biometrics**, v.20, p.592-607, 1964.

VARONA, L.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Threshold-linear *versus* linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: II. Comparison of models. **Journal of Animal Science**, v.77, p.2003-2007, 1999.

CAPÍTULO 4 – IMPLICAÇÕES

O adequado delineamento de um programa de seleção deve considerar rigorosamente as várias etapas, como a definição dos objetivos de seleção, os critérios de seleção, a colheita dos dados, a avaliação genética das características, a seleção dos pais da próxima geração e a escolha dos acasalamentos, sendo todas as etapas compostas por pequenos detalhes de grande importância para que os níveis de ganho genético desejado sejam alcançados.

Quando da execução das avaliações genéticas, é necessário a correta estimativa dos parâmetros genéticos das características e dos valores genéticos dos animais. Para isso as avaliações devem considerar os efeitos de ambiente (manejo alimentar, idade da vaca, etc.), de grupo genético (efeitos heteróticos e aditivo de grupo genético), a decomposição dos efeitos aleatórios e a escolha da metodologia mais adequada.

Os resultados deste trabalho indicaram, em geral, a superioridade do modelo de limiar para a estimativa dos valores genéticos, independente da forma de atribuição dos escores visuais e, quando os escores visuais foram atribuídos de forma relativa e apresentarem distribuição próxima à normal, estes podem ser analisados por modelos lineares sem que haja prejuízo na acurácia das estimativas dos valores genéticos. No entanto, as estimativas obtidas pelos diferentes modelos e escalas foram bastante semelhantes entre si, permitindo os programas de melhoramento genético decidir qual abordagem é mais apropriada.

Estudos ainda precisam ser feitos abordando diferentes situações, tais como, se o número de classes de respostas deve ser par ou ímpar, quais as implicações quando estudo semelhante for feito sob efeito de seleção, qual o impacto do uso de dados desbalanceados, qual a robustez dos modelos diante de matriz de pedigree incorreta e dados perdidos.

Este estudo permitiu elucidar a melhor abordagem para as análises de valor genético dependendo de como o banco de dados se apresenta. Diante destes resultados, os programas de melhoramento genético podem escolher como conduzir as

análises genéticas para escores visuais ciente das implicações do uso de diferentes formas de atribuição dos escores e dos modelos de análise na acurácia dos valores preditos.

Apêndice

1. Conjunto de dados

1.1. Configuração geral do rebanho

Os dados utilizados neste trabalho foram obtidos por meio de simulação, gerados a partir de um rebanho simulado com 40 machos (touros) e 1.200 fêmeas (1.000 vacas e 200 novilhas), acasalados aleatoriamente. Das 1.200 matrizes acasaladas foram escolhidas aleatoriamente 1.000 fêmeas prenhes que permaneceram no rebanho no ano seguinte. Os touros foram escolhidos aleatoriamente entre os machos de um ano de idade do ano anterior e foram mantidos na reprodução por dois anos e, então, descartados. As fêmeas entraram em reprodução com dois anos (200 novilhas), sendo escolhidas aleatoriamente entre as fêmeas de um ano do ano anterior, e permaneceram no rebanho até no máximo 18 anos, sendo descartadas anualmente numa taxa de $1/6$ ($200/1.200$), independente de idade, para representar falha na reprodução e descarte involuntário. Foram simuladas diferentes taxas de prenhes para as vacas de acordo com a idade, iniciando aos 2 anos com 90% de prenhes e, consecutivamente, 59, 87, 93, 93, 92, 92, 90, 89, 84, 79 e 75% até os 13 anos, sendo que a partir dos 14 anos as fêmeas não foram mais expostas à reprodução.

Das 1.000 vacas prenhes mantidas após o final da monta, com seus respectivos acasalamentos, foram produzidos, de acordo com uma taxa de desmama de 90%, cerca de 900 bezerras com dados colheitados por ano. Os produtos gerados foram aleatoriamente distribuídos entre machos e fêmeas.

A simulação contemplou 20 anos de acompanhamento do rebanho, em que a cada ano foram feitos a progressão dos animais para as categorias futuras, os respectivos descartes e seleção aleatória dos próximos machos e novilhas para a reprodução. Ao final dos 20 anos, o conjunto de dados constou, em média, de 18.000 dados fenotípicos e 21.040 animais no pedigree. Todos os animais do rebanho inicial foram considerados não aparentados e sem dados fenotípicos.

