UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

DIEGO DE CÓRDOVA CUCCO

Estudo genético quantitativo e molecular de características de
crescimento e carcaça em bovinos da raça Nelore usando
inferência bayesiana

Pirassununga

2010

DIEGO DE CÓRDOVA CUCCO

Estudo genético quantitativo e molecular de características de crescimento e carcaça em bovinos da raça Nelore usando inferência bayesiana

Tese apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do Título de Doutor em Zootecnia.

Área de Concentração:

Qualidade e Produtividade Animal.

Orientador: **Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz** (Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Brasil)

Co-orientador: **Prof. Dr. Luis Varona** (Universidad de Zaragoza, Espanha)

Pirassununga

2010

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação

Serviço de Biblioteca e Informação da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos
da Universidade de São Paulo

Cucco, Diego de Córdova

C963e Estudo genético quantitativo e molecular de
características de crescimento e carcaça em bovinos da
raça Nelore usando inferência bayesiana / Diego de
Córdova Cucco. -- Pirassununga, 2010.

109 f.

Tese (Doutorado) -- Faculdade de Zootecnia e
Engenharia de Alimentos - Universidade de São Paulo.
Departamento de Ciências Básicas.

Área de Concentração: Qualidade e Produtividade
Animal.

Orientador: Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz.

1. Correlação 2. Herdabilidade 3. Imputação de
genótipos 4. Modelos de limiar 5. Desenvolvimento
ponderal 6. Seleção assistida por marcadores 7. SNP
8. Ultrassom. I. Título.

Apresentação

Diego de Córdova Cucco, nascido em 19 de março de 1982, na cidade de Lages, SC, filho de Marcos Antônio Cucco e Sahêdi Aparecida Cucco conviveu, desde jovem com atividades relacionadas ao campo, despertando assim seu interesse por uma formação profissional nesta área. Iniciou a graduação em Medicina Veterinária em março de 2000 na Universidade do Estado de Santa Catarina – UDESC/CAV, obtendo o título de Médico Veterinário em junho de 2005. Ao longo da graduação seu interessante foi cada vez maior por disciplinas relacionadas à produção e reprodução de espécies zootécnicas. Participou de trabalhos na área de reprodução e melhoramento genético animal, sendo bolsista de iniciação científica na área de produção “in vitro” de embriões e bolsista de extensão rural na área de inseminação artificial. Realizou ao longo deste período diversos estágios em instituições públicas e privadas na área de reprodução e melhoramento genético. Em fevereiro de 2006 ingressou no mestrado em Zootecnia, área de concentração Qualidade e Produtividade Animal, na Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, localizada no, campus de Pirassununga, obtendo o título de mestre em janeiro de 2008. Durante este tempo, desenvolveu um extenso trabalho com a raça Pardo-Suíço Corte, a qual desde menino possui afinidade, experiência e objetivava estudar. Ingressou no doutorado na mesma instituição em fevereiro de 2008, participando ao longo da pós-graduação de diversos projetos em frigoríficos, fazendas e laboratórios, colaborou em várias disciplinas através do programa de aperfeiçoamento de ensino, lecionou no curso de Zootecnia do Centro de Educação Superior do Oeste da UDESC e realizou sanduíche na Universidade de Zaragoza – Espanha. Fruto da união das principais atividades realizadas ao longo do período de pós-graduação surgiu o projeto de doutorado, no qual desenvolveu um amplo trabalho na raça Nelore contemplando a genética quantitativa e molecular. Desta trajetória pessoal e profissional apresenta-se para a defesa da presente tese em 22 de novembro de 2010.

Dedico

Aos meus pais Marcos e Sahêdi por terem me proporcionado a base para que todas estas realizações sejam alcançadas.

A minha namorada Renata por sempre estar me incentivando e compartilhando dos meus sonhos e objetivos.

Agradecimentos

Ao Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz pela amizade, orientação e por sempre estar incentivando e abrindo portas;

Ao Prof. Dr. Luis Varona pela amizade, convívio durante o período de sanduíche e por sua grande colaboração na realização deste trabalho;

A Elisângela Chicaroni de Mattos pela amizade e dedicação nestes anos de pós-graduação, sempre estando disposta a ajudar;

A todos os amigos do GMAB e FZEA pelos anos de amizade e parceria;

A minha família por compreender minha ausência e acreditar em meus objetivos;

A CAPES pela bolsa de doutorado, ao SANTANDER pela bolsa de sanduíche na Espanha;

A USP / FZEA e UNIZAR por garantir a estrutura necessária para a condução deste trabalho;

A todos aqueles que contribuíram em minha formação, criticando ou e elogiando, meu sincero obrigado!!!

Epígrafe

No meio da dificuldade encontra-se a oportunidade.

Albert Einstein

RESUMO

CUCCO, D. C. Estudo genético quantitativo e molecular de características de desenvolvimento e carcaça em bovinos da raça Nelore usando inferência bayesiana. 109f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2010.

Estudos genético quantitativos e moleculares são fundamentais para o melhoramento animal e sua realização com a raça Nelore é de grande importância devido a ampla participação dessa no rebanho de corte nacional. A estimação constante dos parâmetros genéticos das características de produção é necessário para a adequada condução do processo de seleção dos animais. A melhoria de características relacionadas à carcaça bovina é essencial para a eficiência e sustentabilidade da atividade e a implementação de métodos de seleção animal baseados em informações moleculares pode revolucionar a produção zootécnica e deve ser profundamente estudado. Sendo assim, os objetivos do presente estudo foram estimar parâmetros genéticos e componentes de variância através de diferentes modelos matemáticos para um total de 14 características fenotípicas (o peso ao nascimento, peso a desmama, peso ao sobreano, ganho de peso entre a desmama e o sobreano ajustado para um intervalo de 345 dias, perímetro escrotal ao sobreano, altura de garupa ao sobreano, escores visuais avaliados ao sobreano de conformação, precocidade, musculosidade, comprimento de umbigo e ossatura, e ainda características de carcaça mensuradas por ultrassonografia realizada após 30 a 45 dias de confinamento como a área de olho de lombo, espessura de gordura subcutânea, espessura de gordura na picanha). Foram estimadas correlações entre todas estas características com as de carcaça mensuradas por ultrassonografia. Sob o enfoque molecular, desenvolveu-se um programa para imputação de genótipos faltantes e estudaram-se diferentes métodos de associação de marcadores moleculares do tipo mutação de base nitrogenada única (SNP) a características de produção incluídas no índice de seleção de um programa de melhoramento da raça Nelore, utilizando inferência bayesiana. Todas as características estudadas podem ser selecionadas esperando-se progresso genético na população. Os efeitos maternos foram importantes em algumas características onde normalmente estes efeitos não têm sido considerados atualmente. A quantidade de escores atribuídos a uma característica categórica assim como o número de observações fenotípicas resultam em diferenças nas estimativas quando avaliadas por modelos lineares ou de limiar. Não deverão ser obtidos resultados satisfatórios na melhoria das características de carcaça se a seleção for baseada nas tradicionais avaliações visuais utilizadas no momento. Os métodos utilizados na análise de associação dos marcadores podem originar diferentes resultados. Os marcadores que apresentaram efeitos altamente relevantes ($P < 0,01$) geralmente apresentaram resultados semelhantes, independentemente do método utilizado. Certos marcadores podem ter efeitos positivos para algumas características componentes do índice de seleção e negativos para as demais. A análise em conjunto com todos os SNP's e todos os dados fenotípicos disponíveis é viável e parece ser a mais adequada. O método desenvolvido de imputação de genótipos faltantes a partir do parentesco de animais genotipados foi eficiente.

Palavras-chave: correlação; herdabilidade; imputação de genótipos; modelos de limiar; desenvolvimento ponderal; seleção assistida por marcadores; SNP; ultrassom

ABSTRACT

CUCCO, D. C. **Quantitative and molecular study of growth and carcass traits in Nellore cattle using bayesian inference.** 2010. 109 p. PhD. Thesis - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2010.

Quantitative and molecular genetic studies are very important for animal breeding and studies with Nellore cattle have great importance due to the large participation of that breed in the Brazilian beef cattle industry (around 80% of the herd). The constant estimation of genetic parameters for traits linked to production is necessary for properly perform selection of animals. The improvement of carcass traits is essential for efficiency and profitability of the activity. The implementation of methods for animal selection based on molecular information could revolutionize animal production and should be deeply studied. Thus, the objectives of this study were to estimate genetic parameters and variance components using different mathematical models for a total of 14 traits, such as birth weight, weaning weight, yearling weight, post-weaning weight gain between weaning and yearling adjusted for 345 days, yearling scrotal circumference, yearling hip height, yearling visual scores like conformation, finishing, muscularity, bone structure and navel length. Ultrasound measurements for carcass traits performed at feedlot (30 to 45 days, at approximate age of 20 months) such as rib-eye area, fat thickness, rump fat thickness were, also, evaluated. Estimate correlations between all these traits with the carcass traits measured by ultrasound were estimated. As concerned to molecular study, an algorithm for imputation of missing genotypes was developed and different methods to analyze molecular marker (single nucleotide polymorphism – SNP) association with traits components of the selection index of a breeding program that is applied to the population studied, using bayesian inference, were used. Genetic progress will be expected for selection of all the traits studied. Maternal effects were important in some traits in which those effects are not usually considered. The amount of scores assigned to a categorical trait and the number of observations could result in different estimates when evaluated by linear or threshold models. The selection for visual scores traditionally used in that population will not improve carcass traits. The methods used to analyze the association of markers may lead to different results. The SNP's with association effects of high relevance ($P < 0.01$) generally express their effects regardless of the method used to analyze. Some markers may have positive effects for some traits of selection index, but negative for others. The joint analysis with all SNPs and with all available phenotypes is feasible and appears to be more appropriate. The algorithm developed for imputation of missing genotypes from pedigree information of genotyped animals was efficient.

Keywords: correlation; heritability; imputation of missing genotypes; marker assisted selection; SNP; threshold model; ultrasound

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Captura da imagem para mensuração de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS)	38
Figura 2 - Captura da imagem para mensuração de espessura de gordura na picanha (EGP) .	38
Figura 3 - Imagem capturada para mensuração de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS)	38
Figura 4 - Imagem capturada para a mensuração de espessura de gordura na picanha (EGP)	38
Figura 5 - Locais para a captura das imagens de área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura na picanha (EGP)	38
Figura 6 - Dispersão dos dados fenotípicos de área de olho de lombo para cada classe do escore de musculatura.....	77

LISTA DE TABELAS

Tabela 01 - Estatística descritiva das características estudadas	35
Tabela 02 - Descritiva do painel inicial de marcadores moleculares (SNP).	41
Tabela 03 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para peso ao nascimento (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 10.853).	52
Tabela 04 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para peso a desmama (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 14.301).....	53
Tabela 05 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para peso ao sobreano (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 11.158).....	54
Tabela 06 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para ganho de peso da desmama ao sobreano (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 11.095).	55
Tabela 07 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para altura de garupa (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 9.168).....	56
Tabela 08 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para perímetro escrotal (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 6.275).	57
Tabela 09 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para área de olho de lombo (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 5.527).	58
Tabela 10 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para espessura de gordura subcutânea (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 5.152).....	59
Tabela 11 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para espessura de gordura na picanha (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 3.797).....	60
Tabela 12 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para conformação (desvio-padrão entre parênteses) segundo modelo linear e de limiar (L) (N = 10.823).....	61
Tabela 13 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para precocidade (desvio-padrão entre parênteses) segundo modelo linear e de limiar (L) (N = 10.823).....	63
Tabela 14 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para musculosidade (desvio-padrão entre parênteses) segundo modelo linear e de limiar (L) (N = 10.823).....	64

Tabela 15 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para escore de umbigo (desvio-padrão entre parênteses) segundo modelo linear e de limiar (L) (N = 6.228).....	67
Tabela 16 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para ossatura (desvio-padrão entre parênteses) segundo modelo linear e de limiar (L) (N = 5.544).....	69
Tabela 17 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom.	71
Tabela 18 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom e as características de desenvolvimento como pesos e ganho de peso.	72
Tabela 19 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom e a altura e ossatura dos animais.	74
Tabela 20 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom e perímetro escrotal.	75
Tabela 21 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom e os escores visuais de C, P e M.	76
Tabela 22 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom e o escore visual para comprimento de umbigo.....	78
Tabela 23 - Descritiva do painel de marcadores moleculares (SNP) utilizado.	79
Tabela 24 - Resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o peso a desmama (PD) nos cinco métodos propostos.....	82
Tabela 25 - Resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB) nos cinco métodos propostos.....	85
Tabela 26 - Resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o escore de musculatura (M) nos cinco métodos propostos.	89
Tabela 27 - Resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o perímetro escrotal (PE) nos cinco métodos propostos.....	91
Tabela 28 - Percentual de variância genética (GEN) e fenotípica (FEN) explicada pelos marcadores relevantes pelo segundo método de análise.	98

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA	15
2.	HIPÓTESES	17
3.	OBJETIVOS	18
4.	REVISÃO DE LITERATURA	19
4.1	A pecuária de corte no Brasil	19
4.2.1	Características produtivas estudadas	21
4.2.2	Correlações entre as características de carcaça medidas por ultrassonografia e as demais características produtivas	27
4.3	Estudo genético molecular	30
4.3.1	Associação de marcadores moleculares a características produtivas	30
4.3.2	Imputação (Imputation)	31
5.	MATERIAL E MÉTODOS	33
5.1	Banco de dados fenotípicos	33
5.1.1	Características fenotípicas estudadas	34
5.1.3	Metodologia de coleta dos dados de desempenho ponderal e físico	35
5.1.3	Metodologia de coleta dos dados de escores visuais	36
5.1.4	Metodologia de coleta dos dados de carcaça por ultrassom	37
5.3	Análise genética	42
5.3.1	Estimação dos parâmetros genéticos	42
5.3.2	Herdabilidade Total	44
5.3.3	Análises de associação dos marcadores moleculares às características produtivas	45
6.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	51

6.1 Parâmetros genéticos e componentes de variância para as características produtivas	51
6.1.1 Peso ao nascimento (PN)	52
6.1.2 Peso ao desmame (PD)	53
6.1.3 Peso ao sobreano (PSOB)	54
6.1.4 Ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB)	55
6.1.5 Altura de garupa (ALT)	56
6.1.6 Perímetro Escrotal (PE)	57
6.1.7 Área de olho de lombo (AOL)	58
6.1.8 Espessura de gordura subcutânea (EGS)	59
6.1.9 Espessura de gordura na picanha (EGP)	60
6.1.10 Conformação (C)	61
6.1.11 Precocidade (P)	62
6.1.12 Musculosidade (M)	64
6.1.13 Umbigo (UMB)	67
6.1.14 Ossatura (OSS)	68
6.1.15 Modelos matemáticos utilizados	70
6.2 Correlações genéticas e fenotípicas entre as características mensuradas por ultrassonografia e as demais características produtivas	71
6.2.1 Correlações entre as características mensuradas por ultrassom	71
6.2.2 Correlações entre as características mensuradas por ultrassonografia e características de desenvolvimento ponderal	72
6.2.3 Correlações entre as características mensuradas por ultrassonografia e características de estrutura corporal	73
6.2.4 Correlações entre as características mensuradas por ultrassonografia e perímetro escrotal	75
6.2.5 Correlações entre as características mensuradas por ultrassonografia e escores visuais de C, P e M	76

6.2.6 Correlações entre as características mensuradas por ultrassonografia e o escore visual de comprimento de umbigo	78
6.3 Estudo de associação dos marcadores moleculares às características produtivas	79
6.3.1 Associação dos marcadores com o peso a desmama (PD)	80
6.3.2 Associação dos marcadores com ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB).....	83
6.3.3 Associação dos marcadores com escore de musculosidade (M)	86
6.3.4 Associação dos marcadores com o perímetro escrotal (PE)	88
6.3.5 Relação dos marcadores com as características produtivas do índice de seleção	90
6.3.6 Diferentes métodos utilizados.....	94
7. CONCLUSÕES.....	100
REFERÊNCIAS.....	101

1. INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA

O estudo contínuo de características produtivas em rebanhos comerciais de bovinos de corte é necessário frente às exigências permanentes de produtividade e lucratividade. Estamos em um momento de transição onde a qualidade do produto associada ao baixo custo de produção são premissas básicas para a manutenção da atividade.

A avaliação do desempenho dos animais, geralmente é realizada através de pesagens, ganhos de peso, escores visuais e demais medidas que visam mensurar características que estejam relacionadas ao desenvolvimento dos animais. A partir da coleta desses dados necessitamos realizar estudos para conhecer os parâmetros genéticos (herdabilidade e correlações) dessas características, visando orientar programas de seleção para o melhoramento genético da população.

O objetivo final na pecuária de corte é a produção de carne, sendo necessário então mensurar e estudar características diretamente relacionadas a este produto. Para isso são necessários estudos relacionados à carcaça e qualidade de carne bovina.

A ferramenta tradicionalmente utilizada e aceita pela comunidade científica internacional que viabiliza estas medidas com os animais ainda vivos é a ultrassonografia. Este procedimento alia eficiência e praticidade permitindo reduzir o tempo necessário para a coleta dos dados relativos à carcaça. Sem o emprego dessa técnica esses dados só poderiam ser coletados após o abate do animal em um frigorífico, fato esse muito mais dispendioso e de difícil obtenção. As características medidas pela ultrassonografia mensuram basicamente a quantidade de carne e gordura presentes na carcaça do animal.

A área de olho de lombo (AOL) está diretamente relacionada com a quantidade de carne presente na carcaça, ou seja, está atrelada a remuneração do produtor no momento de venda do animal. A espessura de gordura subcutânea sobre o lombo (EGS) e sobre a picanha (EGP) quantificam a espessura de gordura que protege a carne durante o processo de resfriamento, possuindo assim um caráter qualitativo. Essa quantidade de gordura é também aferida por grande parte dos frigoríficos atualmente, os quais em alguns casos atribuem bonificações ou penalizações dependendo da quantidade de gordura presente na carcaça. Diante do exposto acima fica evidente a importância de trabalhos relacionados à carcaça bovina.

Dentre as ferramentas atualmente disponíveis para o melhoramento animal, tem-se a seleção assistida por marcadores moleculares – SAM, que permite selecionar animais através de seus genótipos. Para a validação desta técnica é necessária a genotipagem dos animais buscando a associação entre o seu conteúdo genético e as características produtivas. Ao verificar esta associação pode-se selecionar animais portadores do genótipo mais adequado aos objetivos de seleção e com isso aumentar a acurácia e eficiência do procedimento.

Tradicionalmente a análise de associação de marcadores moleculares para a SAM é realizada com número restrito de animais genotipados, que geralmente não são em grande quantidade e não considera a genealogia desses, pois é inviável economicamente e muitas vezes impossível genotipar todo o parentesco de determinado animal. Em função disto se perde muito da capacidade de prever se um marcador é ou não associado a uma característica.

Observando este fator limitante nas análises de associação de marcadores moleculares às características produtivas torna-se oportuno viabilizar um método que considere toda a genealogia dos animais genotipados e ainda permita utilizar todas as informações fenotípicas disponíveis, visando à maior capacidade preditiva que este procedimento pode proporcionar.

A união da genética quantitativa e molecular possivelmente trará grandes benefícios ao melhoramento animal. Para que os resultados obtidos em longo prazo sejam cada vez mais satisfatórios é necessário o aprimoramento dos conhecimentos e o estabelecimento de novos enfoques aos estudos. Isto proporcionará maiores ganhos genéticos ao passar das gerações, resultando em maiores retornos econômicos da atividade.

2. HIPÓTESES

1. As características de crescimento e carcaça avaliadas na população estudada são passíveis de seleção e os efeitos maternos e de ambiente permanente são importantes para sua expressão.
2. A avaliação de características categóricas por modelos lineares e de limiar originam diferentes estimativas.
3. É possível realizar seleção para características de carcaça por resposta correlacionada com as características de desempenho ponderal e escores visuais.
4. Diferentes métodos de análise de associação de marcadores podem originar resultados distintos.
5. Pode-se utilizar toda a informação de parentesco e fenotípica disponível em análises simultâneas de associação de marcadores moleculares.

3. OBJETIVOS

OBJETIVOS GERAIS:

- Estimar e estudar os parâmetros genéticos para características produtivas avaliadas em uma população da raça Nelore, dando ênfase para as correlações destas características com características de carcaça avaliadas por ultrassonografia.
- Conduzir uma análise de associação de marcadores moleculares com as características de produção constituintes do índice de seleção utilizado na população em estudo, sob diferentes enfoques estatísticos.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS:

- Estudar os componentes de variância e covariância de características ligadas ao crescimento (peso ao nascer, a desmama, ao sobreano, ganho de peso entre a desmama e o sobreano, altura ao sobreano e perímetro escrotal ao sobreano), características avaliadas por meio de escores visuais (conformação, precocidade, musculosidade, umbigo e ossatura todos avaliados ao sobreano), e ainda relacionadas à carcaça (área de olho de lombo, espessura de gordura subcutânea no lombo e na picanha mensuradas por ultrassom por volta dos 20 meses de idade), em bovinos de corte da raça Nelore utilizando diferentes modelos matemáticos na análise.
- Estimar as correlações genéticas e fenotípicas de todas as características retro-citadas com as características de carcaça mensuradas por ultrassonografia, visando orientar programas de seleção.
- Realizar uma análise de associação de marcadores moleculares com as características componentes do índice de seleção (peso a desmama, ganho de peso da desmama ao sobreano, musculatura e perímetro escrotal ao sobreano) visando estudar as diferenças encontradas conforme o modelo matemático utilizado na análise.

4. REVISÃO DE LITERATURA

4.1 A pecuária de corte no Brasil

O setor agropecuário do Brasil tem grande relevância econômica para o país, pois segundo o último censo agropecuário, cerca de 16,4 milhões de pessoas trabalham diretamente na atividade (IBGE, 2006). Ao considerar todo o complexo do agronegócio nacional um volume ainda maior de pessoas estão relacionadas com a atividade. Aproximadamente 30% do produto interno bruto (PIB) nacional é proveniente do agronegócio (CEPEA, 2008). Dentro deste contexto a pecuária de corte bovina desempenha papel fundamental, representando a maior fatia do agronegócio brasileiro, gerando faturamento de mais de \$ 50 bilhões/ano oferecendo cerca de 7,5 milhões de empregos. (PECUÁRIA, 2010).

A pecuária de corte ocupa aproximadamente 171 milhões de hectares de pastagens (IBGE, 2006) e um rebanho de 202 milhões de animais (IBGE, 2008). Grande parte deste rebanho é constituído de animais para corte, com grande predominância de zebuínos, sendo a raça Nelore a principal integrante, compondo cerca de 80% do rebanho nacional (O NELORE, 2010). Atualmente este representa o maior rebanho comercial do mundo, colaborando para posicionar o Brasil como maior exportador mundial de carne bovina (PRODUÇÃO, 2010), posto que foi conquistado ao longo da última década principalmente após os casos de encefalopatia espongiforme bovina (“doença da vaca louca”) em rebanhos ao redor do mundo.

A exportação brasileira de carne bovina representou uma participação de 27% do comércio internacional em 2009, exportando para mais de 170 países, um total de 1,9 milhões de toneladas equivalente carcaça, gerando uma receita de 4,1 bilhões de dólares (ABIEC, 2010). Este desempenho foi inferior ao registrado em 2008 devido à crise econômica mundial que afetou todo o comércio internacional neste período. A exportação de gado em pé vem aumentando nos últimos anos, principalmente no estado do Pará, tornando-se uma alternativa para os produtores regionais na comercialização de seus animais.

O Brasil é o segundo maior produtor mundial de carne bovina, ficando atrás dos Estados Unidos em volume produzido. Os dois países apresentam um alto consumo interno (PRODUÇÃO, 2010), estabilizado em 37,4 kg de carne bovina por pessoa ao ano no Brasil,

assim aproximadamente 79% da produção é direcionada ao mercado doméstico (ESTRUTURA, 2009). O volume de bovinos abatidos em 2009 aproximou-se de 44 milhões de cabeças (BALANÇO, 2009), deste montante estima-se que mais de 30% seja abatido clandestinamente com seus produtos direcionados ao mercado interno (FERRAZ; FELICIO, 2009). Esse volume de abate proporciona uma taxa de desfrute que está estabilizada, nos últimos cinco anos, em torno de 23% (BALANÇO, 2009), percentual considerado insatisfatório para uma pecuária produtiva.

O país conta com cerca de 750 abatedouros e plantas frigoríficas, algumas delas de grande porte, abatendo até 2.000 animais/dia (FERRAZ; FELICIO, 2009). Alguns destes grandes frigoríficos cresceram vertiginosamente nos últimos anos e adquiriram plantas no Brasil e no mundo com o apoio financeiro governamental, tornando-os grandes *players* no mercado mundial de carnes, no entanto, isto ocasiona certo monopólio de mercado que está levando a falência muitas empresas de pequeno e médio porte.

O sistema de criação predominante no país é baseado em pastagens cultivadas em grande parte das regiões tropicais, principalmente utilizando o gênero *Brachiaria spp* e *Panicum spp*, e na região Sul é comum a utilização da pastagem nativa (FERRAZ; FELICIO, 2009). Um pequeno percentual dos animais abatidos é proveniente de confinamentos (< 5%), onde os 50 maiores do país respondem pelo abate de cerca de 1,3 milhões de animais. Esses se localizam principalmente nos estados de São Paulo, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Minas Gerais. O período de permanência dos animais em confinamento é de cerca de 100 dias com ganho médio diário de 1,5 kg (PESQUISA, 2010).

Anualmente para suprir a demanda do mercado de reposição de reprodutores são necessários aproximadamente 450.000 touros jovens, sendo que menos de 5% destes possuem avaliação genética, necessitando assim mais programas de melhoramento genético (FERRAZ; FELICIO, 2009). No ano de 2009 cerca de 5,2 milhões de doses de sêmen foram comercializadas para uso na pecuária de corte (RELATÓRIO, 2009), evidenciando que apenas uma pequena parcela das vacas é inseminada, perdendo a oportunidade de serem acasaladas com touros de alto valor genético.

Mesmo com algumas restrições na questão de sanidade animal, principalmente relacionada à febre aftosa, e ainda barreiras protecionistas e econômicas os dados produtivos nacionais indicam que o Brasil seguirá avançando na produção de gado de corte mantendo-se na liderança mundial de exportações, alcançando novos mercados e produzindo a cada dia com maior qualidade e eficiência.

.4.2 Estudo genético quantitativo

Estudos genéticos quantitativos de características produtivas necessitam ser realizados, pois é fundamental para a adequada condução de programas de melhoramento que os parâmetros genéticos da população estejam estimados (ELER et al., 1995). Estes parâmetros são intrínsecos de cada população (KOOTS et al., 2004) e podem ser influenciados por processos de seleção, métodos e modelos de estimação.

A herdabilidade, conforme Falconer e Mackay (1996), constitui a expressão da variância total que é atribuída aos efeitos médios aditivos dos genes, ou seja, a variância genética aditiva. A magnitude dos coeficientes de herdabilidade estimados para as características permite avaliar a viabilidade de sua inclusão nos critérios de seleção.

Diferentes modelos matemáticos para a estimação de parâmetros genéticos devem ser estudados, incluindo efeitos genéticos diretos, maternos e de ambiente permanente, pois segundo Meyer (1992) quanto estes efeitos não são considerados a herdabilidade direta pode ser inflacionada, mascarando assim as verdadeiras estimativas.

4.2.1 Características produtivas estudadas

4.2.1.1 Desempenho ponderal

A seleção com base na avaliação genética de características de desempenho ponderal foi implantada no Brasil com grande eficiência conforme relata Pereira, Eler e Ferraz (2001) e segue em constante evolução até hoje. No entanto, a cada dia novas características são agregadas aos programas de melhoramento e necessitam ser estudadas para promover a constante evolução dos índices produtivos.

O peso ao nascimento (PN) é uma das primeiras características de desenvolvimento ponderal que podem ser mensuradas, sendo de fundamental importância, pois pode estar altamente correlacionada com a dificuldade de parto (VARONA et al., 1999). Os efeitos maternos nesta característica são importantes e devem ser estimados, assim como sua

estimação pode ser realizada nas demais características (ALBUQUERQUE e MEYER, 2001), visando conhecer a influência materna.

Uma mensuração tradicionalmente realizada é o peso no momento da desmama (PD) dos animais. Nesta característica estão acumulados os efeitos maternos. A partir deste momento cessa a influência direta da vaca no desempenho do bezerro (CUCCO et al., 2009), porém, em alguns casos os efeitos maternos podem perdurar até idades superiores (CUCCO et al., 2010). O peso ao sobreano (PSOB) geralmente é uma das últimas mensurações de desempenho ponderal realizada, visto que após esta idade muitos animais são comercializados. Os pesos em várias idades apresentam altas correlações genéticas, as quais são reportadas por diversos trabalhos com raças zebuínas conforme descrito por Ferraz Filho et al (2002).

O ganho de peso entre a desmama e o sobreano (GPSOB) é uma das alternativas utilizadas para analisar a eficiência do crescimento animal, pois em bovinocultura de corte é desejável que seja o mais rápido possível. Animais com maior capacidade de crescimento precisam de menor período de tempo para atingir a idade de abate (SARMENTO et al., 2003).

