



47ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

Salvador, BA – UFBA, 27 a 30 de julho de 2010

*Empreendedorismo e Progresso Científicos na Zootecnia
Brasileira de Vanguarda*



Impacto das escalas de avaliação de escores visuais na estimativa do valor genético¹

Fabiana Barichello², Maurício Mello de Alencar³, Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior³, Luiz Otávio Campos da Silva⁴

¹Parte da tese de doutorado do primeiro autor.

²Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal – FCAV/Unesp Jaboticabal. Bolsista FAPESP e CAPES. e-mail: fabiana_barichello@yahoo.com.br

³Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste. Bolsista do CNPq. e-mail: mauricio@cnpse.embrapa.br

⁴Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. e-mail: torres@cnpqc.embrapa.br, locs@cnpqc.embrapa.br

Resumo: Os sistemas de avaliação por escores visuais podem variar em termos de número de classes de resposta, referencial de avaliação, e a dispersão dos dados dentro de cada classe de resposta. O objetivo neste estudo foi avaliar o impacto de diferentes formas de distribuição dos escores quando estes são avaliados de forma relativa ao grupo de contemporâneos por meio de simulação de dados. Foram simulados rebanhos com 40 touros e 1.200 fêmeas, acasalados aleatoriamente, acompanhados 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 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 dez repetições de cada distribuição, os valores genéticos foram estimados pelo GIBBS2F90 e THRGIBBS1F90, e foi obtida a correlação de Pearson entre os valores genéticos estimados e os verdadeiros dentro de cada categoria animal (touro, vaca e produto), para cada repetição e distribuição. As estimativas de correlações entre os valores genéticos verdadeiros e estimados quando os dados apresentaram distribuição normal foram ligeiramente superiores às demais distribuições consideradas, para todas as categorias.

Palavras-chave: bovino de corte, modelo de limiar, modelo linear, simulação

Impact of evaluation scales of visual scores on estimates of breeding value

Abstract: The systems used to evaluate animals by means of visual scores vary in terms of the number of classes, the referential from which the scores are given, and the dispersion of observations in each score class. The objective of this study was to evaluate the effect of the score dispersion when it was evaluated based on the contemporary group by means of a simulation study. Herds with 40 sires and 1,200 dams, mated at random, were simulated for 20 years. Direct and maternal breeding values, maternal permanent environmental, contemporary group, and age of dam effects were generated and combined with an independent error term to form the phenotype in the underlying scale. The visual scores were generated, as a function of contemporary group, according to normal, asymmetric and uniform relative distributions. The breeding values were estimated using GIBBS2F90 and THRBIGGS1F90 programs, and the Pearson's correlations between true and estimated values were obtained for all animal classes (sires, dams and offspring) for each repetition and distribution. The correlations between true and estimated breeding values obtained with normal score distribution were slightly better than the other distributions for all categories.

Keywords: beef cattle, linear model, simulation, threshold model

Introdução

Nos últimos anos, os programas de melhoramento genético no Brasil passaram a avaliar um grande número de características por meio de escores visuais, tais como musculosidade, precocidade, conformação, condição corporal, entre outras. Estes escores são atribuídos de forma subjetiva por técnicos treinados para esse tipo de avaliação. Os sistemas de avaliação podem variar em termos de número de classes de resposta, referencial de avaliação para a atribuição dos escores e a dispersão dos dados entre as classes de resposta.

O objetivo neste estudo foi avaliar o impacto de diferentes formas de avaliação de escores visuais, quando analisados por modelos lineares ou de limiar, na estimativa dos valores genéticos dos animais, por meio de um estudo de simulação.



47ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

Salvador, BA – UFBA, 27 a 30 de julho de 2010

Empreendedorismo e Progresso Científicos na Zootecnia
Brasileira de Vanguarda



Material e Métodos

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), acasalados aleatoriamente. A simulação contemplou 20 anos de acompanhamento do rebanho. 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 de sua mãe ao parto, que juntamente com os demais efeitos e um erro aleatório independente formaram o valor fenotípico do animal na escala subjacente. Os valores para a simulação foram: herdabilidade aditiva direta (h^2 : 0,25 e 0,49), herdabilidade materna (0,09), efeito de ambiente permanente materno (0,09), correlação dos efeitos aditivos direto e materno (-0,20), e variância de grupo de contemporâneos (σ^2_{GC} : 0,25 e 1,00).