Foram gerados efeitos aditivo direto e aditivo materno para todos os animais e de ambiente permanente materno para as vacas. Para os produtos, foram geradas ainda informações de grupos de manejo (cinco classes de manejo), sendo estas utilizadas

juntamente com a informação de sexo e ano de nascimento do animal para a formação dos grupos de contemporâneos, resultando em aproximadamente 90 observações por grupo de contemporâneos. Foi também gerado, para cada bezerro, o efeito da idade de sua mãe ao parto, que juntamente com os demais efeitos e um erro aleatório independente foi combinado para formar o valor fenotípico do animal na escala subjacente. Este modelo representa um modelo típico de dados fenotípicos de bovinos de corte. Em seguida, esses dados foram utilizados na obtenção dos valores fenotípicos na escala observada de acordo com cada alternativa em avaliação.

1.2. Simulação dos valores genéticos e fenotípicos

A característica simulada apresenta resposta observada em escala categórica de seis classes, com uma escala subjacente normal contínua, assumindo que a escala subjacente apresenta distribuição normal e modelo linear. A característica seguiu o modelo $y = b + ivp + a + m + c + e$, em que y corresponde ao fenótipo do animal na escala subjacente, b refere-se aos efeitos de grupo de contemporâneos, ivp é o efeito da idade da vaca ao parto, a representa o valor genético aditivo do animal, m representa o efeito aditivo materno e c corresponde ao efeito de ambiente permanente materno da mãe do animal e e está associado ao erro aleatório.

Os valores genéticos aditivos direto e materno para a população base foram gerados a partir de uma distribuição normal bivariada com média zero e variância aditiva direta (σ_a^2) em função da herdabilidade direta ($N(0, h_a^2)$), e variância aditiva materna (σ_m^2) em função da herdabilidade materna ($N(0, h_m^2 = 0,09)$) e a correlação (r_{am}) entre os efeitos aditivos direto e materno foi fixada em $r_{am} = -0,20$. A fração da variância atribuída ao ambiente permanente materno foi de $c^2 = 0,09$ e o efeito de ambiente permanente materno foi gerado através de $N(0, c^2)$. Com base na fração da variância fenotípica correspondente à variância de grupo de contemporâneos ($\sigma_{gc}^2 = k \times \sigma_f^2$), foram simulados os efeitos de grupo de contemporâneos a partir de uma distribuição normal com média zero e variância igual a $\sigma_{gc}^2 (N(0, \sigma_{gc}^2))$. O valor para a

variância residual (σ_e^2) foi fixado em 1,0. A covariância entre os efeitos aditivo direto e aditivo materno (σ_{am}) foi obtida pela seguinte fórmula: $\sigma_{am} = r_{am} \times \sqrt{\sigma_a^2 \times \sigma_m^2}$.

O efeito de idade da vaca ao parto (ivp) foi gerado a partir de um modelo de polinômio segmentado quadrático de quatro parâmetros com nós aos oito e 13 anos para idades entre três e 18 anos, de forma a considerar o impacto que a idade da vaca tem sobre características pré-desmama. Sendo assim, considerando a padronização da idade da vaca ao parto dada por $ivp_p = \frac{(ivp-3)}{15}$, o modelo do efeito da idade da vaca ao parto é dado por: $ef_{ivp} = 170 \times ivp_p - 210 \times ivp_p^2 + 80 \times \text{Max}\left(0, ivp_p - \frac{1}{3}\right)^2 + \text{Max}\left(0, ivp_p - \frac{2}{3}\right)^2$.

A cada ano, os valores genéticos dos produtos ($\begin{bmatrix} a_a \\ m_a \end{bmatrix}$), tanto direto quanto materno, foram gerados com base em uma distribuição normal bivariada com média igual à média dos valores genéticos dos pais ($\frac{1}{2}\begin{bmatrix} a_p \\ m_p \end{bmatrix} + \frac{1}{2}\begin{bmatrix} a_m \\ m_m \end{bmatrix}$) mais a amostragem mendeliana ($\begin{bmatrix} a_{am} \\ m_{am} \end{bmatrix}$), em que $\begin{bmatrix} a_{am} \\ m_{am} \end{bmatrix} \sim N\left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \left[1 - \frac{1}{4}(1 + F_p) - \frac{1}{4}(1 + F_m)\right] \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{am} \\ \sigma_{am} & \sigma_m^2 \end{bmatrix}\right)$, sendo que F_p e F_m correspondem aos coeficientes de endogamia do pai (touro) e da mãe (vaca), respectivamente. Além dos valores genéticos, foram simulados os valores fenotípicos na escala subjacente, combinando o efeito da idade da mãe do animal ao parto, o efeito de grupo de contemporâneos do animal, o efeito aditivo direto do animal, o efeito aditivo e de ambiente permanente materno da mãe do animal e um resíduo não correlacionado. Com base nesses fenótipos contínuos na escala subjacente, foram gerados os fenótipos na escala observada, de acordo com os diferentes critérios de avaliação.

Foram utilizados dois níveis de herdabilidade (baixa: $h_a^2 = 0,25$ e alta: $h_a^2 = 0,49$) na simulação, de forma a se avaliar o efeito diferencial dos fatores em estudo para essas duas situações.