4.2.1.2 Altura (ALT)

A altura de garupa é de fácil mensuração e pouco susceptível às variações de meio ambiente (YOKOO et al., 2007; PEREIRA et al., 2010). Possui correlações genéticas desfavoráveis com características reprodutivas (VARGAS et al., 1998; SHIOTSUKI et al., 2009) e portanto deve ser controlada. Para a raça Nelore no Brasil é reportada herdabilidade alta magnitude 0,62 (PEREIRA et al., 2010) e 0,63 (YOKOO et al., 2007) e de moderada magnitude 0,30 (SHIOTSUKI et al., 2009; SILVA et al., 2003a). Em animais da raça Brahman também foi observada herdabilidade entre 0,65 e 0,87 (RILEY et al., 2002, VARGAS et al., 1998, 2000).

4.2.1.3 Perímetro escrotal (PE)

O perímetro escrotal é de fácil mensuração e uma das poucas características reprodutivas comumente encontrada nos índices de seleção de programas de melhoramento. Apresenta correlações favoráveis com outras características reprodutivas medidas nas fêmeas (PEREIRA et al., 2000, 2002; VARGAS et al., 1998) e possui uma alta herdabilidade (DIAS et al., 2003; ELER et al., 1996; YOKOO et al., 2010).

4.2.1.4 Escores visuais

A avaliação por escores visuais implementada na pecuária de corte nacional foi baseada no sistema de avaliação Ankony (LONG, 1973). Este sistema sofreu adaptações para a utilização em rebanhos de corte no Rio Grande do Sul (FRIES, 1974). Sua implementação coincidiu com o início do Programa de Melhoramento Genético de Bovinos de Carne – PROMEBO (FRIES, 1996). O Sistema de Avaliação Ankony foi proposto por Long (1973) como uma alternativa à seleção exclusiva pelo peso ou ganho de peso, visto que estas características não seriam suficientes para a avaliação do rendimento e da qualidade da carcaça do animal após o abate.

Os escores visuais são métodos subjetivos e sua eficiência é questionada (MAY et al., 2000). Porém alguns autores citam como vantagem o seu baixo custo e facilidade de aplicação a campo (FARIA et al., 2009; YOKOO et al., 2009). Os sistemas de avaliação visual têm sido amplamente difundidos por intermédio dos programas de melhoramento no Brasil, sem terem, no entanto, o devido embasamento científico (CARDOSO et al., 2004).

Atualmente diversas raças possuem grandes bancos de dados contendo escores visuais para características de carcaça e diversos trabalhos foram publicados nos últimos anos no país sobre estes escores, principalmente relacionados à estimação de parâmetros genéticos e correlações com demais características produtivas.

Os escores visuais comumente encontrados em programas de melhoramento de bovinos de corte são utilizados para a avaliação de características de carcaça. Geralmente é avaliada a conformação (C), precocidade de acabamento (P) e musculosidade (M).

O umbigo (UMB) também denominado prepúcio ou bainha pode ser avaliado visualmente quanto ao seu comprimento e forma. O tamanho e a forma são de grande importância, especialmente em países em que a grande maioria dos animais é criada em

regime de pasto (KOURY FILHO et al., 2003). Nos machos, umbigos (prepúcios) grandes e/ou pendulosos são mais susceptíveis a traumas e outras patologias reprodutivas, muitas vezes irreversíveis ou extremamente complicadas em termos de manejo curativo. Isso pode ocasionar a perda de toda uma estação de monta e em alguns casos a perda do reprodutor. Para esta característica, o escore visual para o comprimento de umbigo talvez seja o único método prático e viável de ser aplicado.

As medidas relacionadas ao esqueleto do animal, assim como o escore de ossatura (OSS) , são bons preditores do peso adulto conforme descrito por Meyer et al. (1995), e podem ter correlações com outras características produtivas. Os relatos na literatura sobre parâmetros genéticos para ossatura são escassos (CUCCO et al., 2010), portanto são necessários maiores estudos para a estimação dos parâmetros genéticos dessa característica.

4.2.1.5 Características de carcaça mensuradas por ultrassonografia

Os primeiros relatos de utilização de ultrassonografia (US) para a predição de características de carcaças em espécies animais ocorreram por volta de 1950-1960. Temple¹ (1956, apud HAZEL; KLEINE, 1959) realizou um dos primeiros estudos que se tem relato sobre a utilização de técnicas de refletância ultrassônica para mensuração de gordura em bovinos, e sugeriu que a técnica era promissora. Posteriormente iniciaram os estudos para a mensuração da profundidade e área de olho de lombo em suínos (PRICE et al., 1960) e depois em bovinos (STOUFFER et al., 1961).

Com o início da utilização dessa técnica alguns autores relataram a alta acurácia da predição da composição da carcaça utilizando este aparelho (DAVIS et al., 1964), entretanto outros autores não observaram essa eficácia nos estudos por eles realizados (BAILEY et al., 1986; MILLER et al., 1986).

A partir destes resultados controversos McLaren et al. (1991) sugeriram que a correlação entre medidas na carcaça e ultrassonografia eram inferiores para bovinos e ovinos e superiores em suínos. Estes mesmos autores afirmaram que haveria um forte efeito associado ao técnico que realiza a ultrassonografia, o que poderia levar a estes resultados divergentes. Posteriormente isso foi comprovado por diversos outros autores que, além deste efeito do técnico, relataram outras causas que originavam variações como o equipamento

¹ Temple, Robert S., 1956. Estimation of fat thickness in cattle. Unpublished M.S.Thesis. Colorado State University Library, Fort Collins.

utilizado, espessura da gordura, comprimento do pelo, peso do animal e o conhecimento de anatomia. Todos estes efeitos poderiam originar os diferentes resultados observados (HERRING et al., 1994, PERKINS et al., 1992a, ROBINSON et al., 1992, WALDNER et al., 1992).

Os primeiros equipamentos utilizados não permitiam uma alta acurácia, posteriormente foram substituídos por equipamentos mais modernos chegando aos atuais aparelhos em tempo real que permitiram obter um avanço enorme na precisão da predição de características de carcaça *in vivo* (WALDNER et al. 1992). Na década de 1990 a criação de transdutores longos especificamente para mensuração de carcaça colaborou muito para isso (BRETHOUR, 2000).

Com a evolução da técnica e treinamento adequado de pessoal a ultrassonografia conquistou seu espaço e atualmente é considerada a melhor maneira de coletar dados referentes à carcaça com os animais ainda vivos. A eficiência para este propósito tem sido confirmada em muitos trabalhos, os quais avaliaram a correlação entre as medidas realizadas por US e diretamente na carcaça “*post mortem*”, sendo que a maioria revelou altas correlações (BRETHOUR 1992; HERRING et al., 1994; MOSER et al., 1998; REVERTER et al., 2000; DEVITT; WILTON, 2001; CREWS et al., 2003; GREINER et al., 2003). Relatos na literatura citam que a utilização do US proporciona uma forma rápida de coleta de dados, não invasiva, de fácil aplicação, confiável, acurada e de baixo custo se comparada à coleta de dados após o abate (CREWS et al., 2002; GREINER et al., 2003; HERRING et al., 1994; PERKINS et al., 1992b).

A aplicabilidade da US em programas de seleção está embasada em diversos artigos científicos nos quais é possível observar que os coeficientes de herdabilidade estimados permitem que a seleção dos animais para estas características promova excelentes resultados (BERTRAND, 2009). Isto pode ser constatado na revisão realizada por Bertrand et al. (2001) e Utrera e Van Vleck (2004).

No Brasil a utilização da ultrassonografia iniciou-se em 1991 na Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro – UFRRJ. No ano seguinte começaram os trabalhos com a raça Nelore conforme descrito por Tarouco (2004). Estudos no país comprovaram a alta correlação entre as medidas realizadas *in vivo* por US e diretamente na carcaça, na raça Nelore (SILVA et al., 2003) e em outras raças (SILVA et al., 2004; TAROUCO et al., 2005, 2007) e também em outras espécies como em búfalos (ANDRIGHETTO et al., 2009) e ovinos (PINHEIRO et al., 2010).

Um dos primeiros trabalhos de estimação de parâmetros genéticos para características de carcaça na pecuária nacional e realizado com a raça Nelore foi desenvolvido por Figueiredo (2001) no qual estimou herdabilidade e correlações entre as características de carcaça medidas por US e características produtivas.

Recentemente alguns trabalhos foram publicados sobre parâmetros genéticos de características de carcaça medidas por US e suas associações com outras características (YOKOO et al., 2008, 2009, 2010; FARIA et al., 2009). Entretanto estes autores utilizaram bancos de dados contendo informações de animais registrados da raça Nelore, os quais em muitos casos são criados em condições ambientais privilegiadas, sendo muito diferentes da imensa maioria dos animais criados extensivamente nas condições brasileiras. O biótipo dos animais estudados por estes autores é distinto dos utilizados no presente estudo, no qual a finalidade produtiva dos animais é um bom desempenho a pasto. Na raça Nelore criada nas reais condições produtivas brasileiras, ou seja, exclusivamente a pasto os estudos relacionados as características de carcaça mensuradas por US são escassos.

O número de dados para características de carcaça na maioria das raças é pequeno quando comparado com as demais características conforme Bertrand (2009) que atribui esta constatação aos custos e dificuldades na coleta destes dados. No Brasil são quase inexistentes os programas de melhoramento genético que utilizam o teste de progênie para estimar o mérito de características de carcaça (TAROUCO, 2004), ainda assim este procedimento é muito mais caro que a utilização da US conforme descrito por Moser² (1997, apud Bertrand 2009). Portanto a utilização da ultrassonografia é imprescindível para a seleção de atributos relacionados à carcaça bovina. As medidas realizadas por US ainda não são uma prática usual na maioria dos programas e quando realizadas não são incluídas no índice de seleção (ALBUQUERQUE; OLIVEIRA, 2002).

Wilson (1992) cita que a não remuneração dos criadores pela qualidade das carcaças, leva a ausência de programas de avaliação para estas características. Robinson et al. (1993) recomendam que deve haver prêmios e melhores remunerações para carcaças de qualidade para estimular estudos nesta área, mesmo porque a composição de carcaça é um importante fator econômico que afeta o valor do gado abatido (WALDNER et al., 1992).

Na análise das carcaças dois fatores são distintos: um é o seu rendimento o outro é a qualidade. O primeiro é dependente da quantidade de carne que a mesma possui, ou seja, a quantidade de músculo. Em um primeiro momento o que mais interessa ao produtor é o

² MOSER, D.W. Use of yearling ultrasound measurements of breeding cattle to predict breeding values for carcass traits . 1997. Ph.D. (Dissertation) - University of Georgia, Athens.

rendimento, pois é por ele que o frigorífico o remunera. Esta quantidade de músculo pode ser estimada pela US através da área de olho de lombo (AOL). O segundo fator, a qualidade, é fundamental para a sustentabilidade do sistema, pois se deve atender as exigências do mercado consumidor. No animal vivo é possível mensurar a espessura de gordura subcutânea no lombo (EGS) e a espessura de gordura na picanha (EGP) através da US. A presença de gordura de cobertura é fundamental no resfriamento da carne pois evita o encurtamento pelo frio que provoca alterações de cor e prejudica a qualidade (LUCHIARI, 2000). Estas características são constantemente estudadas e segundo Silva et al. (2003) são fundamentais na indústria de carne, visando melhorar a qualidade do produto final.

A remuneração da pecuária de corte nacional, por muitos anos, foi baseada apenas no peso vivo do animal vendido ao frigorífico. Porém atualmente este cenário vem mudando, sendo que em muitas situações o lucro obtido na atividade está vinculado a qualidade da carcaça produzida, não sendo restrita apenas ao rendimento de carcaça, mas também ao acabamento de gordura.

Além de uma quantidade suficiente de gordura é importante ressaltar que a sua deposição deve ser a mais precoce possível, pois permite encurtar o ciclo de produção melhorando os índices produtivos, principalmente em sistemas a pasto como é o caso da bovinocultura de corte brasileira (FARIA et al., 2009).

Nos Estados Unidos após décadas de estudo nesta área, o interesse dos produtores e da indústria é cada vez maior. Devido a isso muitas associações de criadores estão fornecendo valores genéticos dos animais para características de carcaça importantes (BERTRAND, 2009).

4.2.2 Correlações entre as características de carcaça medidas por ultrassonografia e as demais características produtivas

O conhecimento das relações entre as características produtivas é fundamental para o melhoramento animal. A importância da correlação genética está na capacidade de conhecer de que forma a seleção de uma característica pode afetar as demais (FALCONER; MACKAY 1996). Saber o sentido e a magnitude das correlações é indispensável para o adequado estabelecimento dos objetivos de seleção, pois permitirá em muitos casos a seleção indireta

visando a resposta correlacionada, proporcionando assim redução de custos e aumento da viabilidade de aplicação. Isso também evitará resultados indesejáveis ocasionados por correlações negativas.

Segundo Newmann et al. (1992), uma das principais dificuldades em estabelecer objetivos e índices de seleção apropriados é a escassez de estimativas de correlações entre crescimento, ingestão alimentar, reprodução e composição de carcaça.

Evidências na literatura mostram que há uma independência entre a característica de AOL e as medidas de gordura subcutânea, e ainda nenhuma destas medidas anteriores parece estar fortemente associada ao marmoreio (BERTRAND et al., 2001). Todavia, a correlação entre a gordura subcutânea sobre o lombo e sobre a picanha parece ser controlada pelo mesmo conjunto de genes. Estes resultados também puderam ser observados na raça Nelore (YOKOO et al., 2008).

A correlação entre características de carcaça e o desempenho ponderal avaliado pelo peso foi amplamente estudado em raças taurinas, sintéticas e animais cruzados (MOSER et al., 1998; SHEPARD et al., 1996; SPLAN et al., 2002; STELZLENI et al., 2002). Correlações obtidas por vários trabalhos podem ser observadas na revisão de Bertrand et al. (2001), sendo que a maioria destes trabalhos relata correlação de moderada a alta magnitude entre as características de carcaça e o peso em diferentes idades.

Na raça Nelore foram reportaram correlações moderadas e positivas entre o peso em diferentes idades e a AOL (YOKOO et al., 2010). Neste mesmo estudo os autores observaram correlações próximas a zero entre os peso e a gordura subcutânea. Para a característica de ganho de peso pós-desmama apenas o relato de Figueiredo (2001) foi encontrado, sendo que o autor relata correlações entre AOL e ganho de peso e EGS e ganho de peso com valores distintos para dois diferentes rebanhos.

A seleção de vacas para peso e/ou altura são efetivas para mudar o tamanho do animal, no entanto não proporcionam mudanças em características de carcaça (NEPHAWE et al., 2004). Na raça Brangus relatou-se correlações próximas a zero entre AOL e EGS com altura (WALDNER et al., 1992), correlações de baixa magnitude também foram encontradas na raça Brahman (RILEY et al., 2002). Na raça Nelore reportou-se correlações próximas a zero entre AOL e altura e correlações negativas de moderada magnitude entre gordura subcutânea e altura (YOKOO et al., 2010).

A relação entre as características de carcaça e o perímetro escrotal já foi pesquisada por alguns autores (JOHNSON et al., 1993; TURNER et al., 1990). Na raça Nelore a correlação destas características com o PE mensurado em diferentes idades foi estudada por

Yokoo et al. (2010). Estes autores reportaram correlações próximas a zero entre AOL, EGS e EGP independente da idade da mensuração do PE.

Conforme relato de Albuquerque e Oliveira (2002) são raros os estudos sobre a correlação entre os escores visuais com a quantidade de carne e gordura na carcaça, sendo o trabalho destes autores um dos primeiros, juntamente com o desenvolvido por Figueiredo (2001). Nos últimos anos muitos trabalhos sobre escores visuais foram publicados, alguns deles relacionando estas características com as de carcaça na raça Nelore (FARIA et al., 2009; YOKOO et al., 2009) e na raça Brangus (DIBIASI et al., 2010). Contudo, os resultados são discrepantes, pois a real funcionalidade dos escores pode ser questionada.

Desde a implementação dos escores visuais na pecuária de corte nacional, muitas raças iniciaram a sua utilização, mesmo sem estudá-los detalhadamente para conhecer a sua real eficiência na melhoria da carcaça bovina. Cardoso et al. (2004) recomendam que é necessário maior número de pesquisas nessa área, principalmente para determinar a correlação entre os escores visuais e o produto final, em termos de qualidade de carcaça.

Embora apenas recentemente estejam sendo divulgados os primeiros trabalhos relacionando os escores visuais com características de carcaça na pecuária nacional, a recomendação de sua utilização nos programas de melhoramento é antiga e continua até hoje (FRIES, 1974; KOURY FILHO et al., 2010). Todavia, são necessários mais estudos para avaliação das relações entre os escores visuais e as características de carcaça.

Estudos de correlações entre o comprimento de umbigo e características de carcaça não são encontrados na literatura. Encontra-se apenas alguns relatos sobre a relação com características de crescimento na raça Nelore (KOURY FILHO et al., 2003; BIGNARDI et al., 2008), em Brahman e suas raças derivadas (KRIESE et al., 1991), na raça Chanchim (BARICHELO et al., 2010), e em cruzados Angus-Nelore (ARAÚJO et al., 2008).

Os relatos sobre as correlações entre ossatura com características de carcaça são praticamente inexistentes. Um dos primeiros estudos deste escore visual na raça Nelore foi descrito por Ribeiro et al. (2004), no qual os autores observaram correlação positiva e de moderada magnitude entre ossatura e peso aos 550 dias de idade. Entretanto avaliaram esta característica como sendo contínua e recomendaram que maiores estudos fossem realizados principalmente com metodologias que permitissem sua análise como uma característica categórica. Em uma população da raça Nelore, Faria et al. (2009) estudando um escore visual que assemelha-se ao utilizado no presente estudo concluíram que animais com uma ossatura mais adequada apresentariam maior AOL, porém isto ocasionaria um aumento na altura de garupa.

4.3 Estudo genético molecular

A possibilidade de utilização de informações moleculares para a seleção de animais com genótipos favoráveis ao sistema produtivo tornou-se alvo de muitas pesquisas e iniciou uma nova perspectiva na área do melhoramento animal. Uma justificativa para a pesquisa relacionada à genética molecular segundo Meuwissen, Hayes e Goddard (2001) é a expectativa de que a informação contida no DNA promova ganhos genéticos mais rápidos do que a alcançada somente utilizando a informação fenotípica.

Atualmente os marcadores moleculares SNP (*Single Nucleotide Polymorphisms*) são largamente utilizados com o intuito de identificar suas associações com características produtivas. Os SNP's são as formas mais frequentes de variação do DNA, estão presentes em grandes quantidades e são facilmente identificáveis (HOCQUETTE et al., 2007). Portanto todos estes fatores são favoráveis para a sua utilização como marcador molecular.

4.3.1 Associação de marcadores moleculares a características produtivas

Há muitos anos o método de eleição para a avaliação animal é o BLUP (melhor preditor linear não-viesado) descrito por Henderson (1975), que utiliza informação fenotípica e genealógica, esta metodologia trouxe notáveis avanços na predição dos valores genéticos.

Alguns métodos para a estimação dos efeitos de marcadores moleculares em características quantitativas foram propostos, entre eles o procedimento de mínimos quadrados descrito por Geldermann (1975). Posteriormente Soller (1978) baseado em princípios de índices de seleção propôs um método que possibilitou a incorporação das informações dos marcadores moleculares e fenotípica para a obtenção de avaliações genéticas, no entanto este método não considerava alguns entraves relacionados com dados de campo. Um ajuste mais adequado dos efeitos ambientais pode ser obtido com a aplicação do BLUP, conforme realizado por Fernando e Grossman (1989).

Desde os primeiros estudos até os dias de hoje, os resultados simulados e os dados reais atualmente disponíveis mostram um aumento do progresso genético, devido a maior acurácia obtida bem como a possibilidade de redução do intervalo de gerações (SOLLER, 1978; SMITH; SIMPSON, 1986, WHITTAKER et al., 2000; VANRANDEN et al., 2009).

Lande e Thompson (1990) demonstraram o incremento na resposta a seleção com a incorporação da informação molecular e relataram que isso dependeria da quantidade da variância explicada pelos marcadores e a herdabilidade da característica, sendo obtidos melhores resultados em características de baixa herdabilidade.

Meuwissen, Hayes e Goddard (2001) compararam quatro métodos para a predição do valor genético usando informações moleculares. Eles concluíram que o método dos quadrados mínimos apresenta baixa acurácia na predição do valor genético, que os métodos Bayesianos e o BLUP diferiram levemente, porém os métodos Bayesianos apresentaram uma maior acurácia na predição, concordando com os resultados obtido por Habier, Fernando e Dekkers (2007). Estes estudos indicam que a metodologia Bayesiana é uma excelente alternativa em estudos relacionados a genética molecular, tanto para a seleção genômica quanto para a seleção assistida por marcadores moleculares.

Desde o princípio do século XXI planeja-se a utilização de painéis com alta densidade de marcadores (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001), muitas vezes com dezenas ou até mesmo centenas de milhares de SNP's para a seleção de animais. No entanto, há um custo elevado para a utilização deste tipo de painel e assim painéis com menor quantidade de SNP's que possuam forte associação com o fenótipo podem ser utilizados (HABIER; FERNANDO; DEKKERS, 2009), contudo, torna-se necessário a identificação dos SNP's para cada característica e população.

Em estudos de associação de marcadores moleculares algumas falhas na confirmação de efeitos de associativos podem ocorrer quando são utilizados menos de 1.000 animais genotipados (HOCQUETTE et al., 2007). Assim, observa-se que o número de animais que necessita ser genotipado é acentuado, e isso está fortemente associado ao custo relativo da técnica em questão. Contudo Gianola, Perez-Enciso e Toro (2003) citam que os custos relativos destas técnicas apresentam contínua redução.

4.3.2 Imputação (Imputation)

A técnica de imputação serve basicamente para estimar dados faltantes. Este procedimento não é recente, no entanto com os estudos moleculares torna-se muito útil e está sendo largamente estudado na atualidade. Após a genotipagem de alguns animais da população é possível inferir os genótipos do restante da população por diversos métodos

(WANG et al., 1996; THALLMAN et al., 2001; FERNANDEZ et al., 2001). Esses procedimentos possuem uma precisão relativamente elevada (SPLANGLER et al., 2008).

O método de Monte Carlo por Cadeia de Markov - MCMC pode ser empregado para a imputação de dados moleculares perdidos conforme pode ser observado em Rubin³ (1976, apud GIANOLA; PEREZ-ENCISO; TORO, 2003). O mapeamento de QTLs (quantitative trait loci), a seleção assistida por marcadores e outros tipos de análise genética frequentemente necessitam ou são fortemente beneficiadas com a imputação dos genótipos faltantes (MEUWISSEN; GODDARD, 2010).

³ Rubin, D. B. Inference and missing data. **Biometrika**, v.63, p.581-592, 1976.

5. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados fenotípicos e moleculares utilizados nesse estudo estão armazenados e foram analisados no Laboratório de Melhoramento Genético Dr. Gordon Dickerson do Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia - GMAB, pertencente ao Departamento de Ciências Básicas da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (ZAB-FZEA/USP), localizado em Pirassununga, no Estado de São Paulo. Parte das análises realizadas foram desenvolvidas no departamento de Anatomía, Embriología y Genética da Facultad de Veterinaria da Universidad de Zaragoza (UNIZAR), Espanha.

5.1 Banco de dados fenotípicos

Para a realização deste estudo foram utilizados dados fenotípicos e moleculares de bovinos da raça Nelore pertencentes à Agropecuária CFM Ltda. O controle produtivo da fazenda é baseado em uma eficiente escrituração zootécnica e rigoroso controle dos grupos de contemporâneos, os quais geralmente possuem um número elevado de animais e sofrem poucas alterações ao longo da vida produtiva do animal.

Estes animais foram criados em sistema extensivo, a pasto, em diversas fazendas do grupo, onde predominaram as gramíneas dos gêneros *Brachiaria* spp. e *Panicum* spp. recebendo apenas suplementação de sal mineral até aproximadamente 20 meses de idade. Após este período os animais com melhores avaliações genéticas, os candidatos a touros, foram encaminhados para a Fazenda São Francisco, localizada em Magda – São Paulo (20°38'38"S; 50°13'34"W), local onde iniciaram o período de confinamento. Os animais foram mantidos em confinamento por períodos que variaram de 90 a 150 dias de acordo com o ano. O volumoso da dieta era baseado em silagem de milho, o concentrado em farelo de soja, milho em grão e núcleo mineral para promover ganhos médios diários de cerca de 1.100 g/animal/dia.

Após todo o processo de seleção os touros jovens selecionados foram comercializados como reprodutores, recebendo CEIP (Certificado especial de identificação e produção) e seus contemporâneos foram abatidos. O CEIP é obtido por animais que participam de programas de melhoramento genético atestados pelo governo, apenas 20 a no máximo 30% dos melhores animais avaliados recebe esta certificação.

Em todas as análises realizadas foi utilizada uma genealogia referente a esses animais composta por uma matriz de parentesco de 21.983 animais, com animais nascidos entre 1984 e 2006 para aqueles com registros produtivos e entre 1974 e 2004 para as suas mães. Desses animais, além dos dados de genealogia e desempenho também foram controladas as idades da mãe ao parto e do animal às medições.

5.1.1 Características fenotípicas estudadas

Foram analisadas um total de 14 características fenotípicas, sendo estas: o peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), peso ao sobreano (PSOB), ganho de peso da desmama ao sobreano ajustado para um intervalo de 345 dias (GPSOB), perímetro escrotal ao sobreano (PE), altura de garupa ao sobreano (ALT), escores visuais avaliados ao sobreano de conformação (C), precocidade (P), musculosidade (M), comprimento de umbigo (UMB) e ossatura (OSS). Analisou-se também medidas de ultrassonografia para a avaliação de carcaça realizadas após 30 a 45 dias de confinamento como a área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), espessura de gordura na picanha (EGP).

A estatística descritiva de todas as características estudadas está contida na Tabela 01. Os dados fenotípicos foram semelhantes aos da população da qual esta amostra foi retirada (SUMÁRIO DE TOUROS NELORE CFM 2009..., 2009), aproximando-se mais dos valores fenotípicos da última safra, sendo levemente superiores no peso ao sobreano e no ganho de peso da desmama ao sobreano.

Tabela 01 - Estatística descritiva das características estudadas

Característica	Número	Média	CV (%)	Desvio Padrão
PN (kg)	10.853	31,42	11,55	3,63
PD (kg)	14.301	185,19	14,90	27,59
PSOB (kg)	11.158	311,32	14,76	45,94
GPSOB (kg)	11.095	121,24	25,43	30,83
ALT (cm)	9.168	137,14	5,36	7,35
PE (cm)	6.275	28,32	11,21	3,17
C (escore 1 a 6)	10.823	3,60	25,71	0,92
P (escore 1 a 6)	10.823	3,67	25,98	0,95
M (escore 1 a 6)	10.823	3,53	26,78	0,95
UMB (escore 1 a 5)	6.228	2,55	26,86	0,68
OSS (escore 1 a 3)	5.544	1,60	35,85	0,57
AOL (cm ²)	5.527	56,86	21,07	11,98
EGS (mm)	5.152	2,94	41,02	1,21
EGP (mm)	3.797	4,66	40,42	1,88

PN = peso ao nascimento; PD = peso a desmama; PSOB = peso ao sobreano; GPSOB = ganho de peso da desmama ao sobreano ajustado para um intervalo de 345 dias; PE = perímetro escrotal ao sobreano; ALT = altura de garupa ao sobreano; C = conformação; P = precocidade; M = musculosidade; UMB = comprimento de umbigo; OSS = ossatura; AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; EGP = espessura de gordura na picanha.

5.1.3 Metodologia de coleta dos dados de desempenho ponderal e físico

As medidas de desenvolvimento ponderal foram obtidas por meio de pesagem em balanças eletrônicas acopladas ao tronco de contenção, após jejum total dos animais de no mínimo 12 horas, excetuando-se o peso ao nascimento, que foi mensurado em pastos maternidade, por ocasião do primeiro tratamento e identificação do bezerro. No momento da separação dos bezerros de suas mães foi mensurado o peso a desmama. Por volta dos 18 meses de idade foi mensurado o peso ao sobreano, a altura na garupa e realizada a avaliação dos escores visuais.

O ganho de peso entre a desmama e o sobreano (GPSOB), foi calculado pela diferença de pesos observada entre o sobreano e a desmama, ajustada pelo número de dias entre pesagens, ou seja, 345 dias. A altura de garupa foi mensurada entre a ponta superior do íleo até o chão com o animal em estação. O perímetro escrotal foi medido em centímetros na parte mais larga da bolsa escrotal.

5.1.3 Metodologia de coleta dos dados de escores visuais

As avaliações de escores visuais foram realizadas por um número ímpar de avaliadores treinados, no qual o escore individual de cada animal para cada característica é resultante do consenso entre os avaliadores. Todo o lote de manejo foi observado, buscando visualizar o perfil médio para cada característica morfológica avaliada. Desta forma, a avaliação visual foi comparativa e a pontuação dada para cada indivíduo relativa aos demais de seu grupo de manejo. As escalas adotadas variaram de 1 a 6 para conformação (C), precocidade (P) e musculatura (M), sendo a maior nota dada ao animal que melhor expressa o perfil desejável para a característica.

A conformação (C) foi avaliada no intuito de selecionar animais com carcaças compridas, profundas e largas, ou seja, bem conformadas. Portanto, animais que receberam as melhores notas possuem uma melhor conformação frigorífica. A precocidade de acabamento (P) foi avaliada a partir da observação de deposição de gordura em alguns pontos anatômicos como a inserção de cauda, ponta de peito, virilha e últimas costelas. Animais com deposição de gordura evidente são almejados. A musculatura (M) foi avaliada pela observação da quantidade de músculo no animal. Um grande desenvolvimento muscular uniformemente distribuído na carcaça é ideal.