Os dados na escala observada foram gerados de forma a se obterem três diferentes distribuições (Y) dos dados relativas ao grupo de contemporâneos: distribuição uniforme (Y_1) com frequência de dados similar para todas as classes; distribuição normal (Y_2) com maiores frequências nas classes centrais e menores nas extremas; e distribuição assimétrica (Y_3), em que há tendência para maiores frequências de notas favoráveis. Para cada distribuição foram geradas dez repetições.

Os dados foram analisados sob modelo animal com três distintas metodologias (M): modelo linear (LN), modelo de limiar (TH), e modelo linear com dados transformados (TR), onde os escores foram substituídos pela média de uma distribuição normal padrão com limiares pré-definidos.

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 componentes de (co)variância foram previamente estimados. Para as análises foram computadas cadeias de 1.100.000 ciclos com descarte (*burn-in*) amostral dos 100.000 ciclos e a retirada amostral a cada 200 ciclos. A convergência e as médias a posteriori foram calculadas com a ajuda do POSTGIBBSF90. Uma vez obtidos os valores genéticos estimados, foi calculada para cada repetição a correlação de Pearson entre os valores genéticos estimados e os verdadeiros, dentro de cada categoria animal (touro, vaca e produto).

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 são apresentados os resultados das análises de variância. Observa-se efeito significativo de distribuição dos dados (Y) e da interação entre h^2 e σ^2_{GC} . Para vacas, herdabilidade direta (h^2), interação de $h^2 \times \sigma^2_{GC}$, e interação de $h^2 \times Y$ apresentaram efeitos significativos. Para a categoria produtos, os efeitos significativos encontrados foram h^2 , a interação de $h^2 \times \sigma^2_{GC}$, e da distribuição dos dados (Y).

A média geral da correlação entre os valores genéticos verdadeiros e os estimados para touros foi de 0,91. Quando a distribuição dos dados foi próxima de uma distribuição normal (Y_2), a média encontrada foi de 0,92; não sendo diferente de Y_1 (0,91), mas diferente de Y_3 (0,91), Y_1 e Y_3 não divergiram entre si. Abdel-Azim & Berger (1999) relataram que a acurácia das estimativas tendem a diminuir à medida em que as distribuições se afastam de uma distribuição normal. Este decréscimo na acurácia das estimativas com distribuições mais extremas estaria associado, segundo os autores, com a diminuição na variância genética aditiva estimada sob estas condições. O efeito da interação h^2 e σ^2_{GC} foi evidenciado pela menor correlação (0,88) quando $h^2=0,25$ e $\sigma^2_{GC}=1,00$; evidenciando a importância da variação entre grupos contemporâneos, causando perda de informação pelo agrupamento dos animais nas classes de um lado da escala, sobre uma característica de mais baixa herdabilidade, quando $h^2 = 0,49$; a σ^2_{GC} não influenciou a correlação (0,94) entre os valores estimado e verdadeiro. Segundo Abdel-Azim & Berger (1999), a acurácia das estimativas aumenta juntamente com o incremento da herdabilidade na escala subjacente das características.

A correlação média estimada para a categoria vacas foi de 0,61. A correlação entre os valores genéticos verdadeiro e estimado para vacas foi influenciada pela interação h^2 e σ^2_{GC} . Para $h^2 = 0,49$; as correlações encontradas foram de 0,67 e 0,66 para $\sigma^2_{GC}=0,25$ e 1,00; respectivamente, não sendo essas diferenças significativas. No entanto, quando $h^2 = 0,25$; as correlações encontradas foram de 0,56 e 0,55 para $\sigma^2_{GC}=0,25$ e 1,00; respectivamente, sendo essas diferenças significativas.



Tabela 1. Resumo das análises de variância da correlação entre o valor genético verdadeiro e o estimado para touro, vaca e produto.

