

DAYANE PEREIRA DE CASTRO

**COMPONENTES DE VARIÂNCIA E TENDÊNCIA GENÉTICA PARA
MEDIDA ULTRASSONOGRÁFICA DO MÚSCULO *Longissimus dorsi* COM
INCLUSÃO DE COVARIÁVEIS EM OVINOS SANTA INÊS**

TERESINA – PI

2021

DAYANE PEREIRA DE CASTRO

**COMPONENTES DE VARIÂNCIA E TENDÊNCIA GENÉTICA PARA
MEDIDA ULTRASSONOGRÁFICA DO MÚSCULO *Longissimus dorsi* COM
INCLUSÃO DE COVARIÁVEIS EM OVINOS SANTA INÊS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal do Piauí como requisito para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Área de concentração: Produção Animal

Orientador: Prof. Dr. Natanael Pereira da Silva Santos

Co-orientador: Prof. Dr. Daniel Biagiotti

TERESINA – PI

2021

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Setorial do Centro de Ciências Agrárias
Serviço de Processamento Técnico

C355c Castro, Dayane Pereira de

Componentes de variância e tendência genética para medida ultrassonográfica do músculo *Longissimus dorsi* com inclusão de covariáveis em ovinos Santa Inês. / Dayane Pereira de Castro -- 2021.
68 f. : il.

Dissertação (Mestrado)- Universidade Federal do Piauí, Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Teresina, 2021

“ Orientador : Prof. Dr. Natanael Pereira da Silva Santos

“Co-orientador: Prof. Dr. Daniel Biagiotti “

:

1.Ovinocultura de corte 2.Acurácia 3.Ganho genético 4.Herdabilidade
5.Ultrassonografia I. Santos, Natanael Pereira da Silva. II.Biagiotti, Daniel
Daniel I. Título

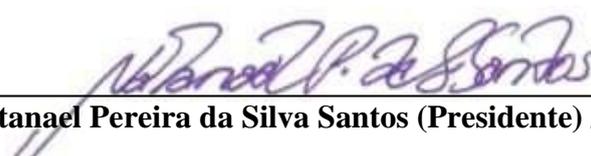
CDD 636.313

**COMPONENTES DE VARIÂNCIA E TENDÊNCIA GENÉTICA PARA
MEDIDA ULTRASSONOGRÁFICA DO MÚSCULO *Longissimus dorsi* COM
INCLUSÃO DE COVARIÁVEIS EM OVINOS SANTA INÊS**

DAYANE PEREIRA DE CASTRO

Dissertação aprovada em: 31/03/2021

Banca Examinadora:



Prof. Dr. Natanael Pereira da Silva Santos (Presidente) / CPCE/UFPI



Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento (Interno) / DZO/CCA/UFPI



Prof. Dr. Daniel Biagiotti (Interno) / CTBJ/UFPI



Pesquisador Dr. Luciano Silva Sena (Externo) / NENHUMA

*Aos meus queridos pais e irmãos;
Dedico*

AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo de bom que tem feito em minha vida.

Ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal (PPGCA/UFPI), pela oportunidade de realizar o curso, e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudo.

Às instituições de pesquisa e órgãos financiadores (CNPq, UFPI, INCT-CA), que por meio do projeto "Estudo genômico aplicado ao melhoramento genético de ovinos Santa Inês para características de carcaça", sob a coordenação do Prof. Dr. Lindenberg Sarmiento, possibilitaram a aquisição dos dados e materiais para a concretização da proposta sugerida para este trabalho.

Ao professor, Dr. Natanael Pereira da Silva Santos, pela orientação, ensinamentos, paciência e confiança na realização deste trabalho.

Ao professor, Dr. José Elivalto Guimarães Campelo, pelo incentivo, amizade e orientação durante o primeiro ano do curso.

Ao meu coorientador, Prof. Dr. Daniel Biagiotti, pelos ensinamentos e pelo incentivo durante o curso.

Ao professor Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento e ao Dr. Luciano Silva Sena, por disponibilizarem sua presença na banca examinadora da defesa de dissertação.

A todos os integrantes do Grupo de Estudos em Genética e Melhoramento Animal (GEMA) da UFPI, por a sua guia durante todo o processo de aprendizagem.

Sumário

LISTA DE FIGURAS	viii
LISTA DE TABELAS	ix
RESUMO	10
ABSTRAT	11
1 INTRODUÇÃO GERAL	12
2 REVISÃO DE LITERATURA	14
2.1. Panorama da ovinocultura de corte brasileiro.....	14
2.2 Avaliação de características de carcaça em ovinos.....	16
2.3 Modelos mistos no contexto do melhoramento genético animal.....	18
2.4 Inferência Bayesiana na estimação de parâmetros genéticos	21
2.5 Tendências genéticas para características relacionadas à carcaça	24
3 REFERÊNCIAS	25
CAPÍTULO I – Inclusão de covariáveis no modelo animal para avaliação genética da medida ultrassonográfica do músculo <i>Longissimus dorsi</i> em ovinos	32
1. Introdução	35
2. Material e métodos.....	36
3. Resultados	41
4. Discussão	46
5. Conclusões	52
Referências.....	52
APÊNDICE	58
ANEXOS	60

LISTA DE FIGURAS**CAPÍTULO I**

Figura 1. Tendência genética para medida da área de olho de lombo obtida a partir de valores genéticos estimados pelo modelo III para a população de ovinos Santa Inês em estudo.....	46
---	----

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

Tabela 1. Estatística descritiva da característica área de olho de lombo e covariáveis profundidade de olho de lombo, comprimento de olho de lombo e idade do animal no dia da coleta em ovinos Santa Inês.	41
Tabela 2. Fator de Bayes para modelos sem e com inclusão de covariáveis para característica de área de olho de lombo em ovinos Santa Inês.	42
Tabela 3. Estimativas de componentes de variância e herdabilidade utilizando diferentes modelos para área de olho de lombo (AOL) em ovinos Santa Inês.....	43
Tabela 4. Estimativas de acurácia média para valores genéticos de ovinos Santa Inês avaliados para medida da área de olho de lombo (AOL) em modelos sem e com inclusão de covariáveis.	45

RESUMO

CASTRO, Dayane Pereira. **Componentes de variância e tendência genética para medida ultrassonográfica do músculo *Longissimus dorsi* com inclusão de covariáveis em ovinos Santa Inês.** 2021. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Universidade federal do Piauí, Teresina, 2021.