O comprimento do umbigo, também identificado como tamanho de prepúcio ou bainha, foi avaliado em uma escala de 1 a 5, sendo a maior nota referente ao maior comprimento. A estrutura óssea dos animais, conhecida como ossatura, foi avaliada visualizando a canela do animal, em uma escala de 1 a 3, considerada como leve, mediana e pesada.

5.1.4 Metodologia de coleta dos dados de carcaça por ultrassom

A mensuração das características de carcaça por ultrassonografia foram realizadas após a entrada dos animais em confinamento. Neste período os animais estavam com cerca de 20 ± 3 meses de idade, os grupos de contemporâneos dos animais confinados continham por volta de 100 animais.

As imagens de US foram obtidas através de um equipamento de ultrassom da marca Aloka, modelo SSD500V, equipado com um transdutor linear UST 5044 de 3,5MHz de frequência e 20 cm de comprimento, utilizando uma guia acústica de silicone para a coleta de imagens sobre o lombo a qual permite uma melhor adaptação a anatomia do corpo do animal.

Com o animal devidamente contido localizava-se por palpação o espaço entre a 12ª e 13ª costelas. Sobre o local da medida utilizou-se óleo vegetal de soja com objetivo de atuar como acoplante acústico. Então foi realizada a obtenção das imagens de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS) com o transdutor localizado transversalmente ao lombo do animal no espaço entre a 12ª e 13ª costelas (Figura 1), possibilitando a visualização completa do músculo *Longísimus dorsi* no US.

Para a captura da imagem de espessura de gordura sobre a picanha (EGP), colocou-se o transdutor, sem a guia acústica, sobre o músculo *Bíceps femoris* e *Gluteus medius*, em linha reta entre os ossos íleo e o ísquio (Figura 2).

As imagens obtidas foram gravadas em microcomputador portátil acoplado ao aparelho de ultrassom e posteriormente analisadas através do software Lince ® (M&S Consultoria Agropecuária Ltda, Pirassununga, SP, Brasil).

A AOL foi determinada pela área em centímetros quadrados do músculo *Longísimus dorsi* (Figura 3). A EGS determinada pela espessura em milímetros da gordura presente entre este músculo e o couro (figura 3). A EGP determinada pela espessura da gordura em milímetros entre a junção dos músculos *Bíceps femoris* e *Gluteus medius* e o couro (Figura 4).

Figura 1 - Captura da imagem para mensuração de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS)

Figura 2 - Captura da imagem para mensuração de espessura de gordura na picanha (EGP)

Figura 3 - Imagem capturada para mensuração de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS)

Figura 4 - Imagem capturada para a mensuração de espessura de gordura na picanha (EGP)

Figura 5 - Locais para a captura das imagens de área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura na picanha (EGP)

5.2 Banco de dados moleculares

A análise de associação de marcadores moleculares foi realizada com um painel de baixa densidade de SNP's, buscando associações com as características componentes do índice de seleção da Agropecuária CFM Ltda. (SUMÁRIO DE TOUROS NELORE CFM 2009..., 2009). Estas características são o peso à desmama (PD), ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB), escore visual de musculatura (M) e perímetro escrotal ao sobreano (PE). Esta escolha foi realizada para verificar se os marcadores são eficientes e podem ser utilizados na seleção de animais para essas características, as quais são priorizadas dentro do programa de melhoramento já em andamento na população utilizada.

Os dados fenotípicos utilizados nesta análise são os mesmos anteriormente descritos

5.2.1 Coleta do material genético (DNA)

Foram coletados aproximadamente 10 mL de sangue de cada animal retirados da veia caudal em tubos a vácuo contendo EDTA (ácido etilenodiamino tetra-acético) e em seguida esta amostra foi acondicionada em cartões FTA. Para a extração do DNA das amostras foi utilizado o método de extração e precipitação em NaCl conforme descrito por Olerup e Zetterquist (1992).

5.2.2 Genotipagem

A genotipagem dos marcadores SNP foi realizada por PCR em tempo real utilizando o equipamento ABI Prism[®] 7500 Sequence Detection System (Applied Biosystems[®]). Para isto, foi utilizado o sistema de detecção TaqMan[™] em que primers e sonda previamente selecionados pareiam na região do DNA de interesse identificando os polimorfismos a partir da leitura da fluorescência emitida pelas sondas.

Para este estudo foram utilizados 36 SNP's sendo que o número de animais genotipados variou de 1.343 a 3.797 conforme o marcador. Este foi considerado o painel

inicial de marcadores, adiante estão descritos estes marcadores (Tabela 02) e o método de seleção dos marcadores utilizados no estudo de associação.

A genotipagem dos animais foi realizada nos Estados Unidos, pelos laboratórios licenciados pela IGENITY™, uma unidade de negócios da Merial Ltda., detentora de licenças de exploração dos marcadores moleculares estudados.

5.2.3 Cálculo das frequências gênicas e genotípicas

As frequências gênicas e genotípicas foram estimadas para cada loco, por contagem simples dos alelos e dos diferentes genótipos, respectivamente, conforme descrito por Falconer e Mackay (1996). Entende-se aqui por frequência alélica a proporção dos diferentes alelos de um gene na população, enquanto que frequência genotípica, a proporção dos genótipos.

Foi calculado o equilíbrio de Hardy-Weinberg para os marcadores selecionados através do teste χ^2 (Qui-Quadrado). A hipótese nula (H_0) considerou que a população apresentava suas frequências genotípicas conforme o equilíbrio de Hardy-Weinberg, foi considerado o nível de significância de 1%.

5.2.4 Triagem inicial

Primeiramente foi realizada uma análise descritiva para verificar a viabilidade do estudo de associação, utilizando um banco de dados formado por um painel inicial composto por 36 marcadores moleculares do tipo SNP. De posse desses dados foram verificadas as frequências gênicas, genotípicas e o número de animais genotipados para cada marcador. A Tabela 02 apresenta estes resultados para cada um dos 36 marcadores do painel inicial.

Tabela 02 - Descritiva do painel inicial de marcadores moleculares (SNP).

SNP	Número de dados	Frequência		Homozigoto 1 Número (freq.)	Heterozigoto Número (freq.)	Homozigoto 2 Número (freq.)
		Alelo 1	Alelo 2			
1	3746	0,9901	0,0099	3674 (0,9808)	70 (0,0187)	2 (0,0005)
2	3725	0,7460	0,2540	2078 (0,5579)	1402 (0,3764)	245 (0,0658)
3	3797	0,9970	0,0030	3776 (0,9945)	19 (0,0050)	2 (0,0005)
4	3753	0,8256	0,1744	2534 (0,6752)	1129 (0,3008)	90 (0,0240)
5	3727	0,9376	0,0624	3277 (0,8793)	435 (0,1167)	15 (0,0040)
6	3756	0,9967	0,0033	3731 (0,9933)	25 (0,0067)	-
7	1427	0,9646	0,0354	1327 (0,9299)	99 (0,0694)	1 (0,0007)
8	1366	0,6585	0,3415	600 (0,4392)	599 (0,4385)	167 (0,1223)
9	1422	0,9430	0,0570	1324 (0,9311)	34 (0,0239)	64 (0,0450)
10	1426	0,9656	0,0344	1329 (0,9320)	96 (0,0673)	1 (0,0007)
11	1417	0,9083	0,0917	1286 (0,9076)	2 (0,0014)	129 (0,0910)
12	1425	0,9811	0,0189	1372 (0,9628)	52 (0,0365)	1 (0,0007)
13	1417	0,5261	0,4739	381 (0,2689)	729 (0,5145)	307 (0,2167)
14	1402	0,5974	0,4026	498 (0,3552)	679 (0,4843)	225 (0,1605)
15	3794	0,9375	0,0625	3335 (0,8790)	444 (0,1170)	15 (0,0040)
16	3742	0,9956	0,0044	3710 (0,9914)	31 (0,0083)	1 (0,0003)
17	1343	0,9866	0,0134	1315 (0,9792)	20 (0,0149)	8 (0,0060)
18	3602	0,8355	0,1645	2512 (0,6974)	995 (0,2762)	95 (0,0264)
19	3585	0,9993	0,0007	3580 (0,9986)	5 (0,0014)	-
20	3715	0,8063	0,1937	2405 (0,6474)	1181 (0,3179)	129 (0,0347)
21	3781	0,9651	0,0349	3648 (0,9648)	2 (0,0005)	131 (0,0346)
22	3750	0,8060	0,1940	2431 (0,6483)	1183 (0,3155)	136 (0,0363)
23	3726	0,9995	0,0005	3722 (0,9989)	4 (0,0011)	-
24	3544	0,9996	0,0004	3541 (0,9992)	3 (0,0008)	-
25	3691	0,9885	0,0115	3606 (0,9770)	85 (0,0230)	-
26	3655	0,8932	0,1068	2918 (0,7984)	693 (0,1896)	44 (0,0120)
27	3759	0,9634	0,0366	3559 (0,9468)	125 (0,0333)	75 (0,0200)
28	3588	0,9965	0,0035	3563 (0,9930)	25 (0,0070)	-
29	3624	0,9870	0,0130	3534 (0,9752)	86 (0,0237)	4 (0,0011)
30	3676	0,9385	0,0615	3243 (0,8822)	414 (0,1126)	19 (0,0052)
31	3693	0,8798	0,1202	2870 (0,7790)	744 (0,2015)	72 (0,0195)
32	3445	0,6409	0,3591	1546 (0,4488)	1324 (0,3843)	575 (0,1669)
33	3733	0,9871	0,0129	3637 (0,9743)	96 (0,0257)	-
34	3748	0,9963	0,0037	3720 (0,9925)	28 (0,0075)	-
35	3609	0,7754	0,2246	2163 (0,5993)	1271 (0,3522)	175 (0,0485)
36	3636	0,6145	0,3855	1366 (0,3757)	1737 (0,4777)	533 (0,1466)

Freq. = frequência; Negrito= marcadores selecionados para o estudo de associação

Oito marcadores não apresentaram os três genótipos (SNP 6,19, 23, 24, 25, 28, 33, 34). Onze marcadores apresentaram os três genótipos possíveis, porém com frequência inferior a 1 % para um dos genótipos (SNP 1, 3, 5, 7, 10, 12, 15, 16, 17, 29, 30). Foi observada uma frequência muito baixa (<1%) de heterozigotos para os marcadores 11 e 21 apesar de apresentarem os três possíveis genótipos.

Observando os dados do painel inicial foram escolhidos apenas 13 marcadores, levando em consideração fatores como a presença de todos os três genótipos possíveis e frequência genotípica mínima de 1% para o genótipo de menor frequência. Deste modo, foram escolhidos os marcadores 2, 4, 8, 13, 14, 18, 20, 22, 26, 31, 32, 35, 36, os quais estão em negrito na tabela 03. Estes marcadores foram novamente renumerados de 1 a 13 para facilitar a condução dos estudos.

Dentre os marcadores escolhidos o número de animais genotipados variou de 1.366 a 3.753. A frequência alélica mínima foi de 10,68% para o alelo 2 do SNP 26, neste marcador o genótipo com menor frequência apresentava 44 animais (1,2%).

5.3 Análise genética

5.3.1 Estimação dos parâmetros genéticos

5.3.1.1 Efeitos fixos

Os efeitos fixos considerados nas análises foram o grupo de contemporâneos (GC), a classe de idade da mãe ao parto (CIMP), e como covariável a idade do animal no momento da mensuração.

5.3.1.1.1 Formação dos grupos de contemporâneos (GC)

Com o intuito de agrupar os animais que foram submetidos a condições de desenvolvimento semelhantes foram formados os grupos de contemporâneos (GC). Na formação dos GC, foram consideradas as variáveis ano de nascimento, estação de nascimento, fazenda, sexo e lote de manejo nas diferentes fases.

Foram mantidos apenas os GC contendo mais de quatro animais e ao menos dois pais distintos. Foram eliminados os GC sem variabilidade fenotípica e excluídos animais com medidas fora do intervalo entre a média $\pm$ três desvios-padrão.

5.3.1.1.2 Formação das classes de idade da mãe ao parto (CIMP)

A classe de idade da mãe ao parto foi dividida em oito classes conforme pode ser observado abaixo.

CIMP 1 = idade entre 22 e 28 meses;

CIMP 2 = idade entre 27 e 37 meses;

CIMP 3 = idade entre 36 e 49 meses;

CIMP 4 = idade entre 48 e 73 meses;

CIMP 5 = idade entre 72 e 121 meses;

CIMP 6 = idade entre 120 e 145 meses;

CIMP 7 = idade entre 144 e 181 meses;

CIMP 8 = idade maior que 180 meses.

5.3.1.2 Efeitos aleatórios

Os efeitos aleatórios estudados foram o efeito genético aditivo direto, efeito genético materno, efeito de ambiente permanente e efeito residual os quais variaram conforme o modelo proposto e característica analisada como pode ser observado adiante.

Foram realizadas análises uni-característica para todas as características estudadas. Utilizando-se basicamente três modelos estatísticos, o primeiro contemplando todos os efeitos acima relacionados, o segundo com todos os efeitos exceto o efeito de ambiente permanente materno, e o terceiro não considerou o efeito materno nem o efeito de ambiente permanente materno, apenas o efeito genético direto. Para as características de natureza categórica (escores visuais) foram realizadas análises com estes mesmos modelos, porém estas características foram avaliadas como contínuas ou categóricas por modelo linear ou de limiar, totalizando seis diferentes abordagens de análise para cada característica de escore visual e três abordagens para as demais.

O modelo matemático que expressa o desempenho de cada animal utilizado nas análises uni-característica, pode ser demonstrado pelo seguinte modelo linear misto na forma matricial:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{S}\mathbf{m} + \mathbf{W}\mathbf{c} + \mathbf{e}$$

Em que:

$\mathbf{y}$ = Vetor das variáveis;

$\boldsymbol{\beta}$ = Vetor dos efeitos fixos;

$\mathbf{u}$ = Vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo do animal;

$\mathbf{m}$ = Vetor dos efeitos aleatórios de valor genético materno;

$\mathbf{c}$ = Vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente;

$\mathbf{e}$ = Vetor dos efeitos aleatórios residuais.

$\mathbf{X}, \mathbf{Z}, \mathbf{S}$ e $\mathbf{W}$ = Matrizes de incidência relacionando as observações ($\mathbf{y}$) aos seus respectivos efeitos fixos ($\boldsymbol{\beta}$), genético aditivo do animal ($\mathbf{u}$), genético aditivo materno ($\mathbf{m}$) e de ambiente permanente ($\mathbf{c}$), respectivamente.

5.3.2 Herdabilidade Total

Para as características onde foi considerado o efeito materno, foi calculada a herdabilidade para mérito genético total (direto + materno) designada por h^2_t , conforme descrito por Willham (1972), a partir da fórmula:

$$h^2_t = (\sigma^2_a + 0,5 \sigma^2_m + 1,5 \sigma_{a,m}) / \sigma^2_f$$

No qual, σ^2_a é a variância genética aditiva, σ^2_m é a variância genética materna, $\sigma_{a,m}$ é a covariância entre efeito genético aditivo direto e materno, σ^2_{ap} é a variância de ambiente permanente e σ^2_f é a variância fenotípica.

Sendo que a σ_f^2 é dada por:

$$\sigma_f^2 = \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{a,m} + \sigma_{ap}^2 + \sigma_e^2$$

Os efeitos genéticos diretos e maternos são assumidos como correlacionados entre si, enquanto que os de ambiente permanente e residual não são correlacionados entre si e nem com os efeitos genéticos.

5.3.3 Análises de associação dos marcadores moleculares às características produtivas

A análise de associação dos marcadores moleculares SNP foi conduzida com diferentes enfoques, através de cinco métodos distintos, cada um deles com um modelo matemático.

5.3.3.1 Imputação de genótipos faltantes

O primeiro modelo utilizou apenas os dados fenotípicos e genótipos dos animais genotipados. Os outros quatro modelos utilizaram todos os animais com dados fenotípicos armazenados. Para a utilização de todos estes animais foi necessário a geração de genótipos para os animais que não haviam sido previamente genotipados. Para isto foi escrito um programa em linguagem Fortran 90 baseado em métodos de Monte Carlo por Cadeia de Markov – MCMC via amostrador de Gibbs, conforme descrito por Thomas e Gauderman (1996), o qual a partir dos genótipos dos animais realmente genotipados foi capaz de gerar probabilidades para os três possíveis genótipos (AA, Aa, aa) de todos os seus parentes, ou seja, de toda a genealogia (21.983 animais).

O processo de Gibbs sampling para a imputação dos genótipos faltantes consiste em uma amostragem sequencial dos genótipos desconhecidos condicionado a realização de cada parâmetro do modelo.

Por um longo número de iterações foi realizada amostragem de cada genótipo individual e as respectivas frequências alélicas. Introduzindo “ G_i ” para o genótipo de cada indivíduo, “ G_j ” para os descendentes de cada indivíduo, “ G_m ” para o genótipo de indivíduos acasalados com cada indivíduo, “ G_p ” para o genótipo dos pais de cada indivíduo. Assim, o processo realizou a amostragem a cada iteração a partir de uma distribuição condicional de G_i dado G_o , G_m e G_p , está é uma distribuição discreta com três categorias (11, 12 e 22).

Se o indivíduo é um fundador, a distribuição condicional de G_i é condicionada por G_o , G_m e a frequência alélica, isto também é uma distribuição discreta com três categorias (11, 12 e 22). As distribuições condicionais das frequências alélicas provêm de uma distribuição binomial negativa dados os genótipos dos indivíduos fundadores.

Os indivíduos com genótipo conhecido não foram amostrados, pois logicamente não eram desconhecidos.

Foram realizadas 50.000 iterações sendo descartadas as 5.000 iniciais (*Burn-in*). A convergência deste procedimento foi checada através dos procedimentos usuais.

Se os pais são conhecidos:

$$f(G_i = 11|\mathbf{G}) \propto p(G_i = 11|G_p, G_m) \prod_{j=1}^{N_o} p(G_j|G_i = 11, G_{mj})$$

$$f(G_i = 12|\mathbf{G}) \propto p(G_i = 12|G_p, G_m) \prod_{j=1}^{N_o} p(G_j|G_i = 12, G_{mj})$$

$$f(G_i = 22|\mathbf{G}) \propto p(G_i = 22|G_p, G_m) \prod_{j=1}^{N_o} p(G_j|G_i = 22, G_{mj})$$

Onde, G_i é o genótipo do indivíduo a amostrar, G_p é o genótipo do seu pai, G_m é o genótipo de sua mãe, G_j é o genótipo de seus filhos j de um total de N_o filhos e G_{mj} é o genótipo da mãe de G_j

$$p(G_i = 11|\mathbf{G}) = \frac{f(G_i = 11|\mathbf{G})}{f(G_i = 11|\mathbf{G}) + f(G_i = 12|\mathbf{G}) + f(G_i = 22|\mathbf{G})}$$

$$p(G_i = 12|\mathbf{G}) = \frac{f(G_i = 12|\mathbf{G})}{f(G_i = 11|\mathbf{G}) + f(G_i = 12|\mathbf{G}) + f(G_i = 22|\mathbf{G})}$$

$$p(G_i = 22|\mathbf{G}) = \frac{f(G_i = 22|\mathbf{G})}{f(G_i = 11|\mathbf{G}) + f(G_i = 12|\mathbf{G}) + f(G_i = 22|\mathbf{G})}$$

Quando os pais são desconhecidos,

$$f(G_i = 11|\mathbf{G}) \propto p(G_i = 11|p) \prod_{j=1}^{N_o} p(G_j | G_i = 11, G_{mj})$$

Onde, p é a frequência alélica.

5.3.3.2 Modelos de análise de associação de marcadores

De posse desses valores de probabilidade para cada um dos genótipos foi possível atribuir um valor ao efeito aditivo do marcador pela simples subtração da probabilidade dos genótipos dos homozigotos, e o efeito de dominância apenas utilizando-se a probabilidade atribuída ao heterozigoto. Para o estudo de associação estes dois valores, de efeito aditivo e de dominância foram inseridos como covariáveis no modelo matemático de análise.

Com as probabilidades dos genótipos estimadas para todos os animais da matriz de parentesco foi possível utilizar na análise de associação todos os animais aparentados que possuíam fenótipos armazenados no banco de dados. Permitindo assim que um número muito superior de dados pudesse ser incluído, partindo de marcadores com cerca de 1.400 animais genotipados para um total de 14.000 incluindo animais genotipados e com genótipos estimados pelo parentesco.

Para o primeiro método que utilizou apenas os animais realmente genotipados foram realizadas análises de associação individuais para cada marcador, pois cada um possuía uma quantidade diferente de animais genotipados, necessitando assim 13 análises individuais para cada característica, totalizando 52 análises individuais para as quatro características por este método.

Os outros quatro métodos que utilizaram todos os dados fenotípicos disponíveis foram divididos da seguinte forma:

- Análise em conjunto dos 13 marcadores,
- Análise individual de cada marcador,
- Análise em conjunto apenas dos marcadores relevantes ($P < 0,10$) na primeira análise em conjunto,

- Análise em conjunto apenas dos marcadores relevantes ($P < 0,10$) na análise individual dos marcadores.

Entenda-se por análise em conjunto quando os 13 marcadores foram incluídos ao mesmo tempo no modelo matemático, resultando em 26 covariáveis simultaneamente, de efeito aditivo e dominante para cada SNP, além de uma covariável padrão para todas as análises que foi a idade do animal no momento da mensuração da característica.

Os métodos que utilizaram todos os dados fenotípicos disponíveis necessitaram novamente de 52 análises individuais, e ainda mais 3 análises conjuntas para cada característica, totalizando 64 análises. Logo, para o estudo completo de associação foram realizadas 116 análises.

Método 1 = Análise de associação entre o marcador e a característica, realizada individualmente para cada marcador, utilizando os dados produtivos apenas dos animais genotipados.

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + a(I(GG) - I(gg)) + d(I(Gg)) + \mathbf{Zu} + \mathbf{Sm} + \mathbf{e}$$

Método 2 = Análise de associação entre os marcadores e a característica, realizada simultaneamente para os 13 marcadores, utilizando os dados produtivos de todos os animais com dados produtivos que sejam aparentados.

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \sum_I^N a_I(p_I(GG) - p_I(gg)) + \sum_I^N d_I(p_I(Gg)) + \mathbf{Zu} + \mathbf{Sm} + \mathbf{e}$$

Método 3 = Análise de associação entre o marcador e a característica, realizada individualmente para cada marcador, utilizando os dados produtivos de todos os animais com dados produtivos que sejam aparentados.

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + a(p(GG) - p(gg)) + d(p(Gg)) + \mathbf{Zu} + \mathbf{Sm} + \mathbf{e}$$

Método 4 = Análise de associação entre os marcadores e a característica, realizada simultaneamente apenas para os marcadores relevantes ($P < 0,10$) no segundo método,

utilizando os dados produtivos de todos os animais com dados produtivos que sejam aparentados.

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \sum_I^N a_I (p_I(GG) - p_I(gg)) + \sum_I^N d_I (p_I(Gg)) + \mathbf{Zu} + \mathbf{Sm} + \mathbf{e}$$

Método 5 = Análise de associação entre os marcadores e a característica, realizada simultaneamente apenas para os marcadores relevantes ($P < 0,10$) no terceiro método, utilizando os dados produtivos de todos os animais com dados produtivos que sejam aparentados.

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \sum_I^N a_I (p_I(GG) - p_I(gg)) + \sum_I^N d_I (p_I(Gg)) + \mathbf{Zu} + \mathbf{Sm} + \mathbf{e}$$

Onde: $\mathbf{y}$ = Vetor da variável dependente; $\mathbf{b}$ = Vetor dos efeitos fixos; $\mathbf{a}$ = efeito de aditividade; $\mathbf{d}$ = efeito de dominância; $I(GG)$, $I(Gg)$ e $I(gg)$ = são os vetores que assumem o valor 1 ou 0 quando o genótipo é GG, Gg ou gg (Método 1); $p(GG)$, $p(Gg)$ e $p(gg)$ = são as probabilidades *a posteriori* para os genótipos GG, Gg e gg. (Método 2 e 3); N = o número de *SNP*'s; $\mathbf{u}$ = Vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo do animal; $\mathbf{m}$ = Vetor dos efeitos aleatórios de valor genético materno, $\mathbf{e}$ = Vetor dos efeitos aleatórios residuais. $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ e $\mathbf{S}$ = Matrizes de incidência relacionando as observações ($\mathbf{y}$) aos seus respectivos efeitos fixos ($\mathbf{b}$), genético aditivo do animal ($\mathbf{u}$) e genético aditivo materno.

As análises de associação foram conduzidas utilizando os modelos matemáticos que incluíam os efeitos adequados para cada característica (PD, GPSOB, M e PE), baseado nos estudos prévios de estimação dos parâmetros genéticos das mesmas. Os efeitos maternos foram incluídos para o peso a desmama e perímetro escrotal.

O percentual da variância genética e fenotípica explicada pelo marcador foi calculada conforme Falconer e Mackay (1996), a partir das fórmulas abaixo:

$$VA_{snp} = 2pq\alpha^2$$

$$\alpha = a + d(q - p)$$

$$VD_{snp} = (2pqd)^2$$

$$VG_{exp} = VA + VD / VG$$

$$VF_{exp} = VA + VD / VF$$

Onde: VA_{snp} = variância aditiva do SNP; p = frequência alélica do alelo mais frequente; q = frequência alélica do alelo menos frequente; a = efeito aditivo; d = efeito dominante; VD_{snp} = variância de dominância do SNP; VG = variância genética da característica; VF = variância fenotípica da característica; VG_{exp} = variância genética explicada pelo SNP; VF_{exp} = variância fenotípica explicada pelo SNP.

5.3.3.3 Softwares utilizados

Toda a manipulação e verificação de consistência do banco de dados foram realizadas utilizando-se os softwares Microsoft Excel 2003 e 2007, Microsoft Fox V9.0 e o programa SAS - *Statistical Analysis System*, versão 9.1.3 (SAS, 2004).

Para a condução das análises de estimação de parâmetros genéticos e associação de marcadores moleculares foi utilizado o software TM – Threshold models (LEGARRA; VARONA; LÓPEZ DE MATURANA, 2008), por inferência bayesiana pelo método de gibbs sampling (WANG et al., 1994). Foram realizadas 400.000 iterações, sendo descartadas (*burn-in*) as 80.000 iniciais, um total de 5.000 amostras foi coletado.

A convergência das cadeias foi avaliada de acordo com Geweke (1992) e também de acordo com Raftery e Lewis (1992), com o programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010), utilizando o pacote BOA (Bayesian Output Analysis) (SMITH, 2004).

6. RESULTADOS E DISCUSSÃO

6.1 Parâmetros genéticos e componentes de variância para as características produtivas

Foram realizadas análises uni-característica para todas as características do banco de dados sendo estudados três modelos (1, 2 e 3) para cada característica, o primeiro contemplando efeito genético aditivo direto, efeito genético materno e ambiente permanente materno. O segundo modelo contemplou os efeitos genético direto e materno sem efeito de ambiente permanente. Por último o terceiro modelo estimou apenas o efeito genético direto. Para as características categóricas, foram utilizados os mesmos modelos, mas foram analisadas com modelos lineares e também de limiar.

As análises uni-característica de todas as características foram realizadas com o principal intuito de conhecer os parâmetros genéticos de cada uma delas e escolher o modelo matemático mais adequado para a condução das análises multi-característica entre as características produtivas e as características mensuradas por ultrassonografia, bem como serviram para treinamento na utilização do programa TM – Threshold models (LEGARRA; VARONA; LÓPEZ DE MATURANA, 2008).

O estudo de efeitos maternos em todas as características baseia-se no fato de que modelos que não levam em consideração estes efeitos podem inflacionar a estimativa da variância genética direta e assim resultar em estimativa de herdabilidade direta de alta magnitude (MEYER, 1992).

6.1.1 Peso ao nascimento (PN)

A Tabela 03 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para o peso ao nascimento (PN).

Tabela 03 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para peso ao nascimento (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 10.853).

Parâmetro / Modelo	1	2	3
Componentes de variância			
σ_a^2	2,27 (0,33)	2,37 (0,35)	3,28 (0,29)
σ_m^2	0,77 (0,19)	0,75 (0,20)	-
$\sigma_{a,m}$	0,14 (0,16)	0,11 (0,17)	-
σ_{ap}^2	3,32 (1,60)	-	-
σ_e^2	2,87 (1,59)	6,15 (0,23)	6,19 (0,23)
σ_f^2	9,51 (0,21)	9,50 (0,22)	9,47 (0,15)
Parâmetros genéticos			
h_a^2	0,24 (0,03)	0,25 (0,04)	0,35 (0,03)
h_m^2	0,08 (0,02)	0,08 (0,02)	-
h_t^2	0,30 (0,02)	0,35 (0,03)	-
$r_{a,m}$	0,12 (0,13)	0,10 (0,14)	-
c^2	0,35 (0,17)	-	-
e^2	0,30 (0,17)	0,65 (0,03)	0,65 (0,03)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{g,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

A variância fenotípica observada foi semelhante nos 3 modelos estudados. Os coeficientes de herdabilidade diretos encontradas pelo primeiro e segundo modelos foram semelhantes, assim como os maternos, que evidenciam a importância dos efeitos maternos no peso ao nascimento. A correlação entre os efeitos diretos e maternos foi positiva.