Os efeitos de grupos de contemporâneos foram simulados com base em uma distribuição normal de forma a simular pequena ($\sigma_{cc}^2 = 0,25$) ou grande ($\sigma_{cc}^2 = 1,00$)

diferença entre os grupos de contemporâneos, assim criando diferentes impactos na distribuição dos fenótipos na escala observada, dependendo do tipo de escala adotada (relativa vs. fixa), semelhantemente ao que se observa com avaliações entre e dentro de rebanhos.

Assim, foi gerado um banco de dados com os pedigrees, valores genéticos reais, fenótipos na escala subjacente e os fenótipos observados nas diferentes escalas de avaliação por escores. Foram gerados cinco conjuntos de dados para cada combinação de valor de herdabilidade e magnitude dos efeitos ambientais, sendo os escores em todas as diferentes escalas de avaliação gerados para cada repetição. Estes arquivos foram posteriormente concatenados e renumerados de forma a se obter, em média, 90.000 dados fenotípicos e 105.200 animais no arquivo de pedigree. Estes arquivos foram utilizados para a estimativa dos componentes de (co)variância, de acordo com cada escala de avaliação e metodologia de análise, o que resultou em 48 análises de estimativas de componentes de variância.

2. Cenários quanto à escala de avaliação

A característica simulada apresenta seis categorias de resposta, tendo diferentes formas de avaliação, conforme descrito a seguir.

2.1. Escala relativa uniforme

Os escores foram atribuídos em relação ao grupo de contemporâneos, de forma que os dados na escala observada apresentaram freqüências iguais em todas as classes de 1 a 6 (em torno de 16,6%) para cada grupo. Para gerar estes dados, foram utilizados pontos de truncamento padronizados ($t_1 = -0,9674$; $t_2 = -0,4307$; $t_3 = 0$; $t_4 = 0,4307$; $t_5 = 0,9674$) que, multiplicados pelo desvio-padrão dos valores fenotípicos na escala subjacente (σ_y), dentro dos grupos de contemporâneos, e adicionados à média dos valores fenotípicos do grupo de contemporâneos, produziram os limiares que foram utilizados na transformação do fenótipo na escala subjacente no fenótipo observado na escala categórica, resultando em uma distribuição de freqüência das observações correspondente a, aproximadamente, 16,6% em cada classe de resposta.

2.2. Escala relativa normal

Os dados na escala observada apresentam freqüências semelhantes a uma distribuição normal, com concentração nas classes intermediárias, dentro de cada grupo de contemporâneos, ou seja, os escores 1 e 6 apresentaram freqüências de 10% cada, os escores 2 e 5 com freqüências de 15% cada e os escores 3 e 4 apresentaram freqüências de 25% cada, semelhante à orientação do Programa Embrapa de Melhoramento de Gado de Corte - Geneplus. Para gerar estes dados, foi utilizado o mesmo procedimento anterior, mas com os pontos de truncamento padronizados ($t_1 = -1,2816$; $t_2 = -0,6745$; $t_3 = 0$; $t_4 = 0,6745$; $t_5 = 1,2816$), de forma a se obterem as freqüências desejadas.

2.3. Escala relativa assimétrica

Os escores foram atribuídos dentro do grupo de contemporâneos, mas a freqüência de animais em cada escore está deslocada para a direita, representando tendência dos avaliadores em concentrar os escores nas notas mais altas. Foram utilizados os valores de freqüência que se tem para a conformação frigorífica no programa de melhoramento da raça Canchim, ou seja, cerca de 2% para o escore 1, 5% para o escore 2, 13% para o escore 3, 28% para o escore 4, 33% para o escore 5 e 19% para o escore 6. Para gerar estes dados, foi utilizado o mesmo procedimento anterior, mas com os pontos de truncamento padronizados ($t_1 = -2,0537$; $t_2 = -1,4758$; $t_3 = -0,8416$; $t_4 = -0,0502$; $t_5 = 0,8779$), de forma a se obterem as freqüências desejadas.

2.4. Escala fixa

Nesta escala os escores foram atribuídos de forma absoluta independente do nível de expressão do fenótipo no grupo de contemporâneos e os referenciais para atribuição dos escores foram definidos de forma a se terem médias de freqüências na população semelhantes a uma distribuição normal, ou seja, escores próximos à média têm freqüência mais alta. Sendo assim, os escores 1 e 6 apresentam freqüências de 10% cada, os escores 2 e 5 tem freqüências de 15% cada e os escores 3 e 4

apresentam frequências de 25% cada. Em cada grupo de contemporâneos os mesmos limiares foram aplicados aos fenótipos na escala subjacente, de forma a se obterem os escores na escala observada. Sendo assim, as frequências reais de cada classe variaram dependendo do nível do efeito ambiental daquele grupo (grupos com efeito ambiental maior apresentaram frequências mais altas de escores elevados). Para a obtenção desses limiares, foram utilizados pontos de truncamento padronizados ($t_1 = -1,2816$; $t_2 = -0,6745$; $t_3 = 0$; $t_4 = 0,6745$; $t_5 = 1,2816$) que foram multiplicados pelo desvio-padrão de todos os valores fenotípicos na escala subjacente gerados (σ_y), ignorando a identificação de grupos de contemporâneos, e adicionados à média geral dos valores fenotípicos na escala subjacente.