O conhecimento dos componentes de variância e parâmetros genéticos para características de interesse é essencial na implantação de programas de melhoramento genético animal. Visando a obtenção de estimativas mais acuradas de valores genéticos, a inclusão de covariáveis nos modelos tem sido utilizada a fim de proporcionar maior acurácia dos resultados. Diante disso, objetivou-se com esta pesquisa estimar componentes de variância e tendência genética para a área de olho de lombo (AOL) obtida por ultrassonografia, com a inclusão de diferentes covariáveis, em ovinos da raça Santa Inês criados na sub-região Meio-Norte do Brasil. Foram utilizadas 933 observações de AOL, juntamente com dados de *pedigree* de 1.637 indivíduos. Foram comparados quinze modelos que incluíram grupo de contemporâneos, ano de nascimento e classe de idade como efeitos fixos classificatórios, o potencial genético direto do animal como efeito aleatório e idade do animal no dia da coleta, profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo como covariáveis, em efeito linear e quadrático. Os componentes de variância foram estimados via inferência Bayesiana por meio de análise unicaracterística, com utilização de modelo animal. Os modelos foram comparados pelo Fator de Bayes e acurácia teórica dos valores genéticos. As estimativas de herdabilidade apresentaram de baixa a moderada magnitude (0,13 a 0,29). A variância genética aditiva variou de 0,10 a 1,46, enquanto a variância residual variou de 0,68 a 3,78 em função dos diferentes modelos avaliados. De acordo com os critérios usados, o modelo que incluiu como covariável a idade animal em efeito quadrático foi o que apresentou melhor ajuste à estrutura dos dados, assim como melhores estimativas de variância genética aditiva e herdabilidade. A inclusão da idade do animal nos modelos resultou em estimativas mais acuradas de valores genéticos, com ganhos que variaram de 0,003 a 0,014 unidades. O progresso genético anual para AOL foi 0,40 cm², sugerindo que a seleção aplicada nos rebanhos foi eficiente, apesar dos mesmos não serem selecionados para AOL. O uso da idade do animal no dia da coleta como covariável no modelo possibilitou estimativas de componentes de variância e herdabilidade acuradas. A tendência genética para AOL evidenciou que, pelo menos durante as duas últimas décadas, na população de ovinos Santa Inês estudada, o progresso genético obtido foi positivo.

Palavras-chave: acurácia; ganho genético; herdabilidade; ovinocultura de corte; ultrassonografia.

ABSTRAT

CASTRO, Dayane Pereira. **Components of variance and genetic tendency for ultrasonographic measurement of the *Longissimus dorsi* muscle with inclusion of covariates in Santa Inês sheep.** 2021. Dissertation (Master in Animal Science) – Federal University of Piauí, Teresina, 2021.

The knowledge of variance components and genetic parameters for traits of interest is essential in the implementation of animal breeding programs. Aiming to obtain more accurate estimates of genetic values, the inclusion of covariates in the models has been used to provide greater accuracy of the results. Therefore, this study aimed to estimate variance components and genetic trends for the loin eye area (REA) obtained by ultrasonography, with the inclusion of different covariates, in Santa Inês sheep bred in the Mid-North sub-region of Brazil. We used 933 observations of REA, together with pedigree data from 1,637 individuals. Fifteen models were compared that included group of contemporaries, year of birth, and age class as classifier fixed effects, the direct genetic potential of the animal as a random effect, and age of the animal on the day of collection, loin eye depth, and loin eye length as covariates, in linear and quadratic effect. The variance components were estimated via Bayesian inference by single-characteristic analysis using an animal model. The models were compared by the Bayes Factor and theoretical accuracy of genetic values. Heritability estimates showed low to moderate magnitude (0.13 to 0.29). The additive genetic variance ranged from 0.10 to 1.46, while the residual variance ranged from 0.68 to 3.78 according to the different models evaluated. According to the criteria used, the model that included animal age as a covariate in quadratic effect was the one that presented the best fit to the data structure, as well as better estimates of additive genetic variance and heritability. The inclusion of animal age in the models resulted in more accurate estimates of genetic values, with gains ranging from 0.003 to 0.014 units. The annual genetic progress for REA was 0.40 cm², suggesting that the selection applied in the herds was efficient, even though they were not selected for REA. The use of animal age on the day of collection as a covariate in the model allowed accurate variance components and heritability estimates. The genetic trend for REA showed that, at least during the last two decades, in the Santa Inês sheep population studied, the genetic progress was positive.

Keywords: accuracy; genetic gain; heritability sheep farming; ultrasound.

1 INTRODUÇÃO GERAL

A exploração agropecuária da cadeia produtiva ovina no Brasil, mais especificamente em regiões semiáridas, tem ganhado espaço ao longo dos anos por ser uma atividade expressiva e de relevância socioeconômica para a agricultura familiar. O aumento da eficiência de características de animais de corte tornou-se uma tarefa desafiadora para pesquisadores e criadores ao se considerar a lacuna existente entre a produção animal e a demanda da população mundial por proteína de origem animal. Nessa perspectiva, a criação de raças deslanadas tem se apresentado como alternativa importante para o aumento da eficiência de sistemas de produção de carne ovina nos trópicos (LÔBO; LÔBO, 2012).

A raça deslanada com maior destaque para produção de carne ovina no Brasil é a Santa Inês, pois esta possui diversos aspectos interessantes como resistência a verminose, boa capacidade reprodutiva, altas taxas de crescimento e notável tamanho corporal (JUCÁ et al., 2014). Algumas pesquisas com a raça já foram realizadas para prever o peso corporal e características relacionadas à carcaça (SARMENTO et al., 2006; FIGUEIREDO FILHO et al., 2016, 2017). Visando a melhoria na qualidade de carcaça e no rendimento de cortes nobres, é importante a utilização de métodos que avaliem estes critérios sem a necessidade de abate dos animais, possibilitando o uso destas informações no processo seletivo de indivíduos geneticamente superiores.

A técnica de ultrassonografia em tempo real (UTR) tem sido eficiente na avaliação da composição de carcaça, pois é um procedimento não invasivo que permite a avaliação das características da carcaça sem deixar resíduos na carne dos animais, além de contribuir na seleção de animais de crescimento rápido (EMENHEISER et al., 2010). Contudo, a UTR é uma técnica que sofre influência da variação de diferentes operadores durante a mensuração das medidas realizadas no músculo *Longissimus dorsi* (SANTOS et al., 2019). Essa desuniformidade nas mensurações ultrassonográficas nos animais pode interferir nos valores genéticos preditos para características de carcaça e acarretar em problemas, como o possível descarte de animais com um maior potencial produtivo.