A herdabilidade direta observada neste estudo é levemente inferior a relatada em estudos com raças zebuínas onde são reportados valores entre 0,26 a 0,37, nas raças Nelore, Guzará e Tabapuã (ALBUQUERQUE; MEYER, 2001; NOBRE et al., 2003; SAKAGUTI et al., 2003). Entretanto, Eler et al. (1995) reportaram o valor de 0,22 para herdabilidade direta, e um valor superior de herdabilidade materna (0,12) na raça Nelore.

6.1.2 Peso ao desmame (PD)

A Tabela 04 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para o peso a desmama (PD).

Tabela 04 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para peso a desmama (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 14.301).

Parâmetro / Modelo	1	2	3
Componentes de variância			
σ_a^2	44,89 (6,37)	43,72 (6,60)	74,61 (6,04)
σ_m^2	21,59 (4,84)	22,12 (4,60)	-
$\sigma_{a,m}$	6,71 (3,31)	6,86 (3,76)	-
σ_{ap}^2	76,08 (45,40)	-	-
σ_e^2	89,24 (45,25)	165,61 (5,04)	165,04 (5,00)
σ_f^2	245,22 (4,86)	245,17 (5,16)	239,62 (3,32)
Parâmetros genéticos			
h_a^2	0,18 (0,03)	0,18 (0,03)	0,31 (0,02)
h_m^2	0,09 (0,02)	0,09 (0,02)	-
h_t^2	0,27 (0,02)	0,27 (0,02)	-
$r_{a,m}$	0,23 (0,13)	0,24 (0,15)	-
c^2	0,31 (0,19)	-	-
e^2	0,36 (0,18)	0,68 (0,02)	0,69 (0,02)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

Não foram observadas correlações negativas entre os efeitos diretos e maternos. Nos modelos que incluíram os efeitos maternos as estimativas de herdabilidade observadas tanto para efeito direto e materno foram inferiores as normalmente reportadas na literatura. Koots et al (1994) em sua revisão reportam o valor de 0,24 para herdabilidade direta e 0,13 para herdabilidade materna, assim como Lôbo et al. (2000) que relatou média de 0,29 para herdabilidade direta e 0,10 para materna em uma revisão de 78 trabalhos científicos.

Na raça Nelore, Eler et al. (1996) relataram para peso a desmama ajustado para 205 dias de idade herdabilidade direta de 0,29 e de 0,08 para herdabilidade materna.

Nesta característica os efeitos maternos devem ser considerados na estimação dos parâmetros genéticos.

6.1.3 Peso ao sobreano (PSOB)

A Tabela 05 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para o peso ao sobreano (PSOB).

Tabela 05 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para peso ao sobreano (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 11.158).

Parâmetro / Modelo	1	2	3
Componentes de variância			
σ_a^2	156,39 (21,64)	158,15 (20,67)	170,94 (15,58)
σ_m^2	5,76 (2,98)	6,36 (4,39)	-
$\sigma_{a,m}$	5,73 (8,59)	4,86 (6,87)	-
σ_{ap}^2	160,43 (80,50)	-	-
σ_e^2	161,79 (81,47)	321,00 (13,04)	319,72 (12,14)
σ_f^2	495,83 (10,76)	495,22 (9,96)	490,80 (8,07)
Parâmetros genéticos			
h_a^2	0,32 (0,05)	0,32 (0,04)	0,35 (0,03)
h_m^2	0,01 (0,006)	0,01 (0,009)	-
h_t^2	0,34 (0,03)	0,34 (0,03)	-
$r_{a,m}$	0,24 (0,33)	0,20 (0,25)	-
c^2	0,32 (0,16)	-	-
e^2	0,33 (0,16)	0,65 (0,03)	0,65 (0,03)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

Não foram observados efeitos maternos relevantes no peso ao sobreano neste estudo. A herdabilidade total estimada aproxima-se da herdabilidade média obtida por Mercadante et al. (1995) para zebuínos. Koots et al. (1994) relataram herdabilidade média de 0,40 para peso ao sobreano e Lôbo et al. (2000) de 0,31.

Na raça Nelore, Eler et al. (1996) reportaram herdabilidade de 0,30 para peso aos 550 dias. Shiotsuki et al. (2010) citam que pode ser realizada seleção para incremento do peso ao sobreano sem causar importantes efeitos na fertilidade na população da raça Nelore por eles estudada.

6.1.4 Ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB)

A Tabela 06 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB).

Tabela 06 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para ganho de peso da desmama ao sobreano (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 11.095).

Parâmetro / Modelo	1	2	3
Componentes de variância			
σ_a^2	57,99 (10,87)	158,15 (20,67)	170,94 (15,58)
σ_m^2	6,29 (4,04)	6,36 (4,39)	-
$\sigma_{a,m}$	-7,95 (5,49)	4,86 (6,87)	-
σ_{ap}^2	108,11 (58,68)	-	-
σ_e^2	133,09 (58,33)	321,00 (13,04)	319,72 (12,14)
σ_f^2	291,36 (6,58)	495,22 (9,96)	490,80 (8,07)
Parâmetros genéticos			
h_a^2	0,20 (0,04)	0,32 (0,04)	0,35 (0,03)
h_m^2	0,02 (0,01)	0,01 (0,009)	-
h_t^2	0,17 (0,03)	0,34 (0,03)	-
$r_{a,m}$	-0,40 (0,21)	0,20 (0,25)	-
c^2	0,37 (0,20)	-	-
e^2	0,46 (0,20)	0,65 (0,03)	0,65 (0,03)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

O ganho de peso no período pós-desmama não apresentou influencia materna. A herdabilidade direta observada (0,35) é superior a reportada Van Melis et al. (2003). Superior também a herdabilidade relatada na raça Nelore por Sarmiento et al. (2003) para o ganho de peso entre 12 e 18 meses (0,21), porém estes mesmo autores observaram herdabilidade de 0,42 para o ganho de peso entre a desmama e os 12 meses de idade. Em nenhum destes dois períodos os autores supracitados identificaram efeitos maternos.

6.1.5 Altura de garupa (ALT)

A Tabela 07 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para altura de garupa (ALT).

Tabela 07 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para altura de garupa (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 9.168).

Parâmetro / Modelo	1	2	3
Componentes de variância			
σ_a^2	3,34 (0,54)	3,35 (0,51)	3,32 (0,38)
σ_m^2	0,14 (0,09)	0,22 (0,12)	-
$\sigma_{a,m}$	-0,09 (0,18)	-0,12 (0,19)	-
σ_{ap}^2	4,19 (1,67)	-	-
σ_e^2	2,66 (1,63)	6,81 (0,33)	6,91 (0,31)
σ_f^2	10,15 (0,23)	10,14 (0,24)	10,27 (0,39)
Parâmetros genéticos			
h_a^2	0,33 (0,05)	0,33 (0,05)	0,32 (0,03)
h_m^2	0,01 (0,01)	0,02 (0,01)	-
h_t^2	0,32 (0,04)	0,32 (0,04)	-
$r_{a,m}$	-0,11 (0,27)	-0,12 (0,21)	-
c^2	0,41 (0,17)	-	-
e^2	0,26 (0,16)	0,67 (0,03)	0,68 (0,03)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

A altura de garupa mensurada ao sobreano não apresenta efeitos maternos. As estimativas de herdabilidade foram semelhantes entre todos os modelos utilizados

A estimativa de herdabilidade para altura de garupa foi de 0,33, valor inferior ao geralmente reportado por outros estudos como o de Yokoo et al. (2010) na raça Nelore (0,46) e o de Riley et al. (2002), em animais da raça Brahman (0,54), sendo neste último estudo a altura mensurada sobre a cernelha dos animais.

6.1.6 Perímetro Escrotal (PE)

A Tabela 08 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para perímetro escrotal (PE).

Tabela 08 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para perímetro escrotal (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 6.275).

Parâmetro / Modelo	1	2	3
Componentes de variância			
σ_a^2	1,44 (0,29)	1,50 (0,32)	1,80 (0,28)
σ_m^2	0,86 (0,20)	0,93 (0,24)	-
$\sigma_{a,m}$	-0,37 (0,22)	-0,45 (0,25)	-
σ_{ap}^2	2,10 (1,07)	-	-
σ_e^2	1,62 (1,08)	3,69 (0,23)	3,90 (0,24)
σ_f^2	5,29 (0,23)	5,21 (0,26)	5,70 (0,12)
Parâmetros genéticos			
h_a^2	0,27 (0,06)	0,29 (0,07)	0,31 (0,05)
h_m^2	0,16 (0,04)	0,18 (0,05)	-
h_t^2	0,25 (0,04)	0,25 (0,05)	-
$r_{a,m}$	-0,32 (0,15)	-0,37 (0,16)	-
c^2	0,40 (0,20)	-	-
e^2	0,31 (0,20)	0,71 (0,05)	0,69 (0,05)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

A característica de perímetro escrotal ao sobreano apresentou efeito materno relevante, fato que é pouco discutido na literatura, porém a partir dos resultados observados deve ser mais bem estudado.

Na raça Nelore, Eler et al. (1996) observaram para perímetro escrotal aos 550 dias herdabilidade de 0,52. Dias et al. (2003) em estudo para avaliar diferentes modelos para estimação de parâmetros genéticos para perímetro escrotal ao sobreano na raça Nelore observaram herdabilidade de 0,35 a 0,42 conforme o modelo utilizado.

6.1.7 Área de olho de lombo (AOL)

A Tabela 09 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para a área de olho de lombo (AOL).

Tabela 09 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para área de olho de lombo (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 5.527).

Parâmetro / Modelo	1	2	3
Componentes de variância			
σ_a^2	12,85 (2,86)	12,89 (2,74)	11,75 (2,06)
σ_m^2	3,76 (1,91)	4,65 (1,76)	-
$\sigma_{a,m}$	-3,70 (2,19)	-4,48 (1,98)	-
σ_{ap}^2	11,86 (6,97)	-	-
σ_e^2	13,32 (6,59)	24,99 (1,88)	26,19 (1,75)
σ_f^2	34,39 (2,15)	33,57 (1,94)	37,92 (0,82)
Parâmetros genéticos			
h_a^2	0,38 (0,09)	0,39 (0,09)	0,31 (0,05)
h_m^2	0,11 (0,06)	0,14 (0,06)	-
h_t^2	0,27 (0,06)	0,25 (0,05)	-
$r_{a,m}$	-0,50 (0,23)	-0,57 (0,14)	-
c^2	0,34 (0,20)	-	-
e^2	0,39 (0,20)	0,75 (0,06)	0,69 (0,05)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

Na revisão realizada por Utrera e Van Vleck (2004) para estimativas de herdabilidade para características de carcaça, estes observaram para herdabilidade de área de olho de lombo uma média de 0,41, quando ajustada para uma idade constante, sem detalhar se foram incluídos efeitos maternos ou não. Na revisão destes autores foram computados resultados de 36 trabalhos. Nesta característica observamos efeitos maternos, na literatura são escassos relatos de estimativas de herdabilidade materna para características de carcaça mensuradas por US.

6.1.8 Espessura de gordura subcutânea (EGS)

A Tabela 10 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para espessura de gordura subcutânea (EGS).

Tabela 10 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para espessura de gordura subcutânea (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 5.152).

Parâmetro / Modelo	1	2	3
Componentes de variância			
σ_a^2	0,16 (0,04)	0,16 (0,04)	0,16 (0,03)
σ_m^2	0,06 (0,02)	0,05 (0,03)	-
$\sigma_{a,m}$	-0,05 (0,03)	-0,04 (0,03)	-
σ_{ap}^2	0,28 (0,15)	-	-
σ_e^2	0,32 (0,15)	0,59 (0,03)	0,60 (0,03)
σ_f^2	0,71 (0,03)	0,72 (0,04)	0,76 (0,02)
Parâmetros genéticos			
h_a^2	0,22 (0,06)	0,22 (0,07)	0,21 (0,04)
h_m^2	0,08 (0,04)	0,07 (0,04)	-
h_t^2	0,15 (0,05)	0,17 (0,05)	-
$r_{a,m}$	-0,54 (0,19)	-0,39 (0,31)	-
c^2	0,40 (0,21)	-	-
e^2	0,45 (0,21)	0,82 (0,05)	0,79 (0,04)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

As estimativas de herdabilidade direta foram praticamente constantes, independente da inclusão ou não do efeito materno. A herdabilidade total foi de menor magnitude devido a influência da correlação entre os efeitos diretos e maternos, a qual foi negativa.

A herdabilidade média para espessura de gordura, ajustada para idade, foi relatada com valor de 0,39 na revisão de Utrera e Van Vleck (2004). Nesta revisão grande parte dos trabalhos incluídos se referem a raças taurinas em sistemas de alimentação distintos ao deste estudo. Em animais puros da raça Nelore Yokoo et al (2010) reportam herdabilidade de 0,50 para esta característica

Os efeitos maternos devem ser considerados nesta característica, maiores estudos sobre esses efeitos em outras raças e populações necessitam ser realizados.

6.1.9 Espessura de gordura na picanha (EGP)

A Tabela 11 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para espessura de gordura na picanha (EGP).

Tabela 11 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para espessura de gordura na picanha (desvio-padrão entre parênteses) segundo diferentes modelos matemáticos (N = 3.797).

Parâmetro / Modelo	1	2	3
Componentes de variância			
σ_a^2	1,08 (0,20)	1,06 (0,21)	1,00 (0,17)
σ_m^2	0,13 (0,08)	0,13 (0,06)	-
$\sigma_{a,m}$	-0,17 (0,12)	-0,15 (0,09)	-
σ_{ap}^2	0,63 (0,42)	-	-
σ_e^2	0,81 (0,44)	1,44 (0,15)	1,47 (0,14)
σ_f^2	2,31 (0,12)	2,33 (0,10)	2,47 (0,06)
Parâmetros genéticos			
h_a^2	0,47 (0,10)	0,46 (0,09)	0,41 (0,06)
h_m^2	0,06 (0,04)	0,05 (0,03)	-
h_t^2	0,39 (0,06)	0,39 (0,07)	-
$r_{a,m}$	-0,43 (0,22)	-0,39 (0,19)	-
c^2	0,27 (0,19)	-	-
e^2	0,35 (0,19)	0,62 (0,07)	0,59 (0,06)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

A herdabilidade observada para EGP é superior a observada para EGS. Em geral os animais apresentam maior quantidade de gordura neste local da carcaça, na idade em que foi realizada a mensuração, isto leva a uma maior variabilidade fenotípica. Nunca foi realizada seleção efetiva para gordura na carcaça, portanto, a variância genética é alta e permite que bons resultados sejam alcançados no melhoramento genético para EGP.

A mensuração da EGP é necessária e torna-se a melhor alternativa para seleção de animais com acabamento precoce de carcaça no sistema produtivo brasileiro. Na raça Nelore foram relatadas estimativas de herdabilidade para EGP variando entre 0,40 e 0,43 (YOKOO et al., 2008, 2009). Na raça Guzerá Lima Neto et al. (2009) observaram herdabilidade de 0,32.

6.1.10 Conformação (C)

A Tabela 12 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para conformação (C).

Tabela 12 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para conformação (desvio-padrão entre parênteses) segundo modelo linear e de limiar (L) (N = 10.823).

Modelo	1	2	3	1L	2L	3L
Componentes de variância						
σ_a^2	0,08 (0,02)	0,08 (0,01)	0,08 (0,01)	0,23 (0,08)	0,25 (0,09)	0,19 (0,06)
σ_m^2	0,005 (0,003)	0,003 (0,002)	-	0,01 (0,008)	0,01 (0,009)	-
$\sigma_{a,m}$	-0,003 (0,007)	-0,003 (0,005)	-	-0,01 (0,02)	-0,007 (0,02)	-
σ_{ap}^2	0,18 (0,08)	-	-	0,47 (0,28)	-	-
σ_e^2	0,17 (0,08)	0,35 (0,01)	0,35 (0,01)	0,36 (0,19)	0,90 (0,26)	0,74 (0,19)
σ_f^2	0,43 (0,009)	0,43 (0,008)	0,43 (0,007)	1,05 (0,28)	1,15 (0,34)	0,84 (0,28)
Parâmetros genéticos						
h_a^2	0,19 (0,04)	0,20 (0,03)	0,19 (0,03)	0,22 (0,05)	0,22 (0,05)	0,21 (0,03)
h_m^2	0,01 (0,007)	0,01 (0,005)	-	0,01 (0,006)	0,01 (0,01)	-
h_t^2	0,19 (0,03)	0,19 (0,03)	-	0,21 (0,03)	0,19 (0,03)	-
$r_{a,m}$	-0,09 (0,33)	-0,13 (0,32)	-	-0,21 (0,34)	-0,11 (0,34)	-
c^2	0,41 (0,19)	-	-	0,43 (0,19)	-	-
e^2	0,40 (0,19)	0,81 (0,03)	0,81 (0,03)	0,36 (0,19)	0,78 (0,03)	0,79 (0,03)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

Os parâmetros genéticos estimados foram semelhantes em todos os modelos estudados, analisando a característica de precocidade como característica contínua ou categórica. Não foram observados efeitos maternos relevantes.

Na literatura são encontrados trabalhos que analisaram estas características sob os dois enfoques, neste caso observamos que a estimação dos parâmetros genéticos pode ser realizada por ambos, mesma conclusão foi obtida por Faria et al. (2008).

Dentre os diversos métodos utilizados para a estimação dos parâmetros genéticos para os escores visuais, dentre eles REML, Bayesiano e método R todos os autores relataram herdabilidade para a característica de conformação variando entre 0,10 e 0,34 (ARAÚJO et al., 2008; CARDOSO et al., 2004; COSTA et al., 2008; ELER et al., 1996; FARIA et al., 2009; FORNI et al., 2007; KOURY FILHO et al., 2009; VAN MELIS et al., 2003; TORAL; ROSO, 2009).

6.1.11 Precocidade (P)

A Tabela 13 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para precocidade (P).

Pequena diferença foi observada nos parâmetros genéticos estimados através dos diversos modelos, herdabilidade direta de magnitude levemente superior foi encontrada quando estimada por modelo de limiar. Não foram observados efeitos maternos relevantes.

Para esta característica os relatos na literatura para herdabilidade direta encontram-se entre 0,13 e 0,29 (CARDOSO et al., 2004; ELER et al., 1996; FORNI et al., 2007; VAN MELIS et al., 2003, ARAÚJO et al., 2008; COSTA et al., 2008; TORAL; ROSO, 2009). Exceto o descrito por Koury Filho et al. (2009) citam herdabilidade de 0,63 para esta característica, o banco de dados destes autores era composto em sua maioria de novilhas expostas a reprodução num total de 1.357 observações.

Tabela 13 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para precocidade (desvio-padrão entre parênteses) segundo modelo linear e de limiar (L) (N = 10.823).

Modelo	1	2	3	1L	2L	3L
Componentes de variância						
σ_a^2	0,11 (0,02)	0,11 (0,02)	0,12 (0,01)	0,26 (0,07)	0,28 (0,09)	0,26 (0,06)
σ_m^2	0,007 (0,004)	0,005 (0,003)	-	0,01 (0,009)	0,01 (0,009)	-
$\sigma_{a,m}$	-0,001 (0,008)	0,001 (0,006)	-	-0,001 (0,02)	-0,001 (0,02)	-
σ_{ap}^2	0,21 (0,006)	-	-	0,39 (0,20)	-	-
σ_e^2	0,18 (0,09)	0,39 (0,01)	0,39 (0,01)	0,33 (0,15)	0,74 (0,19)	0,69 (0,15)
σ_f^2	0,51 (0,01)	0,51 (0,009)	0,51 (0,008)	0,99 (0,23)	1,03 (0,27)	0,86 (0,25)
Parâmetros genéticos						
h_a^2	0,22 (0,04)	0,22 (0,03)	0,23 (0,03)	0,26 (0,05)	0,27 (0,05)	0,27 (0,03)
h_m^2	0,01 (0,007)	0,01 (0,006)	-	0,01 (0,007)	0,01 (0,009)	-
h_t^2	0,23 (0,03)	0,23 (0,03)	-	0,27 (0,03)	0,27 (0,06)	-
$r_{a,m}$	0,04 (0,30)	0,07 (0,26)	-	0,02 (0,31)	0,01 (0,29)	-
c^2	0,41 (0,18)	-	-	0,38 (0,15)	-	-
e^2	0,36 (0,18)	0,76 (0,03)	0,77 (0,003)	0,34 (0,15)	0,72 (0,03)	0,73 (0,03)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

6.1.12 Musculosidade (M)

A Tabela 14 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para musculosidade (M).

Tabela 14 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para musculosidade (desvio-padrão entre parênteses) segundo modelo linear e de limiar (L) (N = 10.823).

Modelo	1	2	3	1L	2L	3L
Componentes de variância						
σ_a^2	0,11 (0,02)	0,11 (0,02)	0,10 (0,01)	0,28 (0,09)	0,32 (0,12)	0,28 (0,08)
σ_m^2	0,01 (0,006)	0,009 (0,005)	-	0,02 (0,02)	0,03 (0,02)	-
$\sigma_{a,m}$	-0,01 (0,01)	-0,009 (0,008)	-	-0,02 (0,03)	-0,03 (0,03)	-
σ_{ap}^2	0,20 (0,09)	-	-	0,02 (0,01)	-	-
σ_e^2	0,18 (0,09)	0,37 (0,01)	0,38 (0,01)	0,82 (0,23)	0,92 (0,26)	0,90 (0,25)
σ_f^2	0,47 (0,01)	0,47 (0,01)	0,48 (0,008)	1,18 (0,27)	1,22 (0,34)	1,05 (0,38)
Parâmetros genéticos						
h_a^2	0,23 (0,05)	0,23 (0,04)	0,21 (0,03)	0,25 (0,05)	0,26 (0,06)	0,24 (0,03)
h_m^2	0,02 (0,01)	0,02 (0,01)	-	0,02 (0,01)	0,03 (0,02)	-
h_t^2	0,21 (0,03)	0,21 (0,03)	-	0,24 (0,03)	0,24 (0,04)	-
$r_{a,m}$	-0,26 (0,24)	-0,25 (0,20)	-	-0,14 (0,27)	-0,25 (0,24)	-
c^2	0,42 (0,19)	-	-	0,40 (0,20)	-	-
e^2	0,37 (0,18)	0,79 (0,03)	0,79 (0,03)	0,36 (0,20)	0,75 (0,03)	0,76 (0,03)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

Para este escore assim como ocorreu para com o de precocidade os parâmetros genéticos observados foram um pouco superiores quando estimados como características categóricas. Dado que a diferença nas estimativas entre os modelos é muito pequena os escores de C, P e M podem ser estimados por modelos lineares, mesma conclusão foi reportada por Faria et al. (2008). Este procedimento facilita a convergência do modelo e permite que as análises sejam realizadas com maior rapidez demandando menor capacidade computacional.

A herdabilidade direta observada de 0,24 situa-se no intervalo observado na literatura de 0,12 a 0,33 (ARAÚJO et al., 2008; CARDOSO et al., 2004; COSTA et al., 2008; ELER et al., 1996; FARIA et al., 2009; FORNI et al., 2007; TORAL; ROSO, 2009; VAN MELIS et al., 2003), mais uma vez o trabalho de Koury Filho et al. (2009) relata uma herdabilidade de superior magnitude (0,48).

A herdabilidade materna observada foi de baixa magnitude ($<0,05$) nos escores visuais de C, P e M neste estudo. Poucos estudos estimaram estes efeitos nestas características, Forni et al. (2007) estimaram efeitos maternos e também observaram baixas magnitudes associadas a estes efeitos assim como Jorge Jr. (2002) que relatou estimativas de herdabilidade materna de 0,01, 0,01 e 0,03, para C, P, e M, respectivamente. No entanto, Barichello et al. (2010) constataram alto efeito materno no escore de conformação frigorífica em animais da raça Canchim.

As diferenças nas estimativas de herdabilidade entre os trabalhos segundo Cardoso et al. (2004) podem ser atribuídas a variações relacionadas aos avaliadores. Muitos programas conduzem a avaliação visual com três avaliadores simultaneamente, este fato além de despender um gasto extra com mão de obra é questionável pois muitas vezes as notas atribuídas por um dos avaliadores é seguida pelos demais evitando discordâncias entre eles. O número de escores na escala de avaliação varia conforme o programa, comumente entre 5 e 6 escores, no caso de uma escala com número ímpar de escores, temos uma nota central e assim uma tendência dos avaliadores atribuírem a nota mediana a muitos animais do mesmo grupo de contemporâneos.

Constatamos na literatura uma grande diversidade de conceitos relacionados ao que se está avaliando em cada escore, havendo divergências entre os autores, bem como diferentes nomes para escores semelhantes são utilizados e ainda a quantidade de escores de avaliação subjetiva avaliados variam conforme cada raça e seu respectivo programa de melhoramento.

O escore de precocidade por alguns autores é tido como a mensuração da quantidade de gordura na carcaça. Avaliado através da visualização pontos onde pode ser estimada a

deposição de gordura, no entanto outros autores consideram ainda o comprimento de costelas e até o desenvolvimento muscular, tornando-se nítido assim o conflito de conceitos e o desconhecimento de aspectos fisiológicos e de desenvolvimento dos animais.

A conformação muitas vezes é também denominada de estrutura. A estrutura física relatada por Faria et al. (2009) é uma avaliação da sustentação do animal, ou seja, os cascos, quanto à integridade e ao tamanho, ligamentos ou articulações quanto à firmeza e à largura dos ossos. Koury Filho et al. (2009) refere-se a estrutura corporal como sendo o escore que procura predizer visualmente a área que representa o animal visto de lado, avaliando-se basicamente o comprimento corporal e a profundidade de costelas. Cucco et al. (2010) define altura e ossatura como características componentes da estrutura corporal do animal. Como visto a estrutura do animal recebe vários conceitos.

A avaliação do escore visual para musculatura é a mais simples de ser realizada, pois basta avaliar o desenvolvimento muscular total dos animais. Devido a isso geralmente os melhores resultados de correlação com características de carcaça medidas por ultrassom são obtidas por este escore.

Diversos trabalhos estudaram os efeitos que influenciam a estimação de parâmetros genéticos para escores visuais, denotando como mais importantes os efeitos de idade do animal no momento da mensuração, sendo que animais mais velhos geralmente recebem as maiores notas, o peso do animal, a classe de idade da mãe ao parto, e a data juliana de nascimento (BARROZO et al., 2009; CARDOSO et al., 2001, 2004; JORGE JR. et al., 2001, 2004; KIPPERT et al., 2006; QUEIROZ et al., 2009 entre outros). Forni et al. (2007) concluíram que as características conformação, precocidade e musculatura sofrem grande influência do ambiente.

No sistema de avaliação de escores visuais as notas são atribuídas ao animal em relação ao seu grupo de contemporâneos (KIPPERT et al., 2006), para que haja uma distribuição de todas as notas. Porém para o escore de precocidade de acabamento em muitos casos pode ocorrer que grande parte do grupo de contemporâneos não apresente gordura subcutânea, mas estes animais não irão receber a nota mínima e sim uma distribuição de todas as notas possíveis dentro do grupo de contemporâneos. O sistema Ankony original é baseado em uma escala absoluta de 1 a 10, porém Fries (1996) salienta que esta escala tende a concentrar os valores na faixa considerada superior. É notório que muitos animais não possuem gordura no momento da avaliação visual portanto a escala absoluta pode ser uma alternativa neste caso. Conforme discussão acima, pode-se sugerir que os escores visuais de C, P e M não estão sendo corretamente usados e avaliados.

6.1.13 Umbigo (UMB)

A Tabela 15 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para escore visual de umbigo (UMB).

Tabela 15 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para escore de umbigo (desvio-padrão entre parênteses) segundo modelo linear e de limiar (L) (N = 6.228).

Modelo	1	2	3	1L	2L	3L
Componentes de variância						
σ_a^2	0,11 (0,02)	0,11 (0,03)	0,12 (0,02)	0,11 (0,02)	0,12 (0,02)	0,12 (0,01)
σ_m^2	0,02 (0,008)	0,02 (0,009)	-	0,02 (0,008)	0,02 (0,009)	-
$\sigma_{a,m}$	-0,004 (0,01)	-0,004 (0,02)	-	-0,003 (0,01)	-0,004 (0,01)	-
σ_{ap}^2	0,12 (0,07)	-	-	0,12 (0,05)	-	-
σ_e^2	0,17 (0,07)	0,29 (0,02)	0,30 (0,01)	0,09 (0,05)	0,21 (0,02)	0,21 (0,01)
σ_f^2	0,42 (0,01)	0,42 (0,01)	0,42 (0,009)	0,33 (0,02)	0,33 (0,01)	0,33 (0,01)
Parâmetros genéticos						
h_a^2	0,27 (0,06)	0,27 (0,06)	0,28 (0,04)	0,33 (0,07)	0,35 (0,07)	0,36 (0,05)
h_m^2	0,04 (0,02)	0,04 (0,02)	-	0,06 (0,02)	0,05 (0,03)	-
h_t^2	0,27 (0,04)	0,28 (0,04)	-	0,34 (0,05)	0,36 (0,05)	-
$r_{a,m}$	-0,07 (0,22)	-0,06 (0,24)	-	-0,06 (0,21)	-0,05 (0,25)	-
c^2	0,29 (0,18)	-	-	0,36 (0,16)	-	-
e^2	0,42 (0,17)	0,71 (0,04)	0,71 (0,04)	0,28 (0,16)	0,63 (0,04)	0,64 (0,05)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

As variâncias aditiva, materna, e de ambiente permanente foram praticamente iguais entre todos os modelos em estudo, apesar disso foram observados coeficientes de herdabilidade de superior magnitude nas análises por modelos de limiar. Isso possivelmente ocorreu devido a um melhor ajuste dos efeitos ambientais pelo modelo limiar.