3. Metodologias de análise

3.1. Modelo linear

Os componentes de (co)variância foram estimados por inferência bayesiana, pela média a *posteriori* dos componentes de variância. Para obter tais médias, foi utilizado um método de simulação de Monte Carlo baseado em cadeias de Markov, o amostrador de Gibbs (*Gibbs sampler*). O modelo estatístico adotado, representado na forma matricial, foi:

$$y = X\beta + Za + Wm + Qc + e$$

em que, y = vetor das variáveis dependentes; b = vetor de efeitos de grupos de contemporâneos e idade da vaca considerados fixos; a = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos; m = vetor de efeitos genéticos aditivos maternos; c = vetor de efeitos de ambiente permanente materno; e = vetor de erros aleatórios residuais associados às observações; e X, Z, W, Q são as respectivas matrizes de incidência para cada efeito, sendo que $\begin{bmatrix} a \\ m \end{bmatrix} \sim MVN\left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{am} \\ \sigma_{am} & \sigma_m^2 \end{bmatrix} \otimes A\right)$, $c \sim MVN(0, I_v, \sigma_c^2)$ e $e \sim MVN(0, I_a, \sigma_e^2)$, em que A é a matriz de parentesco entre os animais, I_v e I_a são matrizes identidade com dimensões iguais ao número de vacas mães de animais com dados e de animais com dados, respectivamente.

Foram utilizadas informações à priori não informativas dos componentes de covariância. O tamanho de cadeia utilizado foi de 1.100.000 iterações, sendo que as primeiras 100.000 iterações foram descartadas como aquecimento da cadeia (burn-in) e as amostras foram retiradas a cada 200 iterações. Esta configuração de tamanho de cadeia, burn-in e intervalo de amostragem, assim como o modelo estatístico anteriormente descrito, foram aplicados para todos os cenários propostos.

3.2. Modelo de limiar (*threshold model*)

Os componentes de (co)variância foram estimados por inferência Bayesiana, utilizando o mesmo modelo estatístico apresentado para o modelo linear, mas com a metodologia de limiar.

Nesta metodologia, existe mais um nível na especificação do modelo, no qual os valores fenotípicos na escala subjacente contínua (y) são relacionados aos valores fenotípicos na escala discreta observada (Y) da seguinte forma:

$$Y = \begin{cases} 1 & \text{se } y < t_1 \\ 2 & \text{se } y \geq t_1 \text{ e } y < t_2 \\ 3 & \text{se } y \geq t_2 \text{ e } y < t_3 \\ 4 & \text{se } y \geq t_3 \text{ e } y < t_4 \\ 5 & \text{se } y \geq t_4 \text{ e } y < t_5 \\ 6 & \text{se } y \geq t_5 \end{cases}$$

em que t_1 a t_5 são os pontos de truncamento que separam as classes. Outra diferença é que no modelo de limiar foram necessárias duas restrições adicionais, por questão de estimabilidade, que foram $t_1 = 0$ e $\sigma_e^2 = 1$.

3.3. Modelo linear com escala transformada

Nesta modelo, os dados de escore foram substituídos pelo valor da média de uma distribuição normal padronizada, truncada de forma a obter classes com a frequência observada dentro de grupo de contemporâneos, para cada uma das classes. Para tanto, foram obtidos para cada classe, em cada grupo de contemporâneos, os

pontos de truncamento inferior e superior tal que $t_l = \{t|P[Z < t_l] = I\}$ e $t_s = \{t|P[Z > t_s] = S\}$, em que I e S correspondem às frequências observadas acumuladas nas classes abaixo e acima da classe considerada, respectivamente. As médias esperadas da distribuição normal padronizada acima dos pontos de truncamento da classe de interesse foram calculadas pelas equações $\bar{X}_I = \frac{f(t_l)}{1-I}$ e $\bar{X}_S = \frac{f(t_s)}{S}$, ou seja, a correção dos dados foi feita por $Y_c = \frac{f(t_l) - f(t_s)}{1 - S - I}$ em que o novo valor fenotípico corresponde a $Y_c = E[Z|t_l < Z < t_s]$.

Tal procedimento foi efetuado para cada grupo de contemporâneos e para cada classe até que todos os valores fenotípicos tenham sido substituídos pelo respectivo valor na escala transformada.