Para obtenção de progresso genético na qualidade de carne pela seleção, deve-se usar características indicadoras da qualidade e da produtividade de carcaça. Atualmente, dentre as características de qualidade da carcaça obtidas por UTR mais estudadas em diferentes espécies utilizadas na pecuária de corte está a área de olho de lombo (AOL),

que é comumente medida entre a 12^a e 13^a costelas do animal. A AOL está relacionada à musculabilidade e tem sido utilizada como indicador da composição da carcaça e rendimento dos cortes de alto valor comercial (PINHEIRO; JORGE, YOKOO; 2010).

O ganho genético para a AOL depende da predição acurada do mérito genético dos indivíduos sob seleção e, para tanto, da estimação dos componentes de variância, parâmetros genéticos e efeitos ambientais associados a tais características (QUEIROZ et al., 2017). No entanto, o pequeno número de variáveis disponíveis e coletadas nos rebanhos ovinos pode limitar a correta estimação de parâmetros genéticos. O uso de diferentes covariáveis tem se apresentado como alternativa adequada para a estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos, visto que sua inclusão possibilita aumento na acurácia de predição de valores genéticos, mas para isto, é importante que sejam incluídos no modelo estatístico o efeito de covariáveis que influenciem a característica em estudo (PITA & ALBUQUERQUE, 2001).

Por meio do conhecimento de estimativas de parâmetros genéticos e progresso genético, é possível acompanhar e estabelecer objetivos que guiem os programas de melhoramento genético, observando o ganho genético ao longo do tempo para que os resultados sirvam de elementos norteadores de ações futuras (SANTOS et al., 2012). No entanto, ainda não foram desenvolvidos estudos referentes à evolução genética da característica AOL em ovinos da raça Santa Inês. Portanto, o objetivo geral desta pesquisa foi estimar componentes de variância, herdabilidade e tendência genética para a característica área de olho de lombo mensurada por ultrassonografia, com inclusão de diferentes covariáveis na avaliação genética de ovinos da raça Santa Inês.

Esta Dissertação está estruturada com base nas normas do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da UFPI estabelecidas na Resolução 001/03-CCMCA. A estrutura é apresentada da seguinte forma: Parte introdutória, constituída pela Introdução geral e Revisão de Literatura, em que consta a descrição da proposta geral do trabalho e tópicos de grande relevância pertinentes ao tema da pesquisa; Capítulo I, referente ao artigo — Inclusão de covariáveis no modelo animal para avaliação genética da medida ultrassonográfica do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos, elaborado com base nas normas da revista *Small Ruminant Research* (ISSN 0921-4488).

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Panorama da ovinocultura de corte brasileiro

O setor mundial de produção de carne ovina no ano de 2019 atingiu a marca de 15,98 milhões de toneladas, sendo que Ásia, Oceania, União Europeia e África foram destaques tanto na produção como na exportação. Na América Latina, o Uruguai é o país que contém maiores índices de exportação de carne ovina, enquanto o Brasil é destaque na produção, a qual é na sua maior parte consumida pela população brasileira (FAO, 2020). O efetivo de ovinos no Brasil é de aproximadamente 19 milhões de cabeças, dos quais 66,7% são criadas na região Nordeste, que teve aumento de 15,94% em seu rebanho ovino durante o período de 2006 a 2017 (IBGE, 2018).

Embora a produção de ovinos de corte seja uma atividade promissora no agronegócio brasileiro e apresente números significativos, percebe-se que a cadeia produtiva da ovinocultura nacional tem estrutura desorganizada e sem padronização, o que dificulta a comercialização do produto (CANOZZI et al., 2014). Em contrapartida, os demais segmentos, como suinocultura, bovinocultura e avicultura, se tornaram superiores por investirem no desenvolvimento e organização das suas cadeias produtivas, tendo em vista produtos de qualidade, aumento dos índices de produtividade e oferta regular dos produtos (ALVES et al., 2014), contribuindo dessa forma para o crescimento do consumo de carne *per capita* anual. O consumo *per capita* de carne ovina é de 0,6 kg/pessoa/ano, valor insignificante quando comparado aos demais segmentos, que apresentam consumo de 14,8, 37,1 e 43,9 kg/pessoa/ano em suínos, bovinos e aves, respectivamente (OECD/FAO, 2018).

O mercado de carne ovina no Brasil apresenta fatores que limitam a produção e, apesar da demanda ser considerada baixa, a oferta do produto é insuficiente para atender os consumidores (ALVES et al., 2014). Embora haja limitação em relação à produção de carne, o segmento de ovinocultura brasileiro possui potencial para aumentar sua produtividade (LOBO, 2019). Isto se deve ao fato de que, no Brasil, há fatores que permitem a produção de animais a baixo custo, como extensão territorial para pecuária, clima tropical e mão-de-obra acessível (PAULA; MACEDO; SIMIONI, 2017).

Na região Nordeste do Brasil, os pecuaristas têm buscado a criação de raças ovinas que apresentem boa aptidão produtiva, resistência a doenças, crescimento precoce, longevidade, baixas taxas de mortalidade e sobretudo, características que proporcionem

a manutenção ou perda mínima de produção durante o estresse por calor. A adaptação de raças ovinas ao clima semiárido foi um fator determinante para o desenvolvimento da ovinocultura na região Nordeste, permitindo avanços na produtividade animal, para assim atender às demandas do mercado (RAINERI; STIVARI; GAMEIRO, 2015).

2.1.1 Raça Santa Inês

A criação de raças ovinas deslanadas adaptadas às características edafoclimáticas tem se destacado no Brasil (MCMANUS et al., 2011), sobretudo a raça Santa Inês. Esta raça surgiu na região Nordeste, oriunda de cruzamentos entre as raças Somalis Brasileira, Bergamácia, Morada Nova e ovinos Sem Padrão Racial Definido (ABSI, 2019; ARCO, 2020).

O ovino Santa Inês possui características vantajosas em relação a outras raças ovinas deslanadas criadas no Brasil (LÔBO; LÔBO, 2012) e, por isso, tem a preferência entre os produtores e pesquisadores interessados na criação ou pesquisa de ovinos de corte. Com bons índices produtivos e um porte elevado, com peso adulto médio de 60 a 90 kg para fêmeas e 80 a 120 kg para machos (ARCO, 2020), a raça Santa Inês se tornou uma ótima opção para produção de carne. Embora apresente atributos favoráveis, a ocorrência de cruzamentos com raças exóticas e a falta de um padrão racial bem definido dificultam a fixação de características correlacionadas com a rusticidade e adaptação no ovino Santa Inês (MCMANUS; PAIVA; ARAÚJO, 2010). Além do mais, a raça não possui ainda um programa de melhoramento genético que venha contribuir para melhor aproveitamento de seu potencial e, conseqüentemente, aumentar a valorização dos produtos (LOBO, 2019).