Os resultados observados para herdabilidade direta através de modelos de limiar foram superiores aos descritos na literatura (ARAÚJO et al., 2008; BARICHELO et al., 2010; KOURY FILHO et al., 2003; KRIESE et al., 1991; VIU et al., 2002). Estes estudos analisaram esta característica como contínua e não como categórica. Os resultados se assemelham aos obtidos por Lagos e Fitzhugh Jr. (1970), porém neste trabalho os autores realizaram a estimação por modelos matemáticos mais simples em um pequeno banco de dados. A influência materna nesta característica também foi constatada por Kriese et al. (1991) e Barichello et al. (2010).

6.1.14 Ossatura (OSS)

A Tabela 16 apresenta os componentes de variância e parâmetros genéticos para ossatura (OSS).

As estimativas de herdabilidade tanto diretas como maternas tiveram suas magnitudes amplificadas com a análise a partir de modelos de limiar. São escassas as informações sobre parâmetros genéticos para ossatura, e sua relação com características de carcaça. Ribeiro et al. (2004) reportaram herdabilidade direta de 0,20 analisada por modelo linear, e recomendaram que a característica fosse melhor estudada devido a sua natureza categórica e subjetiva. Um escore visual denominado estrutura física, que se assemelha ao escore de ossatura reportado neste trabalho foi estudado por Faria et al. (2009) os autores relataram herdabilidade de 0,27 para este escore analisado aos 22 meses por modelo de limiar.

Diferentemente do que ocorre com as características categóricas de C, P e M o escore de umbigo e ossatura necessitam ser avaliados por modelos de limiar para a obtenção dos melhores resultados, pois são características com pequena escala de escores e menor quantidade de dados, consequentemente análises por modelo de limiar apresentam-se mais adequadas.

Tabela 16 - Componentes de variância e parâmetros genéticos para ossatura (desvio-padrão entre parênteses) segundo modelo linear e de limiar (L) (N = 5.544).

Modelo	1	2	3	1L	2L	3L
Componentes de variância						
σ_a^2	0,04 (0,01)	0,04 (0,01)	0,03 (0,007)	0,07 (0,02)	0,07 (0,02)	0,05 (0,01)
σ_m^2	0,01 (0,006)	0,01 (0,005)	-	0,02 (0,009)	0,02 (0,008)	-
$\sigma_{a,m}$	-0,01 (0,006)	-0,01 (0,006)	-	-0,02 (0,01)	-0,02 (0,01)	-
σ_{ap}^2	0,08 (0,05)	-	-	0,05 (0,03)	-	-
σ_e^2	0,12 (0,05)	0,20 (0,009)	0,20 (0,007)	0,08 (0,03)	0,13 (0,01)	0,14 (0,01)
σ_f^2	0,23 (0,007)	0,23 (0,007)	0,24 (0,005)	0,17 (0,01)	0,18 (0,01)	0,19 (0,008)
Parâmetros genéticos						
h_a^2	0,18 (0,05)	0,18 (0,05)	0,14 (0,03)	0,41 (0,11)	0,37 (0,10)	0,25 (0,06)
h_m^2	0,05 (0,03)	0,06 (0,02)	-	0,10 (0,06)	0,10 (0,05)	-
h_t^2	0,13 (0,04)	0,13 (0,04)	-	0,27 (0,07)	0,26 (0,06)	-
$r_{a,m}$	-0,53 (0,18)	-0,52 (0,17)	-	-0,60 (0,17)	-0,56 (0,19)	-
c^2	0,33 (0,21)	-	-	0,27 (0,17)	-	-
e^2	0,54 (0,22)	0,87 (0,03)	0,86 (0,03)	0,48 (0,16)	0,75 (0,06)	0,75 (0,06)

N= número de dados; σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; $\sigma_{a,m}$ = Covariância aditiva, materna; σ_{ap}^2 = Variância de ambiente permanente; σ_e^2 = Variância residual; σ_f^2 = Variância fenotípica; h_a^2 = Herdabilidade do efeito aditivo direto; h_m^2 = Herdabilidade do efeito aditivo materno; h_t^2 = Herdabilidade total; $r_{a,m}$ = Correlação genética entre efeito aditivo direto e materno; c^2 = Proporção da variância de ambiente permanente sobre a variância fenotípica; e^2 = Proporção da variância ambiental sobre a variância fenotípica.

6.1.15 Modelos matemáticos utilizados

Em características onde o efeito materno encontrado foi inferior a 0,05 pode-se utilizar o modelo matemático mais simples, o qual contempla apenas o efeito genético direto. Nestes casos não houve aumento importante da variância genética direta bem como da estimativa da herdabilidade direta quando comparado aos modelos mais complexos.

Foram observados componentes de variância semelhantes entre o primeiro e segundo modelos avaliados tanto nas características contínuas como nas categóricas. Em todas as características estudadas, no segundo modelo onde o efeito de ambiente permanente foi excluído toda a variância atribuída a este componente migrou para a variância residual. Os parâmetros genéticos estimados foram semelhantes para o primeiro e segundo modelo, a variância genética foi praticamente a mesma nestes dois modelos.

Nas características em que foi observada herdabilidade materna ($>0,05$) preconiza-se a utilização do segundo modelo estudado, o qual inclui efeito materno mas não considera o efeito de ambiente permanente. Esta indicação baseia-se no fato do baixo número de matrizes que tiveram mais de uma cria, ou seja, dois ou mais filhos no banco de dados avaliado ($<20\%$), reduzindo assim a capacidade de predizer com eficiência este componente.

A importância deste parâmetro baseia-se na possibilidade de poder estimar quanto da variância fenotípica é representada por efeitos de ambiente permanente materno (c^2). Eler et al. (1995) define ambiente permanente materno como um efeito da vaca, relacionado a capacidade uterina, nível nutricional no final da gestação e comportamento maternal. Este componente pode ainda ser afetado, principalmente em ambientes tropicais, por doenças e lesões no úbere das vacas (ELER et al, 1995). Dado a importância relativa deste parâmetro a sua exclusão não ocasionará problemas na estimação dos parâmetros genéticos.

Maniatis e Pollott (2003) estudaram a influência da estrutura dos bancos de dados na estimação de componentes de variância. Estes autores observaram que a magnitude da correlação aditivo-materna negativa diminuía conforme aumentava o número de dados de mães com registros próprios de produção e com maior número de filhos. Eles concluíram que a causa primária da correlação aditiva materna negativa seria a utilização de bancos de dados com limitações. Gerstmayr (1992) também estudando a influência da estrutura dos bancos de dados sugeriu que a confiabilidade dos parâmetros estimados pode ser afetada quando uma grande proporção das fêmeas não possuem seu próprio registro de produção e possuem poucas progênies.

As características em que as estimativas de herdabilidade foram baixas, a seleção baseada em testes de progênie e nas informações de parentes pode proporcionar ganhos genéticos superiores aqueles obtidos com a seleção massal. Nestes casos a seleção assistida por marcadores moleculares pode ser de grande valia.

Para as análises de correlação genética com as características de carcaça medidas por US foram utilizados os modelos que incluíram apenas o efeito genético aditivo direto, exceto nas características que apresentaram herdabilidade materna acima de 0,05. Nestes casos utilizou-se o segundo modelo. Para as características de escore de umbigo e ossatura usou-se o modelo linear-limiar.

6.2 Correlações genéticas e fenotípicas entre as características mensuradas por ultrassonografia e as demais características produtivas

6.2.1 Correlações entre as características mensuradas por ultrassom

A Tabela 17 contém as correlações genéticas e fenotípicas entre as três características de carcaça mensuradas por ultrassonografia.

Tabela 17 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom.

Característica	AOL	EGS	EGP
AOL	-	-0,18 (0,16)	-0,16 (0,13)
EGS	0,22	-	0,53 (0,11)
EGP	-0,04	0,63	-

AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; EGP = espessura de gordura na picanha; Acima da diagonal a correlação genética com desvio-padrão; Abaixo da diagonal correlação fenotípica

Observou-se baixas correlações genéticas e fenotípicas entre a área de olho de lombo com a espessura de gordura subcutânea no lombo (EGS) e na picanha (EGP), sendo que a correlação genética entre AOL e EGS ou EGP foi negativa e de semelhante magnitude. Este

resultado mostra uma fraca associação entre a quantidade de carne e gordura dos animais em estudo.

A gordura mensurada por US tanto sobre o lombo (EGS) quanto sobre a picanha (EGP) estão positivamente correlacionadas tanto genética (0,53) como fenotipicamente (0,63).

Na raça Nelore Yokoo et al. (2008) descreveram que as correlações genéticas entre AOL com EGS e EGP são baixas, 0,06 e -0,04, respectivamente, indicando que estas sejam determinadas por grupos distintos de genes (efeitos aditivos) e que a seleção para AOL não prejudica o ganho genético para EGS e EGP. Já a EGS e EGP, medidas por US, parecem ser determinadas pelo mesmo grupo de genes.

6.2.2 Correlações entre as características mensuradas por ultrassonografia e características de desenvolvimento ponderal

A Tabela 18 contém as correlações genéticas e fenotípicas entre as três características de carcaça mensuradas por ultrassonografia e as características de desenvolvimento ponderal, sendo elas os pesos em diferentes idades e o ganho de peso da desmama ao sobreano.

Tabela 18 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom e as características de desenvolvimento como pesos e ganho de peso.

Característica	AOL (r^2_g (DP) ; r^2_f)	EGS (r^2_g (DP) ; r^2_f)	EGP (r^2_g (DP) ; r^2_f)
PN	0,01 (0,10) ; -0,01	-0,19 (0,11) ; 0,01	-0,12 (0,09) ; 0,03
PD	0,22 (0,09) ; 0,02	-0,06 (0,11) ; 0,04	0,10 (0,09) ; 0,11
PSOB	0,14 (0,09) ; 0,17	-0,05 (0,11) ; 0,26	0,05 (0,10) ; 0,27
GPSOB	-0,08 (0,12) ; 0,14	-0,08 (0,13) ; 0,19	0,22 (0,11) ; 0,21

AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; EGP = espessura de gordura na picanha; DP = desvio padrão; r^2_g = correlação genética; r^2_f = correlação fenotípica. PN = peso ao nascimento ; PD = peso a desmama; P18 = peso ao sobreano; GPSOB = ganho de peso da desmama ao sobreano.

O peso ao nascimento apresenta pouca relação com a área de olho de lombo medida por volta dos 20 meses de idade. Porém, pode-se notar que apresenta uma correlação negativa entre a gordura presente na idade adulta com o peso ao nascimento. Portanto animais com maior gordura quando adultos possuem peso ao nascimento menor. Desta forma a seleção para maior quantidade de gordura levaria a animais com peso ao nascimento menor, não apresentando problemas ao parto.

A Seleção para peso ao desmame e ao sobreano tende a selecionar animais que apresentarão maior área de olho de lombo em idades futuras. No entanto, esta seleção não apresenta relação importante com a quantidade gordura que os animais apresentaram posteriormente, apresentando uma leve tendência negativa para EGS e positiva para EGP.

Correlações próximas a zero foram observadas entre AOL e EGS com o GPSOB. Correlação positiva, porém de baixa magnitude foi encontrada entre GPSOB e EGP, indicando que animais que ganham mais peso no período pós desmama tendem a acumular mais gordura no posterior.

Em geral as baixas correlações observadas, todas menores que 0,30, demonstram que a seleção para peso não promoverá melhorias nas características de carcaça através de seleção indireta. Contudo, foram observadas correlações positivas e de moderada magnitude entre pesos em diferentes idade e AOL em uma população da raça Nelore (YOKOO et al., 2010). Neste mesmo estudo os autores observaram correlações próximas a zero entre os pesos e a gordura subcutânea.

Correlações genéticas positivas entre AOL com PD e GPSOB foram observadas no trabalho realizado por Figueiredo (2001), este mesmo autor observou correlações positivas das características de desempenho com EGS, concluindo que animais selecionados por estas características apresentariam ganhos positivos em gordura de cobertura na carcaça.

6.2.3 Correlações entre as características mensuradas por ultrassonografia e características de estrutura corporal

A Tabela 19 contém as correlações genéticas e fenotípicas entre as três características de carcaça mensuradas por ultrassonografia e características de estrutura do animal, como a altura e ossatura.

Tabela 19 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom e a altura e ossatura dos animais.

Característica	AOL	EGS	EGP
	(r^2_g (DP) ; r^2_f)	(r^2_g (DP) ; r^2_f)	(r^2_g (DP) ; r^2_f)
ALT	-0,02 (0,11) ; 0,20	-0,13 (0,12) ; 0,49	-0,11 (0,10) ; 0,35
OSS	0,15 (0,16) ; 0,09	-0,07 (0,18) ; 0,22	0,19 (0,14) ; -0,04

AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; EGP = espessura de gordura na picanha; DP = desvio padrão; r^2_g = correlação genética; r^2_f = correlação fenotípica; ALT = altura; OSS = ossatura.

Pode-se observar que a seleção de animais para maior AOL pouco influenciará na altura dos mesmos. Resultados semelhantes foram reportados por Yokoo et al. (2010), Waldner et al. (1992), Riley et al. (2002), que obtiveram estimativas de correlações genéticas entre estas características abaixo de 0,10.

Pequena redução na altura ocorrerá se forem selecionados animais para uma maior deposição de gordura, concordando com os resultados obtidos por Waldner et al. (1992) e Riley et al. (2002) que observaram correlação de -0,07 e -0,13, respectivamente. Entretanto, Yokoo et al. (2010) estimaram uma correlação genética negativa de maior magnitude entre estas características, sendo de -0,32 entre altura e EGS e -0,41 entre altura e EGP. Apesar das correlações genéticas de baixa magnitude entre a altura e as características de carcaça todas foram negativas, assim a seleção de animais com características de carcaça favoráveis tende a reduzir a altura dos animais.

Faria et al. (2009) estudaram a correlação genética entre AOL, EGS e EGP com um escore visual denominado estrutura física, que se assemelha ao escore de ossatura reportado neste estudo. Estes autores observaram uma alta correlação entre AOL e estrutura física (0,91), valor este muito superior ao observado de 0,15. Correlação genética negativa e de pequena magnitude foi obtida entre EGS e ossatura (-0,07), também inferior ao reportado por Faria et al. (2009) de 0,45. Foi observada correlação genética de 0,19 entre EGP e ossatura. Para essa correlação Faria et al. (2009) reportaram valor próximo a zero (0,02).

Os resultados observados indicam que a seleção de animais com ossatura pesada tem uma resposta correlacionada aumentando a AOL e EGP, e diminuindo levemente a EGS. Dado que o osso e o músculo possuem a mesma origem na camada embrionária, o mesoderma (ODDY et al., 2001), espera-se que haja uma correlação genética positiva entre essas

características. A avaliação visual da ossatura, como toda característica subjetiva pode estar sujeita a erros, e isto pode ter originado a baixa magnitude da correlação observada. A seleção para maior AOL pode ocasionar indiretamente o aumento da ossatura, e isso requer mais estudos para avaliar o impacto econômico desta seleção, objetivando estudar principalmente o rendimento de carne desossada.

A seleção objetivando o melhoramento de características de carcaça influenciará levemente a altura e ossatura dos animais, originando animais um pouco mais baixos e com uma ossatura mais robusta.

6.2.4 Correlações entre as características mensuradas por ultrassonografia e perímetro escrotal

A Tabela 20 contém as correlações genéticas e fenotípicas entre as três características de carcaça mensuradas por ultrassonografia e perímetro escrotal.

Tabela 20 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom e perímetro escrotal.

Característica	AOL (r^2_g (DP) ; r^2_f)	EGS (r^2_g (DP) ; r^2_f)	EGP (r^2_g (DP) ; r^2_f)
PE	-0,10 (0,13) ; 0,09	-0,18 (0,14) ; 0,21	-0,21 (0,12) ; 0,15

AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; EGP = espessura de gordura na picanha; DP = desvio padrão; r^2_g = correlação genética; r^2_f = correlação fenotípica; PE = perímetro escrotal.

O perímetro escrotal apresentou correlações genéticas de baixa magnitude com as características de carcaça, entretanto todas negativas, principalmente com gordura. Portanto, a seleção de animais para maior quantidade de gordura ocasionará pequena redução no perímetro escrotal.

As correlações fenotípicas foram positivas e de baixa magnitude, indicando que o perímetro escrotal maior no momento da medida é pouco associado a quantidade de gordura na carcaça.

Johnson et al. (1993) encontraram resultados semelhantes em animais da raça Brangus para correlações entre PE e características de carcaça medidas por US.

Apesar da baixa magnitude observada das correlações a seleção para perímetro escrotal poderá prejudicar as características de carcaça.

6.2.5 Correlações entre as características mensuradas por ultrassonografia e escores visuais de C, P e M

A Tabela 21 contém as correlações genéticas e fenotípicas entre as três características de carcaça mensuradas por ultrassonografia e os escores visuais de conformação, precocidade e musculabilidade.

Tabela 21 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom e os escores visuais de C, P e M.

Característica	AOL	EGS	EGP
	(r^2_g (DP) ; r^2_f)	(r^2_g (DP) ; r^2_f)	(r^2_g (DP) ; r^2_f)
C	-0,01 (0,12) ; -0,36	-0,04 (0,13) ; -0,03	0,02 (0,11) ; 0,19
P	0,27 (0,10) ; -0,26	0,07 (0,12) ; 0,11	0,10 (0,10) ; 0,28
M	0,37 (0,10) ; -0,30	0,08 (0,13) ; 0,04	0,09 (0,10) ; 0,24

AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; EGP = espessura de gordura na picanha; r^2_g = correlação genética; DP = desvio padrão; r^2_f = correlação fenotípica; C = conformação; P = precocidade; M = musculabilidade.

O escore visual para conformação apresentou correlações genéticas próximas a zero com as características mensuradas por ultrassonografia. Portanto este escore não promoverá melhorias nas características de carcaça medidas por US desta população.

O escore de precocidade apresentou uma correlação genética de maior magnitude com AOL do que com as medidas de gordura, demonstrando que possivelmente a seleção dos animais para este escore está selecionando animais com maiores AOL do que quantidade de gordura. Uma vez que o intuito da seleção para precocidade seria um acabamento precoce de carcaça, pode-se afirmar que esse escore está sendo ineficiente nesse sentido.

A musculatura avaliada visualmente apresentou a maior correlação genética com a AOL, fato este já esperado. Apesar dessa correlação não ser de grande magnitude a seleção poderá selecionar indiretamente animais com maior AOL. O referido escore apresenta baixa relação com gordura na carcaça, não interferindo nessas características (EGS, EGP).

Assim como as correlações genéticas as correlações fenotípicas foram de baixa magnitude ($<0,40$). Todos os escores apresentaram correlação fenotípica negativa com a AOL e positivas com EGP, e ainda próximas a zero para EGS.

Em trabalho semelhante desenvolvido por Toral e Roso (2009) em animais da raça Hereford, também foram observadas correlações genéticas de baixa magnitude ($<0,40$) entre os escores visuais com AOL e EGS. Entretanto Faria et al. (2009) e Yokoo et al. (2009) observaram correlações de maior magnitude principalmente entre precocidade e musculatura e as características de US (entre 0,38 e 0,91), e citam que a utilização de qualquer escore visual por eles analisado poderá resultar em animais com maior AOL.

Estes escores visuais utilizados isoladamente não são eficientes na seleção para características de carcaça. É necessária uma readequação dos critérios de avaliação do escore visual de precocidade para permitir a real diferenciação de animais quanto à quantidade de gordura na carcaça.

Se o objetivo de seleção real for quantidade de carne e deposição de gordura na carcaça. Os escores de conformação e precocidade não apresentaram correlações genéticas que suportem seu uso como características indicadoras de capacidade de produção de carne e deposição de gordura.

O escore visual de musculatura foi o que apresentou maior correlação genética com a AOL, no entanto, devido a grande variabilidade de AOL observada dentro de cada classe de musculosidade (Figura 6), pode-se afirmar que essa característica não é adequada para detectar as diferenças de musculosidade, conforme atualmente proposta. Assim, é necessária a utilização da ultrassonografia para a maior eficiência do processo de seleção.

Figura 6 - Dispersão dos dados fenotípicos de área de olho de lombo para cada classe do escore de musculatura

Esta dispersão dos dados fenotípicos dentro de cada classe, tanto de AOL como de EGS e EGP foi observada para todos os escores de C, P e M, demonstrando que os escores visuais não estão classificando corretamente os animais.

6.2.6 Correlações entre as características mensuradas por ultrassonografia e o escore visual de comprimento de umbigo

A Tabela 22 contém as correlações genéticas e fenotípicas entre as três características de carcaça mensuradas por ultrassonografia e o escore para tamanho de umbigo.

Tabela 22 - Correlações entre características mensuradas por ultrassom e o escore visual para comprimento de umbigo.

Característica	AOL (r^2_g (DP) ; r^2_f)	EGS (r^2_g (DP) ; r^2_f)	EGP (r^2_g (DP) ; r^2_f)
UMB	0,17 (0,11) ; 0,11	-0,06 (0,14) ; -0,12	-0,10 (0,11) ; -0,07

AOL = área de olho de lombo; EGS = espessura de gordura subcutânea; EGP = espessura de gordura na picanha; DP = desvio padrão; r^2_g = correlação genética; r^2_f = correlação fenotípica; UMB = escore de umbigo.

Foram observadas baixas correlações entre o escore para tamanho de umbigo e as características de carcaça estudadas. As correlações genéticas e fenotípicas seguiram o mesmo comportamento, sendo positivo o relacionamento entre tamanho do umbigo e área de olho de lombo e negativo entre o tamanho do umbigo e as medidas de gordura (EGS e EGP). Koury Filho et al. (2003) concluíram que a seleção para diminuição do comprimento do umbigo parece não interferir de maneira relevante no desempenho ponderal dos animais. Não foram encontrados relatos de correlações entre características de carcaça e comprimento de umbigo. Podemos concluir que a seleção para melhoria da carcaça bovina não influenciará fortemente o comprimento de umbigo dos animais

Dada as baixas magnitudes das correlações observadas entre as características de carcaça medidas por ultrassonografia com as demais características produtivas, torna-se oportuno a realização rotineira das medidas de ultrassom. Não pode ser esperada uma eficiente resposta correlacionada na melhoria da carcaça dos animais pela seleção das características tradicionalmente mensuradas.

6.3 Estudo de associação dos marcadores moleculares às características produtivas

Os 13 marcadores que foram utilizados neste estudo estão apresentados na Tabela 23.

Tabela 23 - Descritiva do painel de marcadores moleculares (SNP) utilizado.

SNP	Número de dados	Frequência		Homozigoto 1		Heterozigoto		Homozigoto 2	
		Alelo 1	Alelo 2	Número	(Freq.)	Número	(Freq.)	Número	(Freq.)
1	3725	0,7460	0,2540	2078	(0,5579)	1402	(0,3764)	245	(0,0658)
2 *	3753	0,8256	0,1744	2534	(0,6752)	1129	(0,3008)	90	(0,0240)
3	1366	0,6585	0,3415	600	(0,4392)	599	(0,4385)	167	(0,1223)
4	1417	0,5261	0,4739	381	(0,2689)	729	(0,5145)	307	(0,2167)
5	1402	0,5974	0,4026	498	(0,3552)	679	(0,4843)	225	(0,1605)
6	3602	0,8355	0,1645	2512	(0,6974)	995	(0,2762)	95	(0,0264)
7	3715	0,8063	0,1937	2405	(0,6474)	1181	(0,3179)	129	(0,0347)
8	3750	0,8060	0,1940	2431	(0,6483)	1183	(0,3155)	136	(0,0363)
9	3655	0,8932	0,1068	2918	(0,7984)	693	(0,1896)	44	(0,0120)
10 *	3693	0,8798	0,1202	2870	(0,7790)	744	(0,2015)	72	(0,0195)
11 *	3445	0,6409	0,3591	1546	(0,4488)	1324	(0,3843)	575	(0,1669)
12	3609	0,7754	0,2246	2163	(0,5993)	1271	(0,3522)	175	(0,0485)
13	3636	0,6145	0,3855	1366	(0,3757)	1737	(0,4777)	533	(0,1466)

Freq.= Frequência; * = marcadores que não estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg ($P \leq 0,01$)

Os resultados a seguir estão apresentados em termos de média e desvio padrão *a posteriori*. O efeito do marcador é indicado pela probabilidade *a posteriori* (P) acima ou abaixo de zero para o efeito aditivo e dominante, sendo de 5 % (*), 1 % (**) e 0,1 % (***). Devido ao desbalanceamento dos dados frequentemente observado em estudos com marcadores moleculares foram considerados efeitos sugestivos para $0,05 < P \leq 0,10$ (†).

Em caso de valores médios positivos, estes são favoráveis ao alelo 1, considerado o alelo de maior frequência, se negativo são favoráveis ao alelo 2 (menor frequência). O efeito de sobredominância pode ser constatado quando a média observada para o efeito dominante é superior a média observada para o efeito aditivo. Adiante são denominados relevantes os

marcadores com probabilidades *a posteriori* (P) entre 0,01 e 0,05 (*) e altamente relevantes quando $P < 0,01$.

6.3.1 Associação dos marcadores com o peso a desmama (PD)

A Tabela 24 contém o resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o peso a desmama (PD) nos cinco métodos propostos. Para o primeiro método de análise não foi observado nenhum marcador relevante ($P < 0,05$). Foram encontrados alguns marcadores com probabilidades *a posteriori* acima ou abaixo de zero entre 91,63 e 94,80%. O marcador 1 apresentou um valor médio superior aos demais marcadores, sendo este associado ao efeito de sobredominância para o alelo 1, com 93,22% de probabilidade. Efeitos de aditividade e sobredominância a favor do alelo 1 foram observados para o marcador 2, $P=0,0590$ e $P=0,0656$, respectivamente. Probabilidade de 92,78% foi observada para o efeito aditivo (alelo 2) do marcador 7. Também foi observado efeito aditivo do alelo 2 no marcador 8 ($P=0,0520$), e no marcador 13 ($P=0,0837$). No marcador 9 foi observado efeito de sobredominância para o alelo 2 ($P=0,0761$).

O marcador 4 apresentou alta relevância, através do efeito de sobredominância ($P=0,0079$) quando analisado pelo segundo método. Outros três marcadores (2, 3 e 13) demonstraram probabilidades entre 90,15 e 94,89%. Efeitos aditivo e de sobredominância foram observados para o marcador 2 em favor do alelo 1, $P=0,0511$ e $P=0,0601$, respectivamente. O efeito de sobredominância (alelo 1) foi observado para o marcador 3 ($P=0,0926$). Efeito aditivo a favor do alelo 2 foi observado para o marcador 13 ($P=0,0985$).

A análise individual de cada marcador utilizando todo o parentesco com dados produtivos (método 3) resultou em dois marcadores (3 e 4) altamente relevantes ($P < 0,01$). Três marcadores (1, 2 e 5) apresentaram probabilidades entre 95,2 e 97,97%. Por fim, três marcadores (7, 8 e 13) com probabilidade consideradas sugestivas entre 90,6 e 93,9%. O efeito de sobredominância prevaleceu nos marcadores altamente relevantes, para o marcador 3 igual a $P=0,0078$ e $P=0,0005$ para o marcador 4, neste último marcador o efeito aditivo apresentou probabilidade de 92,31%. Todos os efeitos dos marcadores 3 e 4 a favor do alelo 1. Assim como os marcadores altamente relevantes os marcadores 1, 2 e 5 também apresentaram efeitos de sobredominância a favor do alelo 1, com probabilidades de 96,60% (marcador 1), 95,20% (marcador 2) e 97,97% (marcador 5). Observou-se ainda efeitos de

aditividade no marcador 7 e 13, $P=0,0750$ e $P=0,0615$, respectivamente. Novamente constatou-se efeito de sobredominância no marcador 8 ($P=0,0936$).

Por meio do quarto método foram estudados quatro marcadores com efeitos sugestivos e relevantes no método 2. Apenas o marcador 4 mostrou-se altamente relevante ($P=0,0083$), com efeito de sobredominância para o alelo 1. Efeito de sobredominância foi observado para o marcador 2 ($P=0,0746$), em favor do alelo 1. Para o marcador 13 foi encontrado efeito aditivo ($P=0,0632$) a favor do alelo 2.

Um total de oito marcadores foram estudados pelo quinto método. Novamente apenas o marcador 4 apresentou probabilidade acima de 99% ($P=0,0056$), para o efeito de sobredominância em favor do alelo 1. Os demais marcadores apresentaram probabilidades entre 90,36 a 94,71%, exceto os marcadores 5 e 8, cujas probabilidades foram abaixo de 90%. Efeitos de sobredominância foram observados para o marcador 1 ($P=0,0861$), marcador 2 ($P=0,066$) e marcador 3 ($P=0,078$), o marcador 2 ainda apresentou efeito aditivo ($p=0,0639$), todos estes efeitos em favor do alelo 1. Efeitos aditivos em favor do alelo 2 foram observados para o marcador 7 ($P=0,0964$) e marcador 13 ($P=0,0877$).