Fontes de variação ¹	Graus de Liberdade	Quadrado Médio		
		Touro	Vaca	Produto
h^2	1	$2,26 \times 10^{-1}$	$1,20^*$	$1,23^*$
σ^2_{GC}	1	$5,76 \times 10^{-4}$	$4,19 \times 10^{-3}$	$7,77 \times 10^{-4}$
$h^2 \times \sigma^2_{GC}$ (erro)	1	$2,09 \times 10^{-3**}$	$3,59 \times 10^{-4**}$	$8,06 \times 10^{-4**}$
Y	2	$4,30 \times 10^{-4*}$	$1,40 \times 10^{-3**}$	$1,39 \times 10^{-3**}$
$h^2 \times Y$	2	$2,42 \times 10^{-5}$	$4,41 \times 10^{-5*}$	$8,98 \times 10^{-5}$
$\sigma^2_{GC} \times Y$	2	$4,05 \times 10^{-5}$	$3,08 \times 10^{-5}$	$3,62 \times 10^{-6}$
$h^2 \times \sigma^2_{GC} \times Y$ (erro)	2	$1,35 \times 10^{-5}$	$2,55 \times 10^{-6}$	$6,33 \times 10^{-6}$
M	2	$8,93 \times 10^{-5}$	$1,08 \times 10^{-4}$	$1,89 \times 10^{-4}$
Y x M	4	$1,56 \times 10^{-5}$	$1,52 \times 10^{-5}$	$3,18 \times 10^{-5}$
$h^2 \times M$	3	$3,37 \times 10^{-6}$	$8,77 \times 10^{-6}$	$3,68 \times 10^{-5}$
$\sigma^2_{GC} \times M$	3	$1,14 \times 10^{-6}$	$5,62 \times 10^{-6}$	$3,11 \times 10^{-6}$
$h^2 \times Y \times M$	4	$1,33 \times 10^{-6}$	$4,23 \times 10^{-6}$	$9,05 \times 10^{-6}$
$\sigma^2_{GC} \times Y \times M$ (erro)	4	$3,05 \times 10^{-6}$	$6,10 \times 10^{-7}$	$4,08 \times 10^{-6}$

** p < 0,01; * p < 0,05

¹ h^2 , σ^2_{GC} , Y, M: herdabilidade aditiva, variância de grupo de contemporâneo, distribuição dos dados e metodologia de análise, respectivamente.

Apesar do efeito significativo da interação $h^2 \times Y$ sobre a correlação dos valores genéticos verdadeiro e estimado para vacas, esta não se manteve quando do desdobramento da interação, sendo as correlações próximas de 0,67 e 0,55 para valores de herdabilidade alto e baixo, respectivamente, não sendo detectado diferenças entre as distribuições estudadas.

Para os produtos, a correlação média geral foi de 0,69. Apesar dos resultados significativos de Y e $h^2 \times \sigma^2_{GC}$ obtidos pela análise de variância estes, quando desdobrados, não apresentaram o mesmo comportamento. As correlações médias para Y_1 (0,69), Y_2 (0,69) e Y_3 (0,68) foram similares, e as correlações encontradas, independente do valor de σ^2_{GC} foram de 0,75 e 0,63 para alta ou baixa h^2 , respectivamente.

Varona et al. (2009), estudando dados de painés sensoriais, encontraram resultados mostrando que cada técnico usa diferentes padrões para atribuir as notas, diferentes regiões das escalas, ou mesmo utiliza escalas com maior ou menor amplitude de valores. Estes resultados levaram os autores a propor um modelo assumindo que a característica na escala subjetiva, o limiar, é uma característica quantitativa que é transformada em escalas de avaliação específicas por cada técnico encarregado de atribuir os escores, ou seja, o limiar de cada técnico poderia ser utilizado como uma característica diferente, o que permitiria a obtenção de componentes de variância específicos pela utilização de um modelo animal multivariado.

Conclusões

Os escores avaliados de forma relativa que apresentam distribuições próximas de uma distribuição normal apresentaram correlações ligeiramente superiores às demais distribuições estudadas, sendo esta a melhor orientação a ser dada e seguida pelos técnicos. Entretanto, as pequenas diferenças observadas entre as escalas de medida, demonstram uma robustez do sistema de avaliação por escores, independente do sistema de distribuição da frequência nas diferentes classes.

Literatura citada

- ABDEL-AZIM, G.A. & BERGER, P.J. Properties of threshold model predictions. **Journal of Animal Science**, v. 77, p.582-590. 1999.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. **BLUPF90 programs**, Proc. 7th WCGALP. CD-ROM – No. 28-07, 2002.
- 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.