Torna-se então fundamental focar na preservação de características favoráveis à adaptação e seleção para o aumento do potencial genético de outras características com grande valor econômico na raça Santa Inês, pois para a indústria da carne, o conhecimento das características quantitativas e qualitativas de carcaça torna-se imprescindível. Visando melhorar a qualidade do produto final, a avaliação genética de ovinos da raça Santa Inês tem sido realizada com base em informações fenotípicas, de *pedigree* e genômicas (SARMENTO et al., 2006, 2010, 2011; FIGUEIREDO FILHO et al., 2016; SENA et al., 2016b, 2020).

2.2 Avaliação de características de carcaça em ovinos

Programas de melhoramento genético animal têm utilizado o método de ultrassonografia em tempo real (UTR) para mensurar características responsáveis pela qualidade da carcaça, por esta ser uma técnica não invasiva e eficiente na avaliação *in vivo* da composição de carcaça de animais destinados à produção de carne (SOUZA et al., 2016). Para que a avaliação de carcaça via UTR seja eficiente e reflita a composição real da carcaça, é necessário que a posição anatômica de cada medida seja de fácil localização e identificada de forma consistente por diferentes avaliadores (MERCADANTE et al., 2010).

Para a mensuração com uso de UTR, as regiões anatômicas mais utilizadas são a 12^a ou 13^a costela, ou a região entre 12^a e 13^a costelas (GRILL et al., 2015). Nos ruminantes, a 12^a e 13^a são as últimas vértebras lombares, facilitando sua localização e mensuração do músculo *Longissimus dorsi* (MERCADANTE et al., 2010).

Medidas da área de olho de lombo (AOL), profundidade de olho de lombo (POL) e comprimento de olho de lombo (COL), têm sido utilizadas em estudos que avaliam carcaças ovinas, por serem indicativos da proporção de músculo na carcaça (PINHEIRO; JORGE, YOKOO; 2010; SENA et al., 2016a). Portanto, valores menores dessas medidas podem indicar proporções menores de músculo na carcaça.

O ganho genético nestas características depende da predição acurada do mérito genético dos indivíduos sob seleção, da qualidade dos dados coletados e do método estatístico adotado (LIMA et al., 2014). Para a obtenção de valores genéticos preditos acurados dos animais, é necessário a estimação de componentes de variância, que são informações fundamentais sobre a natureza genética das características na população e essenciais em programas de melhoramento animal (CARVALHO et al., 2014).

Diante da importância da avaliação genética para características ligadas à produção de carne, pesquisas sobre estimação de parâmetros genéticos vêm sendo desenvolvidas mantendo o foco em características que avaliam diretamente a carcaça. Dentre essas características, está a AOL, que apresenta variabilidade genética suficiente para obtenção de ganho genético por meio de seleção em bovinos de corte (CHOY et al., 2008; MEIRELLES et al., 2016), caprinos de corte (FIGUEIREDO FILHO et al., 2018) e ovinos de corte (FIGUEIREDO FILHO et al., 2016, 2017; BRITO et al., 2017; SENA et al., 2016b, 2020).

Visando a obtenção de melhorias na carcaça de animais destinados à produção de carne, a mensuração de AOL *in vivo* tem sido bastante utilizada, por apresentar estimativas de herdabilidade (h^2) que variam de baixa a alta magnitude. Em estudos desenvolvidos com bovinos de corte, Savoia et al. (2019) obtiveram h^2 de 0,21, em contrapartida, fazendo uso de mensurações da AOL realizadas com UTR, Elzo et al. (2018) constataram estimativas de h^2 de $0,35 \pm 0,03$. Em pequenos ruminantes, a partir de mensurações via UTR na área de olho de lombo, Figueiredo Filho et al. (2018) relataram estimativas de 0,28 em caprinos de corte, enquanto que em ovinos de diferentes raças, há relatos de estimativas de h^2 variando de baixa a moderada magnitude, por exemplo: $0,19 \pm 0,05$ (CIAPPESONI et al., 2014), 0,20 (SENA et al., 2016b), 0,31 (FIGUEIREDO FILHO et al., 2016) e $0,07 \pm 0,03$ (KIYA et al., 2019), com uso da matriz de parentesco tradicional; e $0,33 \pm 0,07$ (SENA et al., 2020), com inclusão de informação genômica nas análises.

A UTR tem apresentado vantagens quando utilizada para mensuração de características relacionadas ao rendimento de carcaça. Porém, recentemente uma pesquisa realizada em coelhos apontou uma limitação da técnica na mensuração de AOL, ocasionada pela não padronização do operador do aparelho, do posicionamento do animal e da frequência do transdutor utilizado (SANTOS et al., 2019). A não padronização do operador do aparelho de ultrassonografia durante a avaliação de carcaça pode resultar em problemas, como o possível descarte de animais com maior potencial produtivo (GIRARDI et al., 2009).

Uma opção para correção desse erro é o uso de covariáveis nos modelos de análise, pois quando estas são inseridas resultam na predição de valores genéticos mais acurados. As covariáveis que influem sobre o desempenho dos indivíduos tendem a melhorar o poder estatístico dos testes e reduzir a variância dentro dos grupos, por isso devem ser consideradas para minimizar a influência dos efeitos não genéticos de variação no processo de avaliação animal (HAIR et al., 2006). O conhecimento sobre fatores ambientais que influenciam características de importância econômica possibilita a padronização de desempenho, permitindo uma comparação mais eficiente entre os animais e melhores estimativas de parâmetros genéticos (JORGE JUNIOR; DIAS; ALBUQUERQUE, 2002), evitando assim que os animais sejam avaliados de forma tendenciosa.

2.2.1 Acurácia de predição de valores genéticos

Considerada uma medida de confiança da estimativa, a acurácia de predição do valor genético é quantificada por meio da correlação entre o valor genético aditivo verdadeiro e o predito, que irá refletir quanto o valor estimado está próximo do real. A acurácia varia de 0 a 1 (0 a 100%), portanto a confiança será maior quando a estimativa estiver próxima de 1, garantindo assim a diminuição do risco de erro, pois quanto mais acurado for o valor genético predito, maior será a probabilidade de que os animais selecionados sejam realmente geneticamente superiores (ELER, 2017).