Para peso o desmama grande parte dos marcadores com probabilidade acima de 90% apresentou efeitos de sobredominância. Alta relevância foi observada para o marcador 4, também com efeito de sobredominância, em todos os métodos que consideravam todo o parentesco com dados produtivos ($P<0,01$). Este marcador possui um número inferior de animais genotipados comparado aos demais marcadores relevantes para PD, isto pode ser uma das causas que impossibilitaram a identificação da associação deste marcador através do primeiro método. O marcador 2 apresentou probabilidades entre 92,54 e 95,20% para o efeito de sobredominância em todos os cinco métodos estudados. Tanto o marcador 4 como o número 2 apresentaram seus efeitos de associação para o alelo 1. Efeito aditivo foi observado para o marcador 7 em três métodos estudados, com probabilidade variando de 90,36 a 92,50%. Assim como o marcador 7 o marcador 13 apresentou efeito aditivo, porém em todos os métodos estudados, com probabilidade entre 90,2 a 93,9%. Ambos marcadores com efeito a favor do alelo 2.

A partir dos resultados observados recomenda-se a utilização do marcador 4 para a seleção da característica de peso a desmama na população avaliada.

Tabela 24 - Resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o peso a desmama (PD) nos cinco métodos propostos.

Método		1		2		3		4		5	
Marcador		Média (σ)	P	Média (σ)	P	Média (σ)	P	Média (σ)	P	Média (σ)	P
1	(A)	8,5987 (8,0402)	0,1424	1,3725 (2,5840)	0,2977	1,9437 (2,2380)	0,1926			1,2772 (2,3492)	0,2933
	(D)	14,3735 (9,6336)	0,0678 †	3,8717 (3,0723)	0,1038	5,1126 (2,8015)	0,0340 *			3,9183 (2,8696)	0,0861 †
2	(A)	2,4129 (1,5434)	0,0590 †	1,1829 (0,7239)	0,0511 †	0,7886 (0,6655)	0,1180	0,8635 (0,7020)	0,1093	1,1734 (0,7253)	0,0529 †
	(D)	2,7985 (1,8544)	0,0656 †	1,3267 (0,8539)	0,0601 †	1,3669 (0,8211)	0,0480 *	1,2128 (0,8408)	0,0746 †	1,2944 (0,8499)	0,0639 †
3	(A)	-1,1133 (2,5258)	0,3297	0,5100 (1,0475)	0,3132	0,2300 (0,6509)	0,3619	0,4095 (0,8139)	0,3074	0,4728 (1,0540)	0,3269
	(D)	1,4824 (3,4452)	0,3335	1,5661 (1,1818)	0,0926 †	2,0392 (0,8432)	0,0078 **	1,0336 (0,9534)	0,1391	1,6109 (1,1361)	0,0781 †
4	(A)	1,9499 (1,9396)	0,1574	1,0991 (0,8839)	0,1069	0,8455 (0,5927)	0,0769 †	0,8815 (0,7336)	0,1148	1,0210 (0,9076)	0,1303
	(D)	0,6362 (2,7638)	0,4090	2,5034 (1,0365)	0,0079 **	2,5117 (0,7606)	0,0005 ***	2,1110 (0,8806)	0,0083 **	2,5600 (1,0099)	0,0056 **
5	(A)	-0,1705 (1,9244)	0,4647	0,0577 (1,1894)	0,4807	-0,1620 (0,6186)	0,3967			0,0337 (1,2074)	0,4889
	(D)	-0,7892 (2,8741)	0,3918	-1,1226 (1,2913)	0,1923	1,6149 (0,7885)	0,0203 *			-1,1350 (1,2724)	0,1862
6	(A)	-0,7889 (1,6053)	0,3116	-0,0392 (0,6863)	0,4773	-0,1793 (0,6457)	0,3906				
	(D)	-2,0869 (1,9300)	0,1398	0,4756 (0,8439)	0,2865	0,7008 (0,8304)	0,1994				
7	(A)	-1,8818 (1,2895)	0,0722 †	-0,8560 (0,6690)	0,1004	-0,8907 (0,6186)	0,0750 †			-0,8613 (0,6613)	0,0964 †
	(D)	-1,9986 (1,5655)	0,1009	-0,6399 (0,7760)	0,2048	-0,2684 (0,7536)	0,3609			-0,6146 (0,7762)	0,2142
8	(A)	-2,1154 (1,3013)	0,0520 †	-0,0207 (0,6196)	0,4867	-0,1777 (0,5878)	0,3812			-0,0777 (0,6174)	0,4499
	(D)	-1,7674 (1,6166)	0,1371	0,9189 (0,7313)	0,1045	0,9682 (0,7341)	0,0936 †			0,8894 (0,7491)	0,1176
9	(A)	-2,7872 (2,1771)	0,1002	-0,5348 (1,0472)	0,3048	-0,5661 (0,9359)	0,2726				
	(D)	-3,6588 (2,5553)	0,0761 †	-0,6381 (1,1932)	0,2964	-0,1383 (1,1523)	0,4522				
10	(A)	-1,1993 (1,7849)	0,2508	0,1687 (0,9296)	0,4280	-0,0470 (0,7976)	0,4765				
	(D)	-2,3487 (2,1553)	0,1379	-0,5696 (1,0491)	0,2936	-0,0618 (0,9861)	0,4750				
11	(A)	-0,0916 (0,7976)	0,4543	-0,0584 (0,4103)	0,4434	0,0502 (0,3764)	0,4469				
	(D)	-1,0541 (1,1785)	0,1855	0,3796 (0,5689)	0,2523	0,5470 (0,5362)	0,1539				
12	(A)	-0,4687 (1,2830)	0,3574	-0,3590 (0,5732)	0,2656	-0,4509 (0,5358)	0,2001				
	(D)	-0,1687 (1,6070)	0,4582	0,3628 (0,7037)	0,3031	0,5578 (0,6806)	0,2062				
13	(A)	-1,1069 (0,8018)	0,0837 †	-0,5173 (0,4009)	0,0985 †	-0,6063 (0,3931)	0,0615 †	-0,6038 (0,3951)	0,0632 †	-0,5328 (0,3931)	0,0877 †
	(D)	-0,9878 (1,1142)	0,1877	-0,1821 (0,5131)	0,3614	0,0011 (0,5166)	0,4992	-0,0860 (0,5230)	0,4347	-0,1676 (0,5203)	0,3736

† 0,05 < P ≤ 0,10; * 0,01 < P ≤ 0,05; ** 0,001 < P ≤ 0,01; *** P ≤ 0,001; (A) efeito de aditividade; (D) efeito de dominância;

1 = Análise de associação individual entre o marcador e a característica, utilizando os dados produtivos apenas dos animais genotipados;

2 = Análise de associação conjunta entre os 13 marcadores e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

3 = Análise de associação individual entre o marcador e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

4 = Análise de associação conjunta entre os marcadores relevantes (P<0,10) no segundo método e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

5 = Análise de associação conjunta entre os marcadores relevantes (P<0,10) no terceiro método e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis.

6.3.2 Associação dos marcadores com ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB)

A Tabela 25 contém o resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB) nos cinco métodos propostos. Foram observados dois marcadores moleculares (6 e 7) relevantes a partir do primeiro método de análise. Observou-se efeito aditivo ($P=0,0151$), e efeito de sobredominância ($P=0,0328$) para o marcador 6, ambos efeitos a favor do alelo 2 (alelo com menor frequência). Para o marcador 7 foi observado efeito aditivo ($P=0,0343$), e efeito de sobredominância ($P=0,0330$), os dois efeitos a favor do alelo 1. Efeito aditivo sugestivo ($P=0,0940$) foi encontrado para o marcador 8 a favor do alelo 1.

A partir do segundo método de análise foram observados dois marcadores com probabilidades acima de 99%. O marcador 1 apresentou efeito aditivo ($P=0,0085$), e efeito de sobredominância ($P=0,0072$), para o alelo 1. Efeito de sobredominância foi observado para o marcador 13 ($P=0,0063$), a favor do alelo de maior frequência (alelo 1). Probabilidade de 95,19% foi encontrada para efeito aditivo do marcador 9, a favor do alelo 2. Outros efeitos aditivos foram encontrados para os marcadores 3, 5, 8, todos com probabilidade entre 92,21 e 93,99%, a favor do alelo 1 para os marcadores 5 e 8, e a favor do alelo 2 para o marcador 3.

A análise individual dos marcadores considerando todo o parentesco com dados produtivos (método 3) apresentou 2 marcadores (1 e 13) altamente relevantes para o ganho de peso pós-desmama ($P<0,01$). O efeito aditivo para o marcador 1 apresentou probabilidade de $P=0,0060$ e o efeito de dominância $P=0,0016$, ambos para o alelo 1. Efeito de sobredominância foi observado para o marcador 13 ($P=0,0055$), a favor do alelo 1. Probabilidades entre 91,03 e 94,10% foram encontradas para os marcadores 6, 8, 9, 10 e 12. Efeitos aditivos no marcador 6 ($P=0,0590$), marcador 9 ($P=0,0897$) e no marcador 12 ($P=0,0713$), todos estes efeitos aditivos foram a favor do alelo 2. Efeitos de sobredominância para o marcador 8 ($P=0,0775$) e marcador 10 ($P=0,0894$), estes efeitos em favor do alelo 1.

Foi realizada análise com 6 marcadores no método 4, em geral foi observado o mesmo comportamento observado para os marcadores que foram relevantes no segundo método, havendo um aumento da probabilidade para estes marcadores, exceto para o marcador 13 em que houve uma pequena redução. Os marcadores 1 e 13 apresentaram probabilidade acima de

99%. Para o marcador 1 foi observado efeito aditivo ($P=0,0046$), e efeito de sobredominância ($P=0,0032$), ambos para o alelo de maior frequência. Efeito de sobredominância também foi observado para o marcador 13 ($P=0,0083$). O marcador 9 apresentou um incremento na probabilidade de associação para o efeito aditivo quando comparado ao método 2, partindo de $P=0,0481$ para $P=0,0293$. O mesmo ocorreu para o marcador 5, já para o marcador 3 houve um pequeno decréscimo na probabilidade.

A quinta metodologia teve resultados semelhantes às outras que utilizavam os dados produtivos de todo o parentesco (métodos 2, 3 e 4), nas quais os marcadores 1 e 13 apresentaram alta relevância ($P<0,01$). Efeitos aditivo ($P=0,0039$) e de sobredominância ($P=0,0045$) foram observados para o marcador 1, a favor do alelo de maior frequência. Para o marcador 13 continuou a ser observado o efeito de sobredominância ($P=0,0072$), também a favor do alelo 1. Para os demais marcadores que apresentaram probabilidades acima de 90% pelo método 3, apenas dois continuaram com probabilidades acima de 90%. O marcador 9 com efeito aditivo para o alelo 2 ($P=0,0470$). Com o marcador 8 ocorreu uma inversão nos efeitos, onde no método 3 o efeito de sobredominância possuía uma probabilidade de $P=0,0775$ passou para $P=0,1050$, e o efeito aditivo passou de $P=0,1047$ para $P=0,0678$ do método 3 para 5, respectivamente.

Os marcadores relevantes (6 e 7) pelo primeiro método ($P<0,05$), não demonstraram associação dessa magnitude quando avaliados pelos demais métodos. Fato semelhante ocorreu com os marcadores 1 e 13 os quais foram altamente relevantes ($P<0,01$) pelos métodos que consideravam todos os dados fenotípicos, porém estes marcadores não foram relevantes quando analisados pelo primeiro método. Houve um grande incremento na média fenotípica observada para o marcador 1, quando analisado pelo parentesco completo, isto pode ter contribuído para sua alta probabilidade de associação por estes métodos.

A partir dos resultados observados recomenda-se a utilização do marcador 1, 9 e 13 para a seleção da característica de ganho de peso da desmama ao sobreano na população avaliada.

Tabela 25 - Resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB) nos cinco métodos propostos.

Método		1			2			3			4			5		
Marcador		Média (σ)		P	Média (σ)		P	Média (σ)		P	Média (σ)		P	Média (σ)		P
1	(A)	0,7924	(8,2817)	0,4619	6,9017	(2,8907)	0,0085 **	6,6668	(2,6523)	0,0060 **	7,1213	(2,7334)	0,0046 **	7,5464	(2,8396)	0,0039 **
	(D)	1,6813	(9,9534)	0,4329	8,4795	(3,4631)	0,0072 **	9,8146	(3,3389)	0,0016 **	9,2304	(3,3848)	0,0032 **	8,9462	(3,4244)	0,0045 **
2	(A)	-1,8126	(1,6087)	0,1299	-0,5315	(0,8042)	0,2543	-0,6127	(0,7742)	0,2144						
	(D)	-1,6838	(1,9028)	0,1881	-0,2417	(0,9610)	0,4007	-0,2043	(0,9455)	0,4145						
3	(A)	-0,3458	(2,7010)	0,4491	-1,8146	(1,1729)	0,0609 †	-0,4275	(0,7425)	0,2824	-1,7502	(1,2074)	0,0736 †			
	(D)	1,9797	(3,6025)	0,2913	0,8987	(1,3226)	0,2484	0,1831	(0,9918)	0,4268	0,8518	(1,3015)	0,2564			
4	(A)	-0,8208	(1,9900)	0,3400	0,1609	(0,9788)	0,4347	-0,3902	(0,6721)	0,2808						
	(D)	-2,3887	(2,8641)	0,2021	0,5569	(1,1824)	0,3188	-0,1134	(0,8919)	0,4494						
5	(A)	0,1567	(1,9703)	0,4683	1,9084	(1,3443)	0,0779 †	0,3741	(0,6979)	0,2960	1,8560	(1,1417)	0,0520 †			
	(D)	-1,5750	(2,8916)	0,2930	-1,6843	(1,4376)	0,1207	-0,7265	(0,9234)	0,2157	-1,2756	(1,2249)	0,1489			
6	(A)	-3,7019	(1,7074)	0,0151 *	-0,9722	(0,7963)	0,1111	-1,1758	(0,7523)	0,0590 †				-1,0088	(0,7928)	0,1016
	(D)	-3,7348	(2,0282)	0,0328 *	-1,0178	(1,0067)	0,1560	-0,8763	(0,9532)	0,1790				-1,1055	(0,9769)	0,1289
7	(A)	2,5367	(1,3931)	0,0343 *	0,8702	(0,7467)	0,1219	0,6944	(0,7123)	0,1648						
	(D)	3,0793	(1,6750)	0,0330 *	0,4284	(0,9119)	0,3192	0,6121	(0,8809)	0,2436						
8	(A)	1,8223	(1,3839)	0,0940 †	1,0870	(0,6995)	0,0601 †	0,8607	(0,6856)	0,1047	0,9979	(0,7127)	0,0807 †	1,0549	(0,7067)	0,0678 †
	(D)	1,3723	(1,6996)	0,2097	1,1144	(0,8777)	0,1021	1,2107	(0,8512)	0,0775 †	1,1320	(0,8690)	0,0963 †	1,0940	(0,8727)	0,1050
9	(A)	-1,9221	(2,3241)	0,2041	-1,9167	(1,1519)	0,0481 *	-1,4345	(1,0684)	0,0897 †	-2,2015	(1,1645)	0,0293 *	-1,9839	(1,1845)	0,0470 *
	(D)	0,1570	(2,7195)	0,4770	-0,3914	(1,3414)	0,3852	0,3421	(1,3164)	0,3975	-0,5731	(1,3783)	0,3388	-0,4393	(1,3740)	0,3746
10	(A)	-1,5000	(1,8902)	0,2137	0,1974	(1,0446)	0,4250	0,0012	(0,0023)	0,2987				0,0488	(0,9982)	0,4805
	(D)	-0,9743	(2,2585)	0,3331	0,4746	(1,2013)	0,3464	0,9415	(0,7003)	0,0894 †				0,7071	(1,1695)	0,2727
11	(A)	-0,3213	(0,8408)	0,3512	-0,3214	(0,4631)	0,2438	-0,4538	(0,4283)	0,1447						
	(D)	0,0288	(1,2374)	0,4907	0,3916	(0,6427)	0,2711	0,6482	(0,6253)	0,1500						
12	(A)	-1,1456	(1,3683)	0,2012	-0,6927	(0,6424)	0,1404	-0,9164	(0,6249)	0,0713 †				-0,7686	(0,6362)	0,1135
	(D)	0,1467	(1,6445)	0,4645	0,2279	(0,8076)	0,3889	0,1921	(0,7879)	0,4037				0,1425	(0,7985)	0,4292
13	(A)	0,5208	(0,8528)	0,2707	0,3631	(0,4336)	0,2012	0,2298	(0,4458)	0,3031	0,3046	(0,4343)	0,2415	0,3282	(0,4388)	0,2272
	(D)	0,4479	(1,1638)	0,3502	1,4841	(0,5945)	0,0063 **	1,5216	(0,5979)	0,0055 **	1,4621	(0,6106)	0,0083 **	1,4843	(0,6068)	0,0072 **

† 0,05 < P ≤ 0,10; * 0,01 < P ≤ 0,05; ** 0,001 < P ≤ 0,01; *** P ≤ 0,001; (A) efeito de aditividade; (D) efeito de dominância.;

1 = Análise de associação individual entre o marcador e a característica, utilizando os dados produtivos apenas dos animais genotipados;

2 = Análise de associação conjunta entre os 13 marcadores e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

3 = Análise de associação individual entre o marcador e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

4 = Análise de associação conjunta entre os marcadores relevantes (P<0,10) no segundo método e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

5 = Análise de associação conjunta entre os marcadores relevantes (P<0,10) no terceiro método e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis.

6.3.3 Associação dos marcadores com escore de musculosidade (M)

A Tabela 26 contém o resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o escore de musculatura (M) nos cinco métodos propostos. A partir do primeiro método de análise apenas o marcador 10 apresentou probabilidade acima de 99%, para efeito aditivo e de sobredominância, $P=0,0022$ e $P=0,0084$, respectivamente. Os marcadores 6 e 13 apresentaram probabilidades entre 96,1 e 98,33%. O marcador 6 com efeito de aditividade e de sobredominância ($P=0,0390$ e $P=0,0167$), e o marcador 13 apenas com efeito aditivo ($P=0,0371$). Efeitos aditivos foram observados para o marcador 7 ($P=0,0544$) e para o marcador 11 ($P=0,0670$). Todos os efeitos para os marcadores supracitados foram favoráveis ao alelo de menor de frequência (alelo 2).

O segundo método de análise resultou em 4 marcadores (3, 5, 10 e 13) altamente relevantes ($P<0,01$) para o escore de musculatura. Os marcadores 3, 5 e 13 com efeitos aditivos, sendo que o marcador 5 ($P=0,0075$) a favor do alelo 1, e os marcadores 3 ($P=0,0035$) e 13 ($P=0,0008$) a favor do alelo 2. Para o marcador 3 ainda foi observado efeito de dominância para o alelo 1, no entanto de menor probabilidade ($P=0,0611$). Efeito de sobredominância ($P=0,0078$) foi constatado para o marcador 10, a favor do alelo 2. Efeito de aditividade também foi encontrado para o marcador 10, porém de magnitude inferior ($P=0,0663$). Probabilidades de 98,28 a 98,64% foram observadas para efeito aditivo e de sobredominância, a favor do alelo 1, no marcador 8. Probabilidades entre 90,85 e 94,45% foram observadas para efeitos de aditividade e sobredominância nos marcadores 6, 7 e 11 em prol do alelo 2.

O método de análise individual usando a informação do parentesco (Método 3) identificou 4 marcadores altamente relevantes ($P<0,01$), são eles os marcadores 6, 7, 10 e 13. Os marcadores 6 e 7 apresentaram efeitos aditivos altamente relevantes ($P=0,0040$ e $P=0,0061$), no entanto foi observado também efeitos de dominância de menor magnitude ($P=0,0473$ e $P=0,0450$), todos os efeitos anteriormente citados para o alelo 2. Efeito aditivo e de sobredominância foram observados em prol do alelo 2 no marcador 10 ($P=0,0017$ e $P=0,0046$). Apenas efeito aditivo foi observado para o marcador 13 ($P=0,0001$), a favor do alelo 2. Efeito de sobredominância relacionado com o alelo 1 foi identificado no marcador 8 ($P=0,0379$). Efeitos aditivos a favor do alelo 2 foram encontrados nos marcadores 9 ($P=0,0207$), 11 ($P=0,0238$) e 12 ($P=0,0173$).

Quatro marcadores apresentaram probabilidade acima de 99% a partir do método 4 (SNP 3, 5, 10, 13). Efeito aditivo com probabilidade de 99,67% foi observado para o marcador 3, juntamente com um efeito de dominância ($P=0,0653$) de menor magnitude, sendo que o efeito de aditividade em favor do alelo 2 e de dominância em favor do alelo 1. O marcador 10 apresentou efeito de sobredominância ($P=0,0060$), e efeito aditivo ($P=0,0175$), ambos relacionados ao alelo 2. Somente efeito aditivo foi observado para o marcador 5 ($P=0,0009$) a favor do alelo 1, e marcador 13 ($P=0,0003$) a favor do alelo 2. O marcador 6 apresentou efeito aditivo ($P=0,0126$) e efeito de dominância de magnitude inferior ($P=0,0664$). Fato semelhante ocorreu com o marcador 7, com efeito aditivo ($P=0,0222$), e efeito de dominância de magnitude inferior ($P=0,0574$). Somente efeito aditivo foi encontrado para o marcador 11 ($P=0,0660$). Todos os efeitos observados para os marcadores 6, 7 e 11 foram relacionados com o alelo 2. Efeitos de aditividade ($P=0,0397$) e de sobredominância ($P=0,0159$) a favor do alelo 1 foram observados para o marcador 8.

Um total de nove marcadores foi estudado pelo quinto método. Probabilidades acima de 99% foram observadas para dois marcadores (10 e 13). O marcador 10 apresentou efeito de sobredominância ($P=0,0070$) e efeito aditivo ($P=0,0305$). O marcador 13 apenas efeito aditivo ($P=0,0004$). Todos os efeitos observados para o marcador 10 e 13 foram a favor do alelo 2. Efeitos de aditividade e dominância foram observados para os marcadores 6 e 7. O marcador 6 apresentou efeito de aditividade com probabilidade de 95,56% e de dominância 90,55%. O marcador 7 probabilidades de 97,59 e 94,62%, respectivamente para efeito aditivo e de dominância. Os marcadores 6 e 7 tiveram seus efeitos relacionados ao alelo de menor frequência. Efeito aditivo e de sobredominância foram observados para o marcador 8 ($P=0,0199$ e $P=0,0134$), a favor do alelo 1.

Dentre os 13 marcadores estudados apenas o número 10, apresentou alta relevância ($P<0,01$) em todos os cinco métodos de análise, para o efeito de sobredominância. O efeito aditivo também foi constatado para o marcador 10, porém sua probabilidade oscilou entre 93,4 e 99,8%, conforme o método utilizado. Com relação ao marcador 13 foi observado efeito aditivo em todos os métodos de análise, contudo quando analisado pelo primeiro método sua probabilidade foi inferior ($P=0,037$), se comparado aos demais métodos ($P<0,01$). Probabilidades acima de 90% foram observadas para os marcadores 6 e 7 em todos os métodos estudados, todavia quando estes marcadores foram avaliados individualmente através do terceiro método foram observadas as maiores probabilidades de associação ($P<0,01$). Os marcadores 3 e 5 mostraram-se altamente associados ao escore de musculatura apenas nos

métodos 2 e 4. O escore para musculatura foi dentre as características do índice CFM a que apresentou o maior número de marcadores relevantes.

A partir dos resultados observados recomenda-se a utilização do marcador 3, 5, 8, 10 e 13 para a seleção da característica de escore de musculatura na população avaliada.

6.3.4 Associação dos marcadores com o perímetro escrotal (PE)

A Tabela 27 contém resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o perímetro escrotal (PE) nos cinco métodos propostos. No primeiro método foram observados dois marcadores com efeito aditivo relevante ($P < 0,05$) o de número 10 e 13. Ambos marcadores com efeito relevante para o alelo de menor frequência (alelo 2). Foi observada probabilidade de 92,87% para o efeito de dominância do marcador 10, em prol do alelo de menor frequência. Probabilidades de 94,51 e 94,73% foram observadas para o efeito de sobredominância para o alelo 2 no marcador 6 ($P = 0,0549$), e efeito aditivo do marcador 8 ($P = 0,0527$).

Na análise em conjunto de todos os animais aparentados com dados produtivos (método 2) foi observado efeito aditivo para o alelo de menor frequência no marcador 8 ($P = 0,0254$). Foi observado efeito aditivo do marcador 7, para o alelo de maior frequência ($P = 0,0832$), e efeito de dominância do alelo de menor frequência no marcador 8 ($P = 0,0701$).

Alta relevância foi observada no terceiro método de análise para efeito aditivo do marcador 8 ($P = 0,0062$); Neste marcador também foi encontrado efeito de dominância porém de menor magnitude ($P = 0,0500$), ambos a favor do alelo de menor frequência. Foi observado efeito aditivo no marcador 10 em favor do alelo 2 ($P = 0,0878$).

Apenas dois marcadores foram avaliados no quarto método (SNP 7 e 8), pois apresentaram efeitos relevantes e sugestivos no segundo método ($P < 0,10$). Somente o marcador 8 continuou demonstrando relevância com o perímetro escrotal, com efeito aditivo ($P = 0,0061$) e efeito de dominância ($P = 0,0484$), ambos para o alelo 2.

No quinto método foram avaliados três marcadores (SNP 8, 9 e 10). Nesta análise novamente apenas o marcador 8 continuou relevante para a associação com o perímetro escrotal, com efeito aditivo $P = 0,0094$ e efeito de dominância $P = 0,0549$. Os outros dois marcadores (9 e 10) apresentaram probabilidade abaixo de 90%.

Tabela 26 - Resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o escore de musculatura (M) nos cinco métodos propostos.

Método		1			2			3			4			5		
Marcador		Média (σ)		P	Média (σ)		P	Média (σ)		P	Média (σ)		P	Média (σ)		P
1	(A)	-0,3843	(0,3168)	0,1126	0,0401	(0,1201)	0,3692	-0,0331	(0,1054)	0,3768						
	(D)	-0,3226	(0,3829)	0,1997	0,1625	(0,1413)	0,1250	0,1542	(0,1325)	0,1222						
2	(A)	-0,0322	(0,0647)	0,3094	0,0119	(0,0328)	0,3586	-0,0312	(0,0316)	0,1617						
	(D)	-0,0342	(0,0767)	0,3280	0,0172	(0,0388)	0,3292	-0,0098	(0,0385)	0,3993						
3	(A)	-0,0993	(0,1017)	0,1644	-0,1265	(0,0469)	0,0035 **	-0,0302	(0,0301)	0,1578	-0,1281	(0,0472)	0,0033 **			
	(D)	-0,0237	(0,1383)	0,4321	0,0823	(0,0533)	0,0611 †	0,0411	(0,0406)	0,1557	0,0790	(0,0523)	0,0653 †			
4	(A)	0,0822	(0,0805)	0,1534	-0,0204	(0,0388)	0,2995	-0,0354	(0,0272)	0,0971 †				-0,0381	(0,0266)	0,0766 †
	(D)	-0,0600	(0,1144)	0,3000	-0,0034	(0,0464)	0,4710	-0,0167	(0,0367)	0,3247				-0,0073	(0,0360)	0,4202
5	(A)	-0,0156	(0,0791)	0,4220	0,1278	(0,0526)	0,0075 **	0,0266	(0,0278)	0,1693	0,1404	(0,0450)	0,0009 ***			
	(D)	-0,1436	(0,1160)	0,1080	-0,0475	(0,0600)	0,2144	-0,0129	(0,0379)	0,3667	-0,0497	(0,0490)	0,1554			
6	(A)	-0,1157	(0,0656)	0,0390 *	-0,0501	(0,0314)	0,0555 †	-0,0810	(0,0305)	0,0040 **	-0,0697	(0,0311)	0,0126 *	-0,0534	(0,0314)	0,0444 *
	(D)	-0,1668	(0,0784)	0,0167 *	-0,0517	(0,0388)	0,0915 †	-0,0649	(0,0388)	0,0473 †	-0,0581	(0,0387)	0,0664 †	-0,0516	(0,0393)	0,0945 †
7	(A)	-0,0855	(0,0533)	0,0544 †	-0,0442	(0,0302)	0,0717 †	-0,0726	(0,0290)	0,0061 **	-0,0582	(0,0289)	0,0222 *	-0,0570	(0,0289)	0,0241 *
	(D)	-0,0512	(0,0648)	0,2147	-0,0574	(0,0367)	0,0589 †	-0,0606	(0,0357)	0,0450 †	-0,0563	(0,0357)	0,0574 †	-0,0560	(0,0348)	0,0538 †
8	(A)	0,0374	(0,0558)	0,2515	0,0613	(0,0290)	0,0172 *	0,0334	(0,0278)	0,1144	0,0503	(0,0287)	0,0397 *	0,0571	(0,0278)	0,0199 *
	(D)	0,0410	(0,0668)	0,2696	0,0770	(0,0349)	0,0136 *	0,0616	(0,0347)	0,0379 *	0,0752	(0,0350)	0,0159 *	0,0763	(0,0344)	0,0134 *
9	(A)	0,0360	(0,0911)	0,3465	-0,0413	(0,0477)	0,1933	-0,0889	(0,0436)	0,0207 *				-0,0519	(0,0456)	0,1275
	(D)	0,0921	(0,1064)	0,1933	0,0075	(0,0556)	0,4461	-0,0154	(0,0531)	0,3857				0,0082	(0,0541)	0,4398
10	(A)	-0,2075	(0,0730)	0,0022 **	-0,0620	(0,0412)	0,0663 †	-0,1095	(0,0374)	0,0017 **	-0,0828	(0,0393)	0,0175 *	-0,0744	(0,0397)	0,0305 *
	(D)	-0,2094	(0,0876)	0,0084 **	-0,1156	(0,0478)	0,0078 **	-0,1186	(0,0455)	0,0046 **	-0,1182	(0,0471)	0,0060 **	-0,1149	(0,0468)	0,0070 **
11	(A)	-0,0490	(0,0327)	0,0670 †	-0,0297	(0,0189)	0,0585 †	-0,0338	(0,0171)	0,0238 *	-0,0278	(0,0185)	0,0660 †	-0,0256	(0,0185)	0,0830 †
	(D)	-0,0239	(0,0484)	0,3108	-0,0153	(0,0259)	0,2775	-0,0234	(0,0253)	0,1781	-0,0118	(0,0260)	0,3248	-0,0114	(0,0253)	0,3268
12	(A)	-0,0344	(0,0538)	0,2612	-0,0265	(0,0261)	0,1549	-0,0539	(0,0255)	0,0173 *				-0,0313	(0,0251)	0,1065
	(D)	-0,0175	(0,0665)	0,3963	0,0106	(0,0321)	0,3708	-0,0037	(0,0322)	0,4538				0,0081	(0,0327)	0,4024
13	(A)	-0,0596	(0,0334)	0,0371 *	-0,0561	(0,0178)	0,0008 ***	-0,0662	(0,0181)	0,0001 ***	-0,0612	(0,0179)	0,0003 ***	-0,0592	(0,0177)	0,0004 ***
	(D)	0,0453	(0,0462)	0,1637	0,0053	(0,0237)	0,4117	0,0043	(0,0244)	0,4293	0,0061	(0,0240)	0,4001	0,0077	(0,0244)	0,3763

† 0,05 < P ≤ 0,10; * 0,01 < P ≤ 0,05; ** 0,001 < P ≤ 0,01; *** P ≤ 0,001; (A) efeito de aditividade; (D) efeito de dominância.;

1 = Análise de associação individual entre o marcador e a característica, utilizando os dados produtivos apenas dos animais genotipados;

2 = Análise de associação conjunta entre os 13 marcadores e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

3 = Análise de associação individual entre o marcador e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

4 = Análise de associação conjunta entre os marcadores relevantes (P<0,10) no segundo método e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

5 = Análise de associação conjunta entre os marcadores relevantes (P<0,10) no terceiro método e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis.