Estimativas acuradas dependem da quantidade de informações, sendo assim, à medida que novas informações de produção dos indivíduos são adicionadas à avaliação, a acurácia pode variar, pois o seu grau de confiança está associado a DEP (Diferença Esperada na Progênie). No entanto, a acurácia não depende apenas do número de filhos avaliados, mas também do número de parentes (*pedigree*), informações genômicas e dos diferentes ambientes aos quais as progênies foram expostas. Dessa forma, animais com número elevado de crias tendem a apresentar maior acurácia na predição valor genético, quando comparados àqueles que possuem uma progênie reduzida (GONÇALVES; OLIVEIRA, 2009).

Fatores como a herdabilidade da característica, a qualidade dos dados coletados e o método estatístico empregado para a predição dos valores genéticos refletem diretamente sobre a acurácia estimada, por isso não deve ser utilizada como critério de seleção. Diante disso, é válido ressaltar que a classificação e a seleção dos animais devem ser realizadas de acordo com os valores das DEP e a acurácia atuará somente como uma medida de risco, permitindo tomar decisões sobre a intensidade de uso de um determinado reprodutor e não tem a propriedade de informar se o animal é bom ou ruim, mas indicar se aquele valor estimado é confiável (CARNEIRO JUNIOR, 2009).

2.3 Modelos mistos no contexto do melhoramento genético animal

O modelo linear misto apresenta-se como a principal ferramenta estatística utilizada para prever o valor genético dos animais, pois permite a inclusão da informação completa de família por meio da matriz de parentesco, compara indivíduos de diferentes níveis de efeitos fixos, avalia simultaneamente pais, mães e progênies, dentre outros fatores (MARTINEZ; PERDOMO; ELZO, 2012). Tendo em vista isso,

Faraway (2016) apresenta matricialmente, da seguinte forma, o modelo linear misto univariado desenvolvido por Henderson, em 1949:

$$y = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\alpha + \varepsilon$$

em que: y é o vetor de observações, de dimensão $n \times 1$, com n igual ao número de observações; \mathbf{X} é a matriz de incidência dos efeitos fixos (conhecida), de dimensão $n \times p$, com p igual ao número de parâmetros fixos; β é o vetor $p \times 1$ de efeitos fixos desconhecidos; \mathbf{Z} é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios (conhecida), de dimensões $n \times q$, com q parâmetros aleatórios; α é o vetor de efeitos aleatórios desconhecidos, de dimensão $q \times 1$; ε é o vetor de erros aleatórios, de dimensão $n \times 1$.

As equações de modelos mistos (EMM) são derivadas maximizando a densidade conjunta de y e u :

$$f(y, u) = f(y|u) \cdot f(u) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{nq}{2}} |R|^{\frac{1}{2}}} e^{-\frac{1}{2}[(y - X\beta - Zu)'R^{-1}(y - X\beta - Zu) + u'G^{-1}u]} \frac{1}{(2\pi)^{\frac{j}{2}} |G|^{\frac{1}{2}}} e^{-\frac{1}{2}[(u - o)'G^{-1}(u - o)]}$$

Para maximização dessa função usa-se o artifício da transformação por logaritmo, assim:

$$L = \log_e[f(y, u)]$$

$$L = -\frac{1}{2}(nq + j)\log_e(2\pi) - \frac{1}{2}(\log_e|R| + \log_e|G|) - \frac{1}{2}(y'R^{-1}y - 2y'R^{-1}X\beta - 2y'R^{-1}Zu + 2\beta'X'R^{-1}Zu + 2\beta'X'R^{-1}X\beta + u'Z'R^{-1}Zu + u'G^{-1}u)$$

Derivando-se L em relação a β e u e tornando tais derivadas identicamente nulas:

$$\begin{bmatrix} \frac{\delta L}{\delta \beta} \\ \frac{\delta L}{\delta u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{-X'R^{-1}y + X'R^{-1}X\beta^0 + X'R^{-1}Z\hat{u}}{-Z'R^{-1}y + Z'R^{-1}X\beta^0 + Z'R^{-1}Z\hat{u} + G^{-1}\hat{u}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X\beta^0 + X'R^{-1}Z\hat{u} \\ Z'R^{-1}X\beta^0 + Z'R^{-1}Z\hat{u} + G^{-1}\hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

X = matriz de incidência dos efeitos fixos (efeitos de ambiente); Z = matriz de incidência dos efeitos aleatórios (valores genéticos);

$$R = I \otimes R_o$$

I = matriz identidade de ordem igual ao número de animais; R_o = matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$$G = A \otimes G_o$$

A = matriz do numerador dos coeficientes de parentesco de Wright; G_o = matriz de variâncias e covariâncias genéticas aditivas; β^0 = vetor de soluções de efeitos fixos (efeitos de ambiente); \hat{u} = vetor de solução de efeitos aleatórios (valor genético); y = vetor de observações das características nos indivíduos.

A metodologia de modelos mistos tem o potencial de proporcionar ao modelo estatístico uma alta acurácia, por considerar associações genéticas existentes nos animais em razão do parentesco entre eles, que são quantificadas por informações de genealogia, e isso acontece devido a abordagem que considera os efeitos genéticos aditivos como aleatórios (THOMPSON, 2008). Além disso, por meio dessa metodologia pode-se incluir covariáveis no modelo como alternativa ao controle local, caso a variável seja métrica com indícios de heterogeneidade.

2.3.1 *Uso de covariáveis*

Os componentes genéticos e ambientais são fatores responsáveis pelas diferenças de desempenho observadas entre os animais durante a avaliação. Apesar dos programas de melhoramento genético realizarem a seleção com base no componente genético do animal, destaca-se a importância do componente ambiental, pois embora não sejam transmitidos de geração para geração, devem ser considerados para uma predição do valor genético acurado (CARNEIRO JUNIOR, 2009).

Diversos fatores influenciam a medida de AOL realizada por ultrassom, como o sexo, idade do animal, tipo do equipamento e das sondas utilizadas, habilidade do operador do equipamento e a posição do animal no momento da coleta animais (PINHEIRO; JORGE, YOKOO; 2010). Portanto, a não consideração desses fatores poderá ocasionar erros durante a comparação entre os indivíduos, resultando em avaliações tendenciosas.