Dois marcadores (10 e 13) apresentaram probabilidade superior a 95% no método 1, considerando apenas os animais genotipados, no entanto, não foram relevantes quando a análise foi conduzida nos métodos 2, 3, 4 e 5. Em contrapartida, o marcador número 8 que no método 1 apresentou probabilidade sugestiva com efeito aditivo de 94,73%, nos demais métodos considerando todos os dados fenotípicos disponíveis apresentou probabilidades entre 97,46% a 99,39% para o efeito aditivo. Para este mesmo marcador foram encontradas probabilidades entre 92,99 e 95,16% para efeito de dominância, todos os efeitos sempre em favor do alelo de menor frequência (alelo 2).

Dentre os diversos efeitos aditivos e dominantes encontrados ($P < 0,10$), apenas um com efeito sugestivo (SNP 7 no método 2) foi favorável ao alelo 1, todos os demais foram favoráveis ao alelo de menor frequência (alelo 2). Isto pode ser um fator complicador na seleção assistida por marcadores moleculares para a seleção de perímetro escrotal, pois a frequência de animais portadores do alelo 2 é pequena.

A partir dos resultados observados recomenda-se a utilização do marcador 8 para a seleção da característica de perímetro escrotal na população avaliada.

6.3.5 Relação dos marcadores com as características produtivas do índice de seleção

Alta relevância do marcador 1 foi observada para a característica de ganho de peso pós desmama (GPSOB). Este mesmo marcador apresentou probabilidade menor magnitude para o peso a desmama (PD). Para estas duas características os efeitos encontrados sempre foram relacionados ao alelo 1, assim a seleção para este marcador melhoraria simultaneamente as duas características (GPSOB e PD).

O marcador número 2 demonstrou efeitos sugestivos e relevantes apenas ao peso a desmama, com probabilidade entre 88,20 e 95,20%, sendo que a maior probabilidade foi observada através do terceiro método ($P = 0,0480$). Para as outras características do estudo este marcador não apresentou nenhum efeito ($P < 0,10$).

Efeitos relacionados ao marcador 3 foram identificados em três características, são elas: PD, GPSOB e M. Os efeitos observados para este marcador para o peso a desmama foram favoráveis ao alelo 1, entretanto para GPSOB e M os efeitos foram a favor do alelo 2. Desta forma, a seleção para o marcador 3 poderá originar resultados opostos nestas características.

Tabela 27 - Resultado da análise de associação entre os 13 marcadores estudados e o perímetro escrotal (PE) nos cinco métodos propostos.

Método		1		2		3		4		5	
Marcador		Média (σ)	P	Média (σ)	P	Média (σ)	P	Média (σ)	P	Média (σ)	P
1	(A)	-1,6268 (1,3288)	0,1104	-0,2124 (0,5303)	0,3444	-0,4154 (0,5272)	0,2154				
	(D)	-1,0832 (1,5479)	0,2420	0,1045 (0,6183)	0,4329	0,0387 (0,6330)	0,4757				
2	(A)	-0,2364 (0,2198)	0,1411	-0,0495 (0,1272)	0,3486	-0,1276 (0,1227)	0,1491				
	(D)	-0,0201 (0,2577)	0,4689	0,0548 (0,1468)	0,3544	0,0136 (0,1424)	0,4619				
3	(A)	0,0777 (0,3556)	0,4135	-0,0769 (0,1663)	0,3218	-0,0711 (0,1037)	0,2465				
	(D)	0,2565 (0,4759)	0,2950	-0,0723 (0,1827)	0,3462	-0,0632 (0,1382)	0,3238				
4	(A)	-0,0941 (0,2656)	0,3616	-0,0110 (0,1398)	0,4686	0,0129 (0,0941)	0,4453				
	(D)	0,2771 (0,3891)	0,2382	-0,0367 (0,1611)	0,4099	-0,0431 (0,1239)	0,3638				
5	(A)	0,1417 (0,2691)	0,2993	0,0235 (0,1895)	0,4506	-0,0351 (0,0966)	0,3581				
	(D)	0,1934 (0,3939)	0,3117	0,0305 (0,1971)	0,4386	-0,0263 (0,1295)	0,4196				
6	(A)	-0,2771 (0,2235)	0,1076	-0,0752 (0,1219)	0,2686	-0,1370 (0,1169)	0,1205				
	(D)	-0,4220 (0,2639)	0,0549 †	0,0241 (0,1466)	0,4347	-0,0182 (0,1421)	0,4490				
7	(A)	-0,0511 (0,1804)	0,3885	0,1674 (0,1210)	0,0832 †	0,0877 (0,1133)	0,2195	0,0933 (0,1135)	0,2054		
	(D)	0,1244 (0,2180)	0,2841	0,0898 (0,1367)	0,2558	0,0704 (0,1324)	0,2973	0,0703 (0,1325)	0,2979		
8	(A)	-0,3001 (0,1854)	0,0527 †	-0,2169 (0,1110)	0,0254 *	-0,2708 (0,1083)	0,0062 **	-0,2762 (0,1102)	0,0061 **	-0,2600 (0,1107)	0,0094 **
	(D)	-0,2649 (0,2248)	0,1193	-0,1929 (0,1308)	0,0701 †	-0,2119 (0,1289)	0,0500 *	-0,2185 (0,1316)	0,0484 *	-0,2128 (0,1331)	0,0549 †
9	(A)	-0,2383 (0,3104)	0,2213	-0,1215 (0,1850)	0,2558	-0,2657 (0,1738)	0,0632 †			-0,2244 (0,1808)	0,1073
	(D)	-0,2278 (0,3571)	0,2618	-0,1198 (0,2099)	0,2841	-0,2239 (0,2045)	0,1367			-0,1929 (0,2045)	0,1728
10	(A)	-0,4666 (0,2510)	0,0315 *	-0,1118 (0,1588)	0,2406	-0,1979 (0,1461)	0,0878 †			-0,1601 (0,1506)	0,1439
	(D)	-0,4386 (0,2991)	0,0713 †	-0,1070 (0,1775)	0,2733	-0,1913 (0,1716)	0,1325			-0,1749 (0,1756)	0,1597
11	(A)	0,0298 (0,1113)	0,3943	0,0504 (0,0686)	0,2313	0,0241 (0,0625)	0,3498				
	(D)	-0,0892 (0,1575)	0,2856	-0,1025 (0,0925)	0,1339	-0,1043 (0,0883)	0,1189				
12	(A)	-0,1781 (0,1824)	0,1643	-0,0681 (0,1009)	0,2500	-0,1166 (0,0966)	0,1138				
	(D)	-0,1244 (0,2182)	0,2842	0,0027 (0,1228)	0,4911	-0,0157 (0,1173)	0,4468				
13	(A)	-0,1860 (0,1114)	0,0475 *	-0,0313 (0,0678)	0,3222	-0,0431 (0,0668)	0,2593				
	(D)	-0,0898 (0,1507)	0,2755	0,0926 (0,0860)	0,1407	0,0894 (0,0853)	0,1471				

† 0,05 < P ≤ 0,10; * 0,01 < P ≤ 0,05; ** 0,001 < P ≤ 0,01; *** P ≤ 0,001; (A) efeito de aditividade; (D) efeito de dominância.;

1 = Análise de associação individual entre o marcador e a característica, utilizando os dados produtivos apenas dos animais genotipados;

2 = Análise de associação conjunta entre os 13 marcadores e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

3 = Análise de associação individual entre o marcador e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

4 = Análise de associação conjunta entre os marcadores relevantes (P<0,10) no segundo método e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis;

5 = Análise de associação conjunta entre os marcadores relevantes (P<0,10) no terceiro método e a característica, utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis.

O marcador 4 apresentou alta relevância para PD e apenas efeitos sugestivos para M. Sendo que para PD os efeitos foram favoráveis ao alelo 1, nos quatro métodos que utilizaram todos os dados fenotípicos disponíveis ($P < 0,01$). Probabilidade de menor magnitude foi constatada para M ($P = 0,0766$), com efeitos favoráveis ao alelo 2. Se objetivarmos melhorias no índice estabelecido, mais uma vez poderão ocorrer resultados conflitantes utilizando-se este marcador.

Três características (PD, GPSOB, M) apresentaram algum efeito relacionado com o marcador 5. A maior probabilidade observada para esse marcador foi com o escore de musculatura (M). Todos os efeitos observados nas três diferentes características foram relacionados com o alelo 1. Neste caso a seleção em prol deste marcador favoreceria o melhoramento genético das três características supracitadas.

Os efeitos encontrados para o marcador 6 foram relacionados ao alelo 2. Estes efeitos foram observados para as características GPSOB, M e PE. Na característica M, foram observados efeitos através de diversos métodos, nas demais características (GPSOB e PE) foi identificada apenas no primeiro método (animais realmente genotipados).

Todas as quatro características componentes do estudo de associação (PD, GPSOB, M, PE) apresentaram alguma relação com o marcador 7, em pelo menos um método de análise. Sendo que os efeitos foram favoráveis ao alelo 2 em PD e M, e favoráveis ao alelo 1 em GPSOB e PE. A seleção para um dos alelos em determinada característica poderá influenciar negativamente as características onde o alelo oposto é favorável.

Efeitos sugestivos e relevantes foram observados entre o marcador 8 e as quatro características do índice de seleção. Maiores probabilidades foram encontradas nas características de escore de musculatura e perímetro escrotal ($P < 0,05$), havendo discordâncias com relação ao marcador favorável entre essas características, deste modo a seleção utilizando este marcador para uma característica poderá prejudicar outra que compõe o índice.

O marcador 9 apresentou efeitos sugestivos e relevantes apenas por um método com PD (método 1), e com M e PE (método 3), com probabilidade de 92,39 e 93,68%, para PD e PE respectivamente, e 97,93% para M. Contudo, efeitos sugestivos e relevantes entre o marcador 9 e GPSOB foram constatados através dos 4 métodos que consideraram todos os dados fenotípicos disponíveis, com probabilidades entre 91,03 e 97,07%. Todos os efeitos observados foram em prol do alelo 2, favorecendo a seleção deste marcador.

Efeitos aditivos e dominantes de alta relevância ($P < 0,01$) foram observados entre o marcador 10 e M através dos cinco métodos de análise. Efeito relevante também foi observado entre este marcador e PE ($P < 0,05$), com seleção favorável ao alelo 2, para estas

duas características. Porém, foi encontrado efeito sugestivo com inferior probabilidade ($P=0,0894$) entre o marcador 10 e GPSOB, neste caso favorável ao alelo 1.

Apenas o escore de musculosidade (M) apresentou alguma relação com o marcador 11, neste caso pode ser realizada seleção objetivando a introgressão do alelo 2 na população sem que haja resposta correlacionada nas demais características componentes do índice de seleção.

Quando analisado individualmente através do método 3 o marcador 12 apresentou efeito sugestivo e relevante com GPSOB ($P=0,0713$) e M ($P=0,0173$), respectivamente. Em ambas características favorável ao alelo 2. Portanto, se for utilizado o método 3, poderá ser realizada seleção para o marcador 12 com o intuito de melhoramento genético destas características produtivas.

O marcador 13 apresentou efeitos relacionados as quatro características do índice. Para PD o efeito foi sugestivo e variou de 90,15 a 93,85% entre todos os cinco métodos. Para PE apenas o primeiro método identificou efeito relevante ($P=0,0475$). No entanto, para GPSOB e M efeitos altamente relevantes foram encontrados ($P<0,01$), para a maioria dos métodos de análise, exceto método 1. No GPSOB com efeito favorável para o alelo 1, e para o alelo 2 na característica M. Para este marcador observamos que a seleção para GPSOB utilizando esse SNP prejudicará o escore de musculatura, e vice-versa.

Entre os 13 marcadores estudados foi possível observar que existem marcadores capazes de melhorar apenas uma característica produtiva contida no índice ou até as quatro características componentes, depende do modelo de análise utilizado. Uma ressalva deve ser feita, pois em alguns marcadores ocorre efeito favorável para um alelo em uma característica e favorável para o outro alelo em outra característica, ambas componentes do índice. Isto pode ocasionar resultados adversos no desempenho de cada característica.

No caso de marcadores que apresentaram efeitos favoráveis ao alelo 2, pode ocorrer certa dificuldade de seleção a favor deste alelo, devido ao menor número de animais disponíveis em alguns casos. Porém, a introgressão deste alelo poderá promover melhorias importantes para a característica, pois aumentando a sua frequência um incremento na média da característica produtiva poderá ser alcançado, como é o caso do SNP 3 na característica M (ver Tabela 28).

Devido aos resultados opostos de determinados marcadores para diferentes características recomenda-se que dado o peso de cada característica no índice de seleção seja observado à colaboração do marcador com efeito favorável ou não, evitando maiores perdas na seleção equivocada utilizando alguns marcadores.

6.3.6 Diferentes métodos utilizados

Todos os métodos avaliados foram capazes de identificar ao menos um marcador com efeito relevante ($P < 0,05$) para cada característica em estudo, exceto o método 1 para PD o qual não foi capaz de identificar nenhum marcador com probabilidade acima de 95%. O primeiro método para as características GPSOB e PE identificou marcadores com efeitos relevantes ($P < 0,05$) totalmente distintos dos marcadores encontrados nos outros métodos de análise, os quais utilizaram todos os dados fenotípicos disponíveis.

Foi constatado que na análise individual dos marcadores, tanto no método 1 como no método 3, tende a ocorrer uma maior probabilidade de associação dos marcadores, se comparado aos demais métodos. Este evento pode ser atribuído a menor partição da variância nestes métodos, pois nos métodos de análise conjunta a variância será particionada entre diversas outras covariáveis (marcadores).

Ao avaliar cada marcador individualmente, possivelmente estaremos contando com bancos de dados distintos, pois teremos diferentes números de animais genotipados e diferentes dados fenotípicos para cada marcador. Isto invariavelmente proporciona valores produtivos médios desiguais dos animais, mesmo que sejam da mesma população, poderão pertencer a safras diversas, logo, resultará em parâmetros genéticos exclusivos para cada marcador. Deste modo, um dado marcador poderá ser considerado associado a uma característica, entretanto, apenas para esta pequena amostra da população que foi avaliada. Como consequências poderão ocorrer resultados errôneos de associação, dado o reduzido poder de inferência deste tipo de análise para a população como um todo.

A análise considerando apenas os animais genotipados apresenta como vantagem a utilização dos animais da safra atual, ou ao menos de safras recentes. Estes animais estão carreando os genes de interesse no atual momento e possuem ascendentes que já passaram por processos de seleção tradicional.

Outro fator relacionado refere-se a quais animais do rebanho foram genotipados, em muitos casos apenas os animais elite, ou seja, os melhores pela avaliação tradicional são genotipados, devido aos custos do procedimento. Esta genotipagem seletiva dos animais pode não representar adequadamente a população, sendo genotipados animais de apenas um sexo por exemplo. Em um trabalho realizado por Splangler et al., (2008) sobre quais animais genotipar para obter a maior informação genética da população, estes autores concluíram que a genotipagem apenas de machos ou de machos e fêmeas apresentou resultado semelhante,

nesse estudo foi utilizado um pedigree real de bovinos de corte, porém os autores salientam que cada pedigree tem suas particularidades.

Em características que requerem o sacrifício dos animais para a coleta do fenótipo, os melhores reprodutores dificilmente serão abatidos, assim não existiram seus fenótipos para determinadas características, por outro lado nem todos os animais abatidos terão seu genótipo coletado, pois muitas vezes são considerados refugos, não sendo economicamente viável a sua genotipagem.

Como visto, os resultados da genotipagem de uma população está atrelada a amostra coletada, a qual pode ter grandes influências devido ao número relativo dos animais genotipados em relação ao tamanho da população, e também a escolha e pré-seleção dos animais. A seleção aleatória de animais para genotipagem dentro do rebanho antes de processos de seleção possibilita encontrar genes potencialmente envolvidos com a característica em questão. Pode ocorrer após o procedimento de seleção uma diminuição da variação fenotípica bem como genética relacionada à característica, diminuindo assim a capacidade de predição da possível associação de determinado marcador. Entretanto, Spangler et al., (2008) relatam que a seleção aleatória de animais para a genotipagem não é o ideal e inúmeras alternativas existem, como a seleção dos animais baseada na matriz de parentesco.

Todos estes procedimentos que podem alterar as frequências gênicas e genotípicas poderão influenciar fortemente os resultados de associação de marcadores moleculares a características produtivas bem como a estimação de parâmetros genéticos. Neste estudo foram utilizados dados genéticos de bovinos machos que sofreram processos de seleção, porém estes são os animais que realmente estão carreando os genes desejáveis desta população.

Propondo alternativas para as análises de associação individuais dos marcadores com número restrito de animais genotipados foram desenvolvidos os métodos 2, 4 e 5. Nestes métodos a análise de associação usufrui das informações de todos os animais que possuem dados produtivos mensurados para uma dada característica, que geralmente são em uma quantidade muito maior do que os dados moleculares. Assim sendo, aumenta muito o número de dados na análise de associação. Estes métodos possibilitam que todos os marcadores possam ser analisados conjuntamente utilizando-se os mesmos dados produtivos, e um número total de animais igual para todos os marcadores, independente do número de animais previamente genotipados. Este fator é de fundamental importância, pois os dados fenotípicos utilizados são os mesmos para todos os marcadores, assim como os parâmetros genéticos também serão os mesmos, padronizando a base de comparação dos SNP's, além de permitir a

interação entre os seus efeitos nos métodos de análise conjunta (2, 4 e 5). Dado que estes métodos não ficam limitados apenas à amostra de animais genotipados, podem ser considerado mais justos, uma vez que realizam uma comparação igualitária entre todos os marcadores em estudo, sendo esta uma análise de proporções populacionais.

Para a viabilização desta metodologia de análise é necessário um método para a geração dos genótipos de todos os animais que não foram genotipados, uma das alternativas é conhecida como imputação. De posse dos genótipos da amostragem escolhida e possuindo um arquivo de pedigree dos animais é possível estimar os genótipos de todos os animais que possuam parentesco com os animais genotipados.

A análise conjunta dos marcadores disponíveis permite a interação entre os efeitos das covariáveis, onde o efeito de uma poderá suprimir o efeito de outra, fato este que pode estar relacionado a efeitos de interação gênica ou qualquer outra interação aleatória. Na análise individual de cada marcador isto não é possível. Todavia para confirmação da interação gênica seria necessário conhecer os marcadores, sua localização e efeito fisiológico, bem como as suas rotas metabólicas para saber se pode estar ocorrendo alguma influência mútua entre eles. Como a maioria das características produtivas de interesse são consideradas quantitativas, ou seja, controladas por um grande número de genes, os efeitos epistáticos poderão ocorrer.

Os atuais estudos sobre interação gênica (PINTO et al., 2010; BARENDSE et al., 2007) são realizados com dois marcadores simultaneamente, e para isto faz-se necessária todas as combinações genotípicas entre eles, ou seja, presença dos três genótipos possíveis para cada marcador e todas as combinações entre estes genótipos de cada marcador. Isso em muitos casos torna-se inviável devido ao grande número de animais necessários e muitas vezes nos deparamos com uma baixa frequência de um dos alelos, inviabilizando a obtenção de todas as combinações genotípicas requeridas. Acasalamentos dirigidos poderiam ser uma alternativa neste tipo de estudos, porém na bovinocultura de corte o controle de grandes populações e a realização dos acasalamentos adequados em larga escala é demasiadamente complexo.

Enquanto não temos a possibilidade de trabalhar com todo o genoma do animal, incorremos no risco de ao deixar de fora apenas um SNP, o mesmo poderá ter efeitos epistáticos sobre algum dos demais marcadores levando a erros nas estimativas. Ao trabalhar com um *pool* de marcadores com uma boa distribuição de suas frequências genotípicas podemos estar excluindo marcadores que apesar da baixa frequência possam ter grandes efeitos favoráveis nas características produtivas e ainda devido a sua baixa frequência quando

corretamente selecionados poderiam promover um grande impacto na população. Porém é questionável a eficiência na determinação da associação do marcador com a característica produtiva quando este não possui uma boa frequência de todos os genótipos, reduzindo assim o poder de diferenciação do efeito de seus alelos.

A análise conjunta dos marcadores utilizando todos os dados fenotípicos disponíveis de animais aparentados tem como pré-requisito uma genealogia de qualidade e confiável, aumentando o poder de inferência da probabilidade dos genótipos, alcançando assim uma maior acurácia na predição. Sua grande vantagem aparece em função do número de animais com dados produtivos que sejam aparentados, podendo multiplicar o total de animais utilizados na análise de associação. Como exemplo neste estudo o marcador 3 possuía apenas 1.366 animais genotipados e na análise de associação com peso a desmama, atingiu um total de 14.301 animais que possuíam dados fenotípicos para esta característica. Mesmo com esta metodologia fica evidente que é necessário que um número representativo de animais seja genotipado, e que o marcador possua boas frequências gênicas e distribuição dos genótipos.

Partindo da premissa que seja mais adequada a análise de associação utilizando todos os dados fenotípicos com todos os marcadores simultaneamente, e mesmo tendo a possibilidade de incluir milhares de SNP's simultaneamente, talvez não devemos incluir todos estes marcadores devido a baixa frequência de determinados genótipos de um marcador, o que ocasiona uma baixa capacidade estatística de analisá-lo adequadamente. Com a atual capacidade de genotipagem de centenas de milhares de SNP's por animal esta questão torna-se ainda mais evidente. Dado que a grande parte destes SNP's possivelmente estarão fixados em populações da raça Nelore, ou mesmo de outras raças que não foram largamente utilizadas para a realização do chip de SNP's. A seleção de um *pool* de SNP's pode ser uma alternativa com resultados mais adequados e promissores a longo prazo. Contudo, alguns métodos de seleção genômica atuais viabilizam um melhor ajuste dos efeitos dos SNP's em painéis densos.

Cabe ressaltar que estudos de prospecção de SNP's na raça Nelore é de grande valia, buscando marcadores com boas distribuições de seus genótipos e frequências gênicas, construindo assim uma base melhor para estudos de associação de marcadores a características produtivas.

No estudo realizado consideramos que o segundo método foi o mais adequado, devido a realização da análise em conjunto de todos os marcadores e utilização de todos os dados fenotípicos disponíveis. Por este método foi possível identificar entre 1 e 5 marcadores com efeitos relevantes ($P < 0,05$), para cada característica componente do índice de seleção. A

variância genética e fenotípica explicada pelos marcadores relevantes pelo método 2 pode ser observada na Tabela 28.

Tabela 28 - Percentual de variância genética (GEN) e fenotípica (FEN) explicada pelos marcadores relevantes pelo segundo método de análise.

SNP	PD (N=14.301)	GPSOB (N=11.095)	M (N=10.823)	PE (N=6.275)
	GEN ; FEN	GEN ; FEN	GEN ; FEN	GEN ; FEN
1		7,69 ; 2,68		
2				
3			11,34 ; 2,36	
4	4,63 ; 0,82			
5			5,28 ; 1,10	
6				
7				
8			0,64 ; 0,13	0,45 ; 0,13
9		0,29 ; 0,10		
10			0,74 ; 0,15	
11				
12				
13		0,29 ; 0,10	1,56 ; 0,33	
Total (%)	4,63 ; 0,82	8,27 ; 2,88	19,56 ; 3,92	0,45 ; 0,13

N = número de dados fenotípicos disponíveis

Os métodos 4 e 5 foram desenvolvidos basicamente para observar se ocorreriam alterações nos marcadores que haviam sido identificados com efeitos relevantes ou sugestivos por outros métodos (2 e 3), e assim poder analisar os resultados e poder inferir causas e consequências.

No peso a desmama (PD) houve pequenas mudanças nos marcadores com efeitos sugestivos comparando-se o método 2 e 4. No entanto, nesta característica na comparação dos métodos 3 e 5 foi possível observar as maiores mudanças nas probabilidades, sendo que a maioria dos marcadores identificados com efeitos relevantes pelo terceiro método diminuíram sua probabilidade pelo quinto método. No GPSOB as alterações ocorrerão apenas em marcadores com efeitos sugestivos (6 e 8), alterando levemente os valores de probabilidade.

Para o escore de musculatura (M) o marcador 8 que apresentava pouca probabilidade ($P=0,1144$) através do método 3 quando foi analisado pelo método 5 demonstrou probabilidade de $P=0,0199$, contudo os marcadores 9 e 12 deixaram de apresentar efeitos relevantes pelo quinto método. Na análise de associação com PE o marcador 7 apresentou efeito sugestivo apenas quando analisado em conjunto com os 13 marcadores (método 2), quando analisado pelo método 4 este efeito desapareceu. Os marcadores 9 e 10 que apresentaram efeitos sugestivos pelo terceiro método, através do quinto método para estes marcadores não foram identificados efeitos ($P>0,10$).

Avaliando os resultados da comparação destes métodos podemos observar que quando o conjunto de marcadores analisados é diferente (comparação do método 2 com 4, ou 3 com 5) em alguns casos o resultado encontrado de associação dos marcadores mudou e isto pode ser devido a efeitos de interação entre os marcadores. Na maioria dos marcadores a probabilidade dos efeitos observados aumentou nos métodos 4 e 5, possivelmente devido ao menor número de covariáveis contidas na análise, porém em alguns casos diminuiu. Grande parte das mudanças ocorreram nos marcadores com efeitos sugestivos, sendo que poucas mudanças foram observadas nos marcadores altamente relevantes. Isto pode indicar que devemos considerar apenas os efeitos altamente relevantes ($P<0,01$) em estudos de associação de marcadores moleculares com características produtivas.

Uma das questões que pode ser levantada nas análises de associação que usufruem dos dados produtivos de todos os animais aparentados da população é a utilização de animais de gerações, safras e idades distintas que possivelmente tem genótipos e frequências gênicas também distintas, gerando uma média que talvez não colabore muito na atual seleção, a qual pode ter um direcionamento diferente dos objetivos de seleção anteriores.

Um enfoque que pode ser utilizado para futuras análises de associação de marcadores é a realização da análise de associação para todas as características componentes do índice de seleção simultaneamente. Neste caso seria realizada uma análise multi-característica entre todas as componentes do índice com todos os marcadores disponíveis.

O estudo realizado possibilitou verificar que os marcadores moleculares SNP contidos no painel avaliado tem efeitos nas características componentes do índice de seleção, portanto, estão bem selecionados. Porém, os SNP's não são capazes de explicar muito da variância genética tampouco da variação fenotípica (Tabela 28). Assim, não devem ser utilizados isoladamente porque sua capacidade preditiva é muito menor que um modelo linear com BLUP.

7. CONCLUSÕES

Todas as catorze características estudadas são passíveis de seleção esperando progresso genético na população. A herdabilidade para o efeito genético direto variou entre 0,14 a 0,47, sendo que a grande maioria apresentou magnitude moderada.

Os efeitos maternos foram importantes em algumas características onde usualmente este efeito não é explorado, como as características de carcaça mensuradas por ultrassom e o perímetro escrotal.

Características categóricas podem ser estudadas com modelos lineares desde que apresentem um número elevado de dados fenotípicos e uma escala de valores que permita a distribuição normal dos dados, como é o caso dos escores de C, P e M, contudo características como o escore de comprimento de umbigo e escore de ossatura necessitam ser estudados por modelos de limiar.

Não podem ser esperados resultados satisfatórios na melhoria das características de carcaça mensuradas por ultrassom a partir da seleção dos animais realizada através das tradicionais avaliações visuais e desempenho ponderal avaliados na população estudada. Portanto, a realização da ultrassonografia é fundamental para a melhoria da carcaça dos animais na população avaliada.