A influência dos efeitos não genéticos de variação no processo de avaliação animal pode ser reduzida através do uso de covariáveis no modelo de análise, visto que essa inclusão tende a melhorar a eficiência estatística dos testes e minimiza a variância existente dentro dos grupos. As covariáveis são variáveis quantitativas contínuas e

independentes que influenciam características de importância econômica e quando inseridas nas análises possibilita a padronização de desempenho, permitindo uma comparação mais eficiente entre os animais e melhores estimativas de parâmetros genéticos (JORGE JUNIOR; DIAS; ALBUQUERQUE, 2004).

Não há concordância em relação à qual característica deve ser utilizada como covariável em pesquisas que avaliem a AOL. Yokoo et al. (2008), ao estudarem fatores genéticos e ambientais que influenciam as mensurações de AOL em bovinos de corte, observaram que idade do animal, fator que influencia significativamente medidas que são avaliadas via ultrassonografia, quando incluída como covariável resultou na redução da variação ambiental e, conseqüentemente, em aumento na herdabilidade estimada.

Em estudos com bovinos da raça Angus, Hansen (2004) relatou que a AOL, quando associada à idade do animal, permite a estimação de parâmetros genéticos acurados, pois animais com cerca de um ano de idade apresentaram maior herdabilidade para essa característica, sugerindo que as medidas de AOL podem ser utilizadas para selecionar reprodutores precocemente. Outros estudos reportaram a inclusão da idade do animal ao abate (CHOY et al., 2008) e idade do animal no dia da mensuração (YOKOO et al., 2009; MEIRELLES et al., 2010; MEIRELLES et al., 2016) como covariáveis em análises que avaliaram a AOL em diferentes raças bovinas.

Ao avaliarem medidas ultrassonográficas de carcaça em coelhos, Santos et al. (2019) relataram que a inclusão das covariáveis profundidade de olho de lombo (POL) e comprimento de olho de lombo (COL) complementa o controle de local, com melhoria na precisão do experimento e permite um melhor ajuste dos dados individuais, o que irá propor um aumento na acurácia da predição dos valores individuais de AOL e assim corrigir a média da área de olho de lombo. As correlações entre AOL e as demais medidas realizadas no músculo *Longissimus dorsi* (COL e POL) são consideradas de alta magnitude, ou seja, quando se seleciona animais com maior AOL, ocorre seleção indireta para POL e COL (SENA et al., 2016a). Posto isso, sugere-se que profundidade e comprimento de olho de lombo sejam usadas como covariáveis em pesquisas que avaliem AOL, a fim de obter valores genéticos preditos mais acurados para esta medida.

2.4 Inferência Bayesiana na estimação de parâmetros genéticos

A inferência Bayesiana apresenta destaque em pesquisas na área de melhoramento genético, principalmente em virtude da evolução computacional nos últimos anos. Além

disso, essa metodologia permite o uso de informação prévia da característica (*a priori*), antes da observação dos dados existentes sobre o parâmetro estudado, descreve os erros existentes em torno do parâmetro analisado e, a partir dessas informações, apresenta novas perspectivas na avaliação genética (CHRISTENSEN et al., 2010).

Ressalta-se a importância das análises Bayesianas na estimação de valores e parâmetros genéticos, principalmente em estudos relacionados a pequenos ruminantes, em que as análises contam, normalmente, com poucas informações, devido a prática do controle zootécnico desses animais, que ainda não é realizada pela maioria dos produtores. Apesar dos números de observações serem reduzidos, a inferência Bayesiana permite calcular a densidade marginal posterior do parâmetro de interesse e com tal distribuição quantifica-se, exatamente, o erro de um parâmetro desconhecido, resultando em maior acurácia dos parâmetros estimados (TIMPANI; NASCIMENTO, 2015).

No enfoque Bayesiano, a função de verossimilhança irá determinar como a distribuição *a posteriori* é influenciada pela informação inicial, que é incluída na análise pelo fornecimento de uma distribuição *a priori* por meio dos dados da pesquisa e incerteza do conhecimento prévio do pesquisador (RESENDE et al., 2010). Para a obtenção da distribuição *a posteriori* de um parâmetro θ , deve-se derivar a distribuição de probabilidade conjunta de θ e y [$f(\theta, y)$], sendo o produto de duas densidades: a densidade *a priori* $f(\theta)$ e a densidade amostral $f(y|\theta)$. Seguindo a descrição feita por Yokoo et al. (2013), observa-se abaixo, nas equações [1 e 2], a probabilidade de dois eventos acontecerem juntos:

$$P(\theta, y) = P(y|\theta) \cdot P(\theta) \quad (1)$$

Sendo assim, temos que:

$$P(\theta, y) = P(\theta|y) \cdot P(y) \quad (2)$$

onde: $P(\theta)$ e $P(y)$ são as probabilidades marginais de θ e y , respectivamente, e $P(\theta, y)$ é a probabilidade conjunta das duas marginas. O valor de θ é condicionado ao valor conhecido de y [$P(\theta|y)$], por meio do Teorema de Bayes (constitui propriedade de probabilidade condicionais). Assim, da equação [2] temos $P(\theta|y) = P(\theta, y) / P(y)$. Em seguida, substituí $P(\theta, y)$ pela segunda parte da equação [1], obtendo assim:

$$P(\theta|y) = P(y|\theta) \cdot P(\theta) / P(y) \quad (3)$$

No entanto, é necessário descrever as probabilidades condicionais anteriormente mencionadas, em termos de função de densidade:

$$f(\theta|y) = f(y|\theta) \cdot f(\theta) / f(y) \quad (4)$$

onde: $f(\theta|y)$ representa a função de densidade a *posteriori*; $f(y|\theta)$ é a função de verossimilhança ou distribuição amostral; $f(\theta)$ é a função de densidade a *priori* de θ e $f(y)$ representa a função de distribuição marginal dos dados.

A função de distribuição amostral dos dados $f(y)$ não é função de θ . Portanto, tem-se que a função de densidade a *posteriori* $f(\theta|y)$ é proporcional somente ao produto de $f(y|\theta)$ por $f(\theta)$. Assim sendo, a densidade a *posteriori* é denominada por:

$$f(\theta|y) \propto f(y|\theta) \cdot f(\theta)$$

onde \propto significa: proporcional a.

Devido a sua complexidade de execução, a estatística Bayesiana deixou de ser utilizada por décadas, mas a introdução e desenvolvimento de métodos de inferência baseados na simulação iterativa passou a ser viabilizada. Neste caso, fazendo-se uso do método de Monte Carlo em cadeias de Markov – MCMC (*Markov Chain Monte Carlo*), que gera cadeias de Markov por meio de simulação iterativa de Monte Carlo, cuja distribuição estacionária é a própria densidade a *posteriori* de interesse. Para o método MCMC, o conhecimento da variável aleatória gerada só é relevante para a geração da variável seguinte, sendo irrelevante na predição das variáveis futuras (GELMAN et al., 2013).

Desenvolvido com base no método MCMC, o amostrador de Gibbs é um procedimento de integração numérica que apresenta amostras da distribuição conjunta e marginal de todos os parâmetros estudados por meio de repetidas amostragens, formando uma Cadeia de Markov. Essa cadeia corresponde a uma sequência de amostras de possíveis valores atribuídos aos parâmetros estudados (FARIA et al., 2007). O algoritmo de Gibbs vem sendo utilizado frequentemente no melhoramento genético animal por gerar um valor para cada parâmetro desconhecido e apresentar fácil implementação, principalmente quando comparado a algoritmos baseados em processos não derivativos, uma vez que os resultados permitem uma geração de distribuições posteriores marginais, a partir das quais são obtidas as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (YOKOO et al, 2013).

2.5 Tendências genéticas para características relacionadas à carcaça

Uma das principais ferramentas responsáveis pelo sucesso de programas de melhoramento genético é a seleção aplicada no rebanho. Por esta razão, estudos que abordem a evolução das raças por meio da estimação de tendências genéticas tornam-se relevantes tanto para o produtor, como para programas de melhoramento animal. As estimativas de tendência genética viabilizam ajustes necessários a seleção aplicada nos rebanhos, além de permitirem análise sobre a eficiência da seleção adotada e seus resultados, garantindo que a sua pressão foque em características de importância econômica (FERRAZ; ELER, 2010).

Após a implantação de um programa de seleção, torna-se necessário uma avaliação periódica afim comprovar sua eficiência. Essa avaliação pode ser realizada por meio do ganho genético ao longo do tempo, que tem como objetivo não só avaliar o progresso genético que vem sendo alcançado, mas também possibilitar o monitoramento dos resultados que serão utilizados como elementos norteadores para decisões futuras, tendo como finalidade a seleção (CARRARA et al., 2019).

Em bovinos de corte, Laureano et al. (2011) estimaram tendências genéticas para as características de crescimento e obtiveram 0,171, 0,219, 0,186 e 0,224 kg/ano para peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS), ganho de peso do nascimento à desmama (GND) e peso da desmama ao sobreano (GDS), respectivamente. Abreu et al. (2018) relataram tendências genéticas para peso corporal com variações médias de 1,58 kg/geração aos 120 dias de idade e 2,65 kg/geração aos 205 dias de idade, em bovinos da raça Nelore, sugerindo que a seleção para peso aplicada no rebanho foi eficiente.

Em caprinos, as médias dos valores genéticos para peso aos 9 e 12 meses de idade mostraram tendência genética ligeiramente positiva com 0,144 kg/ano e 0,199 kg/ano, respectivamente, demonstrando que o houve melhoria genética dessa característica no rebanho avaliado (ROUT et al., 2018). Em ovinos de corte, as tendências genéticas obtidas mostraram incrementos de 0,128 kg/ano para peso ao nascer (AMARILHO-SILVEIRA et al., 2018), 0,004 kg/ano para peso aos 180 dias e de 0,007 kg/ano para peso aos 270 dias (GHOLIZADEH; GHAFOURI-KESBI, 2015).

Por fornecer informações relacionadas à qualidade de carcaça, a área de olho de lombo mensurada *in vivo* tem sido descrita como uma característica importante na seleção

de caprinos (FIGUEIREDO FILHO et al., 2018), bovinos (SAVOIA et al., 2019) e ovinos (SENA et al., 2020) destinados à produção de carne. Silva et al. (2009) relataram tendência genética de 0,012 cm² para AOL em bovinos Nelore. Enquanto isso, Menezes et al. (2013) e Queiroz et al. (2017) observaram ganho genético de 0,0384 cm² e 0,440 cm², respectivamente, para AOL em gado Nelore. Esses valores são reflexo da eficiente seleção aplicada nos rebanhos de bovinos de corte.

Por outro lado, relatos de estimativas de tendências genéticas para características de carcaça em pequenos ruminantes são escassos. Não foram encontrados na literatura resultados de tendências genéticas para área de olho de lombo em ovinos da raça Santa Inês.

3 REFERÊNCIAS

ABREU, L. R. A. et al. Genetic trends and trade-offs between growth and reproductive traits in a Nellore herd. **PlosOne**, v. 13, n.8, 2018.

ALVES, L. G. C. et al. Produção de carne ovina com foco no consumidor. **Enciclopédia Biosfera**, v. 10, n. 18, p. 2399-2415, 2014.

AMARILHO-SILVEIRA, F. et al. Genetic components of birth weight of Texel sheep reared in extensive system. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 40, 2018.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE OVINOS – ARCO, 2018. **Padrões raciais**. Disponível em: <<http://www.arcoovinos.com.br/index.php/mn-srgo/mn-padroesraciais/40-santa-ines/>> (acessado em 21 maio 2020).

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE SANTA INÊS– ABSI, 2020. **Origem da raça**. Disponível em: <<http://www.absintaines.com.br/a-raca/origem>> (acessado em 8 maio 2020).

BRITO, L.F. et al. Genetic parameters for various growth, carcass and meat quality traits in a New Zealand sheep population. **Small Ruminant Research**, v. 154, p. 81–91, 2017.

CANOZZI, M. E. A. et al. Caracterização da cadeia produtiva de carne ovina no Rio Grande do Sul, Brasil. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v. 19, p. 130-139, 2014.

CARNEIRO JUNIOR, J. M. Melhoramento genético animal. In: GONCALVES, R. C.; DE OLIVEIRA, L. C. **Embrapa Acre: ciência e tecnologia para o desenvolvimento sustentável do Sudoeste da Amazônia**. Rio Branco, AC: Embrapa Acre, cap 11, p.197-208, 2009.

CARRARA, E. R. et al. Genetic and phenotypic trends for milk fatty acids in a Holstein cattle population reared under tropical conditions. **Livestock Science**, v. 228, p. 84–92, 2019.

CARVALHO, G.C. et al. Estimação de parâmetros genéticos de ovinos da raça Santa Inês utilizando modelos uni e bicaracterística. **Ciência Rural** (UFSM. Impresso), v. 44, p. 111-116, 2014.

CHOY Y. H. et al. Genetic models for carcass traits with different slaughter endpoints in selected Hanwoo herds I. Linear covariance models. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 21, p. 1227–1232, 2008.

CHRISTENSEN, R. et al. **Bayesian Ideas and Data Analysis: An Introduction for Scientists and Statisticians**. USA: CRC Press, 2010.

CIAPPESONI, G. et al. Genetic evaluation of the Texel breed in Uruguay: I. Carcass quality traits. In: International Congress of Meat Science and Technology (ICoMST), 60., 2014, Puntadel Este, Uruguay. **Proceedings...** Montevideo: INIA, 2014.

ELER, J. P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: seleção**. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, 2017.

ELZO, M. A. et al. Genomic-polygenic EBV for reproduction, ultrasound-carcass, and tenderness traits in the Florida multibreed Brahman-Angus population. **Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, v. 11, n. 10, 2018.

EMENHEISER, J. C. et al. Validation of live animal ultrasonic measurements of body composition in market lambs. **Journal of Animal Science**, v. 88, p. 2932-2939, 2010.

FAO - FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **Meat Market Review**. Rome, 2020. Disponível em: <<http://www.fao.org/3/ca8819en/CA8819EN.pdf>> (acessado em 10 maio 2020).

FARAWAY, J. J. **Extending the linear model with R: generalized linear, mixed effects and nonparametric regression models**. [S.l.]: Chapman and Hall/CRC, 2016.

FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; REYES, A. L.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F. Inferência Bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, 8(1), 75-86, 2007.

FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P. **Melhoramento genético para aumento de produtividade em gado de corte no Brasil: a história, o presente e o futuro**. [S.l.]: Bovinocultura de corte. v. 2, 2010.

FIGUEIREDO FILHO, L.A.S. et al. Genetic parameters for carcass traits and body size in sheep for meat production. **Tropical Animal Health and Production**. v. 48, 215–218, 2016.

FIGUEIREDO FILHO, L.A.S. et al. Estimate of genetic parameters for carcass traits and visual scores in meat sheep using Bayesian inference via threshold and linear models. **Ciência Rural**, v. 47, n. 3, 2017.

FIGUEIREDO FILHO, L. A. S. et al. Genetic parameters for marbling and body score in Anglonubian goats using Bayesian inference via threshold and linear models. **Asian-Australas Journal of Animal Sciences**, v. 31, n. 9, p. 1407-1414, 2018.

GELMAN, A. et al. **Bayesian data analysis**, 3rd. London: Chapman and Hall/CRC, 2013.

GHOLIZADEH, M.; GHAFOURI-KESBI, F. Estimation of genetic parameters for growth-related traits and evaluating the results of a 27-year selection program in Baluchi sheep. **Small Ruminant Research**, v. 130, n. 1, p. 8–14, 2015.

GIRARDI, L.H.; CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Erro tipo I e poder de cinco testes de comparação múltipla de médias. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 27, n. 1, p.23-36, 2009.

GONÇALVES, R. C.; OLIVEIRA, L. C. **Embrapa Acre: ciência e tecnologia para o desenvolvimento sustentável do Sudoeste da Amazônia**. Rio Branco, AC: Embrapa Acre. cap. 11, p. 197-208, 2009.

GRILL, L. et al. Evaluation of ultrasound scanning to predict carcass composition of Austrian meat sheep. **Small Ruminant Research**, v. 123, n. 2-3, p. 260-268, 2015.

HAIR, J.F.; TATHAM, R.L.; ANDERSON, R.E.; BLACK, W. **Análise Multivariada de Dados**. Bookman. 5ªed. Porto Alegre: 2006. 593p.

HANSEN, P.J. Physiological and cellular adaptations of zebu cattle to thermal stress. **Animal Reproduction Science**, v. 82-83, p.349–360, 2004.

HENDERSON, C. R. Estimation of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science**, v. 32, p. 709, 1949.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Pesquisa da Pecuária Municipal**. 2018. Disponível em:
<<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/3939#resultado>> (acessado em 15 junho 2020).

JORGE JUNIOR, J.; DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G.; Fatores de Correção de Escores Visuais de Conformação, Precocidade e Musculatura, à Desmama, para Idade

da Vaca ao Parto, Data Juliana de Nascimento e Idade à Desmama em Bovinos da Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.2044-2053, 2004 (supl.2).

JUCÁ, A. F. et al. Performance of the Santa Ines breed raised on pasture in semiarid tropical regions and factors that explain trait variation. **Tropical animal health and production**, v. 46, n. 7, p. 1249-1256, 2014.

KIYA, C. K. et al. Estimates of the genetic parameters of a Dorper flock in Brazil. **Small Ruminant Research**, v. 171, p. 57-62, 2019.

LAUREANO, M. M. M. et al. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 63, n. 1, p. 143–152, 2011.

LIMA, A. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características reprodutivas em ovinos Santa Inês utilizando inferência Bayesiana. In: 24º Encontro de Iniciação Científica. **Anais...** São Cristóvão, Encontro de Iniciação Científica, v. 1. p. 16, 2014.

LOBO, R. N. B. Opportunities for investment into small ruminant breeding programmes in Brazil. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 136, n.5, p. 313-318, 2019.

LÔBO, R. N. B.; LÔBO, A.M.B.O. Evolução do melhoramento de caprinos e ovinos no Brasil. In: XIX Encontro de Genético do Nordeste, 2012, Petrolina. **Anais do XIX Encontro de Genético do Nordeste. Anais...**Petrolina: Sociedade Brasileira de Genética, 2012.

MARTINEZ, C. A.; PERDOMO, C. M.; ELZO, M. A. Cattle genetic evaluation: a historical perception. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**, Colombia, v. 25, n. 2, p. 293–311, 2012.

MCMANUS, C. et al. The challenge of sheep farming in the tropics: aspects related to heat tolerance. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, p. 107-120, 2011.

MCMANUS, C.; PAIVA, S. R.; ARAÚJO, R. O. Genetics and breeding of sheep in Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 236-246, 2010.

MEIRELLES, S. L. et al. Efeitos de ambiente e estimativas de parâmetros genéticos para características de carcaça em bovinos da raça Canchim criados em pastagem. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 39, n. 7, p. 1437-1442, 2010.

MEIRELLES, S. L. C. et al. Genetic parameters for carcass traits and body weight using a Bayesian approach in the Canchim cattle. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, gmr.15027471, 2016.

MENEZES, G. R. O. et al. Tendências genéticas para características de carcaça ao sobreano na raça Nelore – Programa Geneplus