Os resultados da análise de associação podem ser diferentes conforme o método utilizado. Os marcadores que apresentaram efeitos de associação altamente relevantes ($P < 0,01$) em um método de análise geralmente continuam com o mesmo comportamento mesmo quando analisados por outros métodos, indicando que devem ser utilizados na seleção assistida por marcadores moleculares apenas aqueles SNP's que apresentarem efeitos de grande probabilidade. A utilização de alguns marcadores para a seleção de uma característica poderá influenciar negativamente outra característica componente do índice de seleção, como também poderá ocorrer melhoria nas demais características. A análise em conjunto com todos os SNP's e todos os dados fenotípicos disponíveis é viável e parece ser a mais adequada.

REFERÊNCIAS

- ABIEC. Disponível em: <<http://www.abiec.com.br>>. Acesso em: 07 out. 2010. Acesso em: 07 out 2010.
- ALBUQUERQUE, L.G.; OLIVEIRA, H.N. Genetic parameter estimates for ultrasound measurements and visual scores in Nelore cattle. In: ANNUAL MEETING OF THE EAAP, 53., 2002, Cairo. **Anais...** Cairo: EAAP, 2002. (CD-ROM).
- ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of direct and maternal genetics effects for weights from birth to 600 days of age in Nelore Cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v.118, n.2, p.83-92, 2001.
- ANDRIGHETTO, C.; JORGE, A.M.; CERVIERI, R.C. et al. Relação entre medidas ultrassônicas e da carcaça de bubalinos Murrah abatidos em diferentes períodos de confinamento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.38, n.9, p.1762-1768, 2009.
- ARAÚJO, R.O.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T. et al. Componentes de (co)variância para perímetro escrotal e características de escores visuais em uma população multirracial Angus-Nelore. **Anais...** VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2008, São Carlos - SP. VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2008.
- BAILEY, C.M.; JENSEN, J.; ANDERSEN, B. B. et al. Ultrasonic scanning and body measurements for predicting composition and muscle distribution in young Holstein x Friesian bulls. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.63, p.1337-1346, 1986.
- BALANÇO da pecuária bovina de corte. ABIEC 2009. Disponível em: <<http://www.abiec.com.br/download/balanco.pdf>>. Acesso em: 07 out. 2010.
- BARENDSE, W.; HARRISON, B.E.; HAWKEN, R.J.; et al. Epistasis between calpain 1 and its inhibitor calpastatin within breeds of cattle. **Genetics**, Austin, v.176, p.2601-2610, 2007.
- BARICHELLO, F.; ALENCAR, M.M.; TORRES JÚNIOR R.A.A.; et al. Herdabilidade e correlações quanto a peso, perímetro escrotal e escores visuais à desmama, em bovinos Canchim. **Pesquisa. Agropecuária. Brasileira**, Brasília, v.45, n.6, p.563-570, 2010.
- BARROZO D.; THOLON, P. BUZANSKAS, M.E. ET AL. Efeitos de ambiente sobre os escores visuais ao sobreano em bovinos Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 46., 2009, Maringá. **Anais...** Maringá: Sociedade Brasileira de Zootecnia, [2009] (CD-ROM).
- BERTRAND, J.K. Using actual and ultrasound carcass information in beef genetic evaluation programs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.38, p.58-63, 2009.
- BERTRAND, J.K.; GREEN, R.D.; HERRING, W.O. et al. Genetic evaluation for beef carcass traits. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.70, p.190-200, 2001.
- BIGNARDI, A.B.; GORDO, D.G.M.; ALBUQUERQUE, L.G.; et al. Parâmetros genéticos de escores visuais de umbigo e suas relações com as características de crescimento. **Anais...** VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2008, São Carlos - SP. VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2008.
- BRETHOUR, J.R. The repeatability and accuracy of ultrasound in measuring backfat of cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.70, n.4, p.1039-1044, 1992.
- BRETHOUR, J.R. Using receiver operating characteristic analysis to evaluate the accuracy in predicting future quality grade from ultrasound marbling estimates on beef calves. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.78, p.2263-2268, 2000.
- CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, n.2, p.313-319, 2004.

- CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Fatores ambientais sobre escores de avaliação visual a desmama em bezerros Angus criados no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.30, n.2, p.318-325, 2001.
- CEPEA PIB do Agronegócio. Disponível em: http://www.cepea.esalq.usp.br/pib/other/Cepea_PIB_BR%201994%202008.xls>. Acesso em: 07 out. 2010.
- COSTA, G.Z.; QUEIROZ, S.A.; OLIVEIRA, J.A. ET AL. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de escores visuais e de ganho médio de peso do nascimento a desmama de bovinos formadores da raça brangus. **ARS Veterinária**, Jaboticabal, v. 24, n.3, p.172-176, 2008.
- CREWS, D.H.; KEMP, R.A. Genetic evaluation of carcass yield using ultrasound measures on young replacement beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.80, p.1809-1818, 2002.
- CREWS, D.H.; POLLAK, E.J.; WEABER, R.L. et al. Genetic parameters for carcass traits and their live animal indicators in Simmental cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.81, p.1427-433, 2003.
- CUCCO, D.C.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. et al. Genetic parameters for postweaning traits in Braunvieh cattle. **Genetics and Molecular Research**, Online, v.9, p.545-553, 2010.
- CUCCO, D.C.; FERRAZ, J.B.S.; PINTO, L.F.B. et al. Genetic parameters for pre-weaning traits in Braunvieh cattle. **Genetics and Molecular Research**, Online, v.8, p.291-298, 2009.
- CUCCO, D.C.; VARONA, L.; FERRAZ, J.B.S. et al. Herdabilidade das características de estrutura corporal e correlações genéticas e fenotípicas com as características de carcaça mensuradas por ultrassonografia em bovinos Nelore. **Anais... VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal**, 2010, Maringá. **Anais do VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal**, 2010. v. VIII.
- DAVIS, J.K.; LONG, R.A.; SAFFLE, E.P. et al. Use of ultrasonics and visual appraisal to estimate total muscling in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.23, p.638-644, 1964.
- DEVITT, C.J.B.; WILTON, J.W. Genetic correlation estimates between ultrasound measurements on yearling bulls and carcass measurements on finished steers **Journal of Animal Science**, Champaign, v.79, p.2790-2797, 2001.
- DIAS L.T.; EL FARO L.; ALBUQUERQUE L.G. Estimativas de herdabilidade para perímetro escrotal de animais da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.6, p.1878-1882, 2003.
- DIBIASI, N.F.; THOLON, P.; BARROZO, D. et al. Estimativas de correlações genéticas entre características de carcaça medidas por ultrassonografia e por escores visuais em touros Brangus. **ARS Veterinária**, Jaboticabal, v.26, p.32-37, 2010.
- ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, P.R.. Parâmetros Genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.48, n.2, p. 203-213, 1996.
- ELER, J.P.; VAN VLECK, L.D.; FERRAZ, J.B.S. et al. Estimation of Variances Due to Direct and Maternal Effects for Growth Traits of Nelore Cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.73, p. 3253-3258, 1995.
- ESTRUTURA da cadeia da Carne Bovina Brasileira (2009). ABIEC 2009. Disponível em: http://www.abiec.com.br/download/fluxo_por.pdf>. Acesso em: 07 out 2010.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Essex: Addison Wesley Longman Ltda., 1996.

- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimativas de correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassonografia em bovinos Nelore utilizando modelos bayesianos linear-limiar. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.38, n.11, p.2144-2151, 2009.
- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária brasileira**, Rio de Janeiro, v.43, n.7, p.835-841, 2008.
- FERNANDEZ, S.A.; FERNANDO, R.L.; GULDBRANDSTEN, B. et al. Sampling genotypes in large pedigrees with loops. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v.33, p.337-367, 2001.
- FERNANDO, R.L.; GROSSMAN, M. Marker Assisted Selection Using Best Linear Unbiased Prediction. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v.21, p.467-477, 1989.
- FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C. et al. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**, Curitiba, v.7, n.1, p.65-69, 2002.
- FERRAZ, J.B.S.; FELÍCIO, P.E. Production systems: an example from Brazil. **Meat Science**, Oxford, v.84, p.238-243, 2010.
- FIGUEIREDO, L.G.G. **Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaças feitas por ultra-sonografia em bovinos da raça Nelore**. Pirassununga, 2001. 67f. Dissertação (mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos – FZEA, Pirassununga, 2001.
- FORNI, S.; FEDERICI, J.F.; ALBUQUERQUE, L.G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura à desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.36, n.3, p.572-577, 2007.
- FRIES, L. A. Usos de escores visuais em programas de seleção para a produtividade em gado de corte. In: SEMINÁRIO NACIONAL - REVISÃO DE CRITÉRIOS DE SELEÇÃO E JULGAMENTO EM GADO DE CORTE. **Anais...** Uberaba, 1996. p. 1-6.
- FRIES, L.A. **Sugestões e bases para um programa de produção de gado de corte, a nível de fazenda, no Rio Grande do Sul**. 185p. Dissertação de Mestrado, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 1974.
- GELDERMANN, H. Investigation on inheritance of quantitative characters in animals by gene markers. 1. Methods. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.46, p.319-330, 1975.
- GERSTMAYR, S. Impact of the data structure on the reliability of the estimated genetic parameters in an animal model with maternal effects. **Journal of animal breeding and genetics**, Berlin, v.109, p.321-336, 1992.
- GEWEKE, J., 1992. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to calculating posterior moments. In: Bernardo, J.M., Berger, J.O., Dawid, A.P., Smith, A.F.M. (Eds.), **Bayesian Statistics**, vol. 4. Clarendon Press, Oxford, pp. 169- 193.
- GIANOLA, D.; PEREZ-ENCISO, M.; TORO, M.A. On Marker-Assisted Prediction of Genetic Value: Beyond the Ridge **Genetics**, Austin, v.163, p.347-365, 2003.
- GREINER, S.P.; ROUSE, G.H.; WILSON, D.E. et al. The relationship between ultrasound measurements and carcass fat thickness and longissimus muscle area in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.81, p.676-682, 2003.
- HABIER, D.; FERNANDO, R.L.; DEKKERS, J.C.M. Genomic selection using low-density SNP. **Genetics**, Austin, v.182, p.343-353, 2009.
- HABIER, D.; FERNANDO, R.L.; DEKKERS, J.C.M. The impact of genetic relationship information on genome-assisted breeding values. **Genetics**, Austin, v.177, p.2389-2397, 2007.

- HAZEL, L.N.; KLINE, E.A. Ultrasonic measurement of fatness in swine. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.18, p.815-819, 1959.
- HENDERSON, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under abselection model. **Biometrics**, Washington, v.31, p.423-439, 1975.
- HERRING, W.O.; MILLER, D.C.; BERTRAND, J.K. et al. Evaluation of machine, technician, and interpreter effects on ultrasonic measures of backfat and longissimus muscle area in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.72, p.2216-2226, 1994.
- HOCQUETTE, J.F.; LEHNERT, S. BARENDSE, W et al. Recent advances in cattle functional genomics and their application to beef quality. **Animal**, v.1, p.159-173, 2007.
- IBGE 2006 – Censo agropecuário 2006. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/pecua/default.asp?t=2&z=t&o=22&u1=1&u2=1&u3=1&u4=1&u5=1&u6=1&u7=1>. Acesso em: 07 out. 2010.
- IBGE 2008 – Pesquisa pecuária municipal 2008. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/pecua/default.asp?t=2&z=t&o=22&u1=1&u2=1&u3=1&u4=1&u5=1&u6=1&u7=1> >. Acesso em: 07 out. 2010.
- JOHNSON, M.Z.; SCHALLES, R.R.; DIKEMAN, M.E.; et al. Genetic Parameter estimates of ultrasound measured Longissimus muscle area and 12 th rib fat thickness in Brangus cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.71, p.2623-2630. 1993.
- JORGE JR., J. **Efeitos genéticos e de ambiente sobre os escores visuais de conformação, precocidade e musculatura, no período pré-desmama, em bovinos da raça Nelore**. Jaboticabal: 2002. 76f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista – UNESP, Jaboticabal, 2002.
- JORGE JR., J.; PITA, F.V.C.; FRIES L.A. et al. 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**, Viçosa, v.30, n.6, p.1697-1703, 2001.
- KIPPERT, C.J.; RORATO, P.R.N.; CAMPOS, L.T. et al. Efeito de fatores ambientais sobre escores de avaliação visual a desmama e estimativa de parâmetros genéticos, para bezerros da raça Charolês. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.36, n.2, p.579-585, 2006.
- KOOTS, K.R.; GIBSON, J.P.; SMITH, C. et al. Analysis of published genetic parameters estimates for beef production traits. 1 - Heritability. **Animal Breeding Abstracts**, Edinburgh, v.62, n.5, p.309-338, 1994.
- KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; FORNI, S.; et al. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.39, n.5, p.1015-1022, 2010.
- KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M. et al. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.38, n.12, p.2362-2367, 2009.
- KOURY FILHO, W.; JUBILEU J.S.; ELER J.P. et al. Parâmetros genéticos para escores de umbigo e características de produção em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.55, n.5, p.594-598, 2003.
- KRIESE, L.A.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Genetic and environmental growth trait parameter estimates for Brahman and Brahman-derivative cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.69, p.2362-2370. 1991.
- LAGOS, F.; FITZHUGH JR, H.A. Factors influencing preputial prolapse in yearling bulls. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.30, p.949-952, 1970.
- LANDE, R.; THOMPSON, R. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. **Genetics**, Austin, v.124, p.743-756, 1990.

- LEGARRA, A.; VARONA, L.; LÓPEZ DE MATURANA, E.. **TM : Threshold Model**. [S.l.:s.n.], 2008.
- LIMA NETO, H.R.; BERGMANN, J.A.G.; GONÇALVES, T.M et al. Parâmetros genéticos para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia em bovinos da raça Guzerá. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.61, n.1, p.251-258, 2009.
- LÔBO, R.N.B.; MADALENA, F.E.; VIEIRA, A.R. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Animal Breeding Abstracts**, Edinburgh, v.68, p.433-462, 2000.
- LONG, R.A. **The Ankony Scoring System**. 21p. Colorado: Ankony Corporation, Grand Junction. 1973.
- LUCHIARI FILHO, A. **A Pecuária da carne bovina**, 1ed. São Paulo: R. Vieira, 2000.
- MANIATIS, N.; POLLOTT, G.E. The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.81, p.101-108, 2003.
- MAY, S.G.; MIES, W.L.; EDWARDS, J.W. et al. Using live estimates and ultrasound measurements to predict beef carcass cutability. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.78, p.1255-1262. 2000.
- MCLAREN, D.G.; NOVAKOFSKI, J.; PARRETT, D.F. Study of operator effects on ultrasonic measures of fat depth and longissimus muscle area in cattle, sheep and pigs. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.69, p.54-66, 1991.
- MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B.; REYES, A. Parámetros genéticos para características de crecimiento en cebuínos de carne: una revisión. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, Mayaguez, v.3, p.45-89, 1995.
- MEUWISSEN, T.; GODDARD, M. The Use of Family Relationships and Linkage Disequilibrium to Impute Phase and Missing Genotypes in Up to Whole-Genome Sequence Density Genotypic Data. **Genetics**, Austin, v.185, p.1441-1449.2010.
- MEUWISSEN, T.H.E.; HAYES B.J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, Austin, v.157, p.1819-1829, 2001.
- MEYER, K. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationships to early growth and skeletal measures. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.44, p.125-137, 1995.
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.31, p.179-202, 1992.
- MILLER, M.F.; CROSS, H.R.; SMITH, G.C. et al. Evaluation of live and carcass techniques for predicting beef carcass composition. **Meat Science**, Barking, v.23, p.III-129, 1986.
- MOSER, D.W.; BERTRAND, J.K.; MISZTAL, I. et al. Genetic Parameter Estimates for Carcass and Yearling Ultrasound Measurements in Brangus Cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.76, p.2542-2548, 1998.
- NEPHAWE, K.A.; CUNDIFF, L.V.; DIKEMAN, M.E. et al. Genetic relationships between sex-specific traits in beef cattle: Mature weight, weight adjusted for body condition score, height and body condition score of cows, and carcass traits of their steer relatives. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.82, p.647-653, 2004.
- NEWMAN, S.; MORRIS, C.A.; BAKER, R.L. et al. Genetic improvement of beef cattle in New Zealand: breeding objectives. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.32, p.111-130, 1992.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.81, p.918-926, 2003.

- O NELORE e o Nelore mocho. ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU. Disponível em: <www.abcz.org.br/site/tecnica/racas/nel.php>. Acesso em: 07 out. 2010.
- ODDY, V.H.; HARPER, G.S.; GREENWOOD, P.L. et al. Nutritional and development effects on intrinsic properties of muscles as they relate to eating quality of beef. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, Melbourne, v.41, p 921-942, 2001.
- OLERUP, O.; ZETTERQUIST, H. HLA-DR typing by PCR amplification with sequence-specific primers (PCR-SSP) in 2 hours: an alternative to serological DR typing in clinical practice including donor-recipient matching in cadaveric transplantation. **Tissue Antigen**, v.39, p.225-235, 1992.
- PECUÁRIA brasileira. ABIEC 2010. Disponível em: <http://www.abiec.com.br/3_pecuaria.asp>. Acesso em: 07 out. 2010.
- PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Análise genética de características reprodutivas na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Rio de Janeiro, v.37, n.5, p.703-708, 2002.
- PEREIRA, E.; ELER, J.P. e FERRAZ, J.B.S. Análise genética de algumas características reprodutivas e suas relações com o desempenho ponderal na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte. v.53, n.6, p.720-727, 2001.
- PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Correlação genética entre perímetro escrotal e algumas características reprodutivas na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.6, p.1676-1683, 2000.
- PEREIRA, M.C.; YOKOO, M.J.; BIGNARDI, A.B. et al. Altura da garupa e sua associação com características reprodutivas e de crescimento na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Rio de Janeiro, v.45, n.6, p.613-620, 2010.
- PERKINS, T.L.; GREEN, R.D.; HAMLIN, K.E. et al. Ultrasonic prediction of carcass merit in beef cattle: evaluation of technician effects on ultrasonic estimates of carcass fat thickness and longissimus muscle area. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.70, p.2758-2765, 1992a.
- PERKINS, T.L.; GREEN, R.D.; HAMLIN, K.E. Evaluation of ultrasonic estimates of carcass fat thickness and longissimus muscle area in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.70, p.1002-1010, 1992.
- PESQUISA Top 50 Beefpoint de Confinamentos. BEEFPOINT, 2009. Disponível em: <http://www.beefpoint.com.br/top50/PesquisaTop50BeefPointdeConfinamento2009-10.pdf>>. Acesso em: 07 out 2010.
- PINHEIRO, R.S.; JORGE, A.M.; YOKOO, M.J. Correlações entre medidas determinadas *in vivo* por ultrassom e na carcaça de ovelhas de descarte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.39, n.5, p.1161-1167. 2010.
- PINTO, L.F.B.; FERRAZ, J.B.S.; MEIRELLES, F.V. et al. Association of SNPs on CAPN1 and CAST genes with tenderness in Nellore cattle. **Genetics and Molecular Research**, online, v.9, p.1431-1442, 2010.
- PRICE, J.F.; PEARSON, A.M.; PFOST, H.B. et al. Application of Ultrasonic Reflection Techniques in Evaluating Fatness and Leanness in Pigs. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.19, p.381-387, 1960.
- PRODUÇÃO mundial de carne bovina. ABIEC 2010. Disponível em: <http://www.abiec.com.br/download/stat_mercadomundial.pdf>. Acesso em: 07 out. 2010.
- QUEIROZ, S.A.; COSTA, G.Z.; OLIVEIRA, J.A. et al. Efeitos ambientais e genéticos sobre escores visuais e ganho de peso à desmama de animais formadores da raça Brangus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.38, n.2, p.277-283, 2009.

- R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010 R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
- RAFTERY, A.E., LEWIS, S.M., 1992. How many iterations in the Gibbs sampler. In: Bernardo, J.M., Berger, J.O., David, A.P., Smith, A.F.M. (Eds.), **Bayesian Statistics**, vol. 4. Clarendon Press, Oxford, p. 763– 773.
- RELATÓRIO estatístico de produção, importação e comercialização de sêmen. ASBIA 2009. Disponível em: <http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/relatorio2009.pdf>>. Acesso em: 07 out 2010.
- REVERTER, A; JOHNSTON, D.J.; GRASER, H.U .et al. Genetic analyses of live-animal ultrasound and abattoir carcass traits in Australian Angus and Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.78, p.1786-1795, 2000.
- RIBEIRO, S.; BERTAZZO, R.P.; BALIEIRO, J.C.C. et al. Estimativas de Parâmetros Genéticos para algumas características relacionadas ao FRAME em Bovinos de Corte **Anais...** V Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2004, Pirassununga - SP. V Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2004.
- RILEY, D.G.; CHASE JR, C.C.; HAMMOND, A.C. et al. Estimated genetic parameters for carcass traits of Brahman cattle. **Journal of Animal Science**, v.80, p.955-962, 2002.
- ROBINSON, D.L.; HAMMOND, K.; MCDONALD, C.A.. Live Animal Measurement of Carcass Traits: Estimation of Genetic Parameters for Beef Cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.71, p.1128-1135, 1993.
- ROBINSON, D.L.; Mc DONALD, C.A.; HAMMOND, K. et al. Live animal measurement of carcass traits by ultrasound: assessment and accuracy of sonographers. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.70, p.1667-1676, 1992.
- SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L. et al. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariância. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.4, p.864-874, 2003.
- SARMENTO, J.L.R.; PIMENTA FILHO, E.C.; RIBEIRO, R.M.F. et al. Efeitos ambientais e genéticos sobre ganho em peso diário de bovinos Nelore no estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.2, p.325-330, 2003.
- SHEPARD, H.H.; GREEN, R.D.; GOLDEN, B.L. et al. Genetic Parameter Estimates of Live Animal Ultrasonic Measures of Retail Yield Indicators in Yearling Breeding Cattle. **Journal of Animal Science**. Champaign, v.74, p.761–768, 1996.
- SHIOTSUKI, L., SILVA, J.A.II.V.; TONHATI, H. et al. Genetic associations of sexual precocity with growth traits and visual scores of conformation, finishing, and muscling in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.87, p.1591-1597, 2009.
- SILVA, J.A. II V.; VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P. et al. Estimação de parâmetros genéticos para probabilidade de prenhez aos 14 meses e altura na garupa em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, p.1141–1146, 2003a.
- SILVA, S.L.; LEME, P.B.; PEREIRA, A.S.C. et al. Correlações entre características de carcaça avaliadas por ultra-som e pós-abate em novilhos Nelore, alimentados com altas proporções de concentrado. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.5, p.1236-1242, 2003b.
- SILVA, S.L., LEME, P.R., PUTRINO, S.M. et al. Estimativa da Gordura de Cobertura ao Abate, por Ultra-Som, em Tourinhos Brangus e Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, n.2, p.511-517, 2004.
- SMITH, B.J. (2004). boa: Bayesian Output Analysis Program (BOA) for MCMC. R package version 1.1.2-1, URL <http://www.public-health.uiowa.edu/boa>.
- SMITH, C.; SIMPSON, S.P. The use of genetic polymorphisms in livestock improvement. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v.103, p.205-217, 1986.

- SOLLER, M. The use of loci associated with quantitative traits in dairy cattle improvement. **Animal Production**, Bletchley, v.27, p.133-139, 1978.
- SPANGLER, M.L.; SAPP, R.L.; BERTRAND, J.K. et al. Genetic information known in the population Different methods of selecting animals for genotyping to maximize the amount of genetic information known in the population. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.86, p.2471-2479, 2008.
- SPLAN, R.K.; CUNDIFF, L.V.; DIKEMAN, M. E. et al. Estimates of parameters between direct and maternal genetic effects for weaning weight and direct genetic effects for carcass traits in crossbred cattle. **Journal of Animal Science**. Champaign, v.80, p.3107-3111, 2002.
- STELZLENI, A. M.; PERKINS, T.L.; BROWN JR, A.H. et al. Genetic parameter estimates of yearling live animal ultrasonic measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Science**. Champaign, v.80, p.3150-3153, 2002.
- STOUFFER, J.R.; WALLENTINE, M.V.; WELLINGTON, G.H. et al. Development and Application of Ultrasonic Methods for Measuring Fat Thickness and Rib-Eye Area in Cattle and Hogs. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.20, p.759-767, 1961.
- SUMÁRIO DE TOUROS NELORE CFM 2009. Agro-Pecuária CFM, São José do Rio Preto: Agro-Pecuária CFM, 2009. 54 p.
- TAROUCO, J.U.; LOBATO, J.F.P.; TAROUCO, A.K. et al. Comparação entre medidas ultra-sônicas e da carcaça na predição da composição corporal em bovinos. Estimativas do peso e da porcentagem dos cortes comerciais do traseiro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.36, n.6, p.2092-2101, 2007.
- TAROUCO, J.U.; LOBATO, J.F.P.; TAROUCO, A.K. et al. Relação entre medidas ultra-sônicas e espessura de gordura subcutânea ou área de olho de lombo na carcaça de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.34, n.6, p.2074-2084, 2005.
- TAROUCO, J.U. História do ultra-som no Brasil. **Anais... 1º Workshop de ultrassonografia para avaliação de carcaça bovina**. Pirassununga – SP. 2004
- THALLMAN, R.M.; BENNETT, G.L.; KEELE, J.W. et al. Efficient computation of genotype probabilities for loci with many alleles: I. Allelic peeling. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.79, p.26-33, 2001.
- THOMAS, D.C.; GAUDERMAN, W.J. Gibbs sampling methods in genetics. In: GILKS, W.R.; RICHARDSON, S.; SPIEGELHALTER, D.J. **Markov Chain Monte Carlo in Practice**. 1ed. London: Chapman & Hall, 1996. p.420-440.
- TORAL, F.L.B.; ROSO, V.M. Parâmetros genéticos para escores visuais e medidas de ultrassom da carcaça de bovinos Hereford. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 46., 2009, Maringá. **Anais... Maringá: Sociedade Brasileira de Zootecnia**, [2009] (CD-ROM).
- TURNER, J. W.; PELTON, L.S.; CROSS, H.R. Using live animal ultrasound measures of ribeye area and fat thickness in yearling Hereford bulls. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.68, p.3502-3506, 1990.
- UTRERA, A.R.; VAN VLECK, L.D. Heritability estimates for carcass traits of cattle: a review. **Genetics and Molecular Research**, online, v.3, p.380-394, 2004.
- VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P.; SILVA, J.A.II V. et al. Estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de máxima verossimilhança restrita e R. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.6, p.1624-1632, 2003.
- VANRADEN, P.M.; VAN TASSELL, C.P.; WIGGANS, G.R. et al. Reliability of genomic predictions for North American dairy bulls. **Journal of dairy Science**, Champaign, v.92, p.16-24. 2009.

- VARGAS, C.A.; ELZO, M.A.; CHASE JR, C.C. et al. Genetic parameters and relationships between hip height and weight in Brahman cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.78, p.3045-3052, 2000.
- VARGAS, C.A.; ELZO, M.A.; CHASE JR, C.C. et al. Estimation of genetic parameters for scrotal circumference, age at puberty in heifers, and hip height in Brahman cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.76, p.2536-2541, 1998.
- VARONA, L.; MIZTAL, I. e 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**, Champaign, v.77, p.1994-2002, 1999.
- VIU, M.; TONHATI, H.; CERÓN-MUNÓZ, M.F. et al. Parâmetros genéticos do peso e escores visuais de prepúcio e umbigo em gado de corte. **Ars Veterinária**, Jaboticabal, v.18, p.179-184, 2002.
- WALDNER, D.N.; DIKEMAN, M. E.; SCHALLES, R. R. ET AL. Validation of real-time ultrasound technology for predicting fat thicknesses, longissimus muscle areas, and composition of Brangus bulls from 4 months to 2 years of age. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.70, p.3044-3054, 1992.
- WANG, T.; FERNANDO, R.L.; STRICKER, C. et al. An approximation to the Likelihood for a pedigree with loops. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.93, p.1299-1309, 1996.
- WANG, C.S.; RUTLEDGE, J.J.; GIANOLA, D. Bayesian analysis of mixed model using Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. **Genetic Selection Evolution**, Londres, v.26, p.91-115, 1994.
- WHITTAKER, J.C.; THOMPSON R.; DENHAM, M. C. Marker-assisted selection using ridge regression. **Genet. Res.** v.75, p.249-252, 2000.
- WILLHAM, R.L. The role of maternal effect in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.35, p.1288-1302, 1972.
- WILSON, D. E. Application of Ultrasound for Genetic Improvement. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.70, p.973-983, 1992.
- YOKOO, M.J.; LOBO, R.B.; ARAUJO, F.R.C. et al. Genetic associations between carcass traits measured by real-time ultrasound and scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.88, p.52-58, 2010.
- YOKOO, M.J.; WERNECK, J.N.; PEREIRA, M.C.; et al. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Rio de Janeiro, v.44, p.197-202, 2009.
- YOKOO, M.J.; ALBUQUERQUE, L.G.; LOBO, R.B. et al. Genetic and environmental factors affecting ultrasound measures of longissimus muscle area and backfat thickness in Nelore cattle. **Livestock Science**, Amsterdam, v.117, p.147-154, 2008.
- YOKOO, M.J.; ALBUQUERQUE, L.G.; LÔBO R.B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.36, p.1761-1768, 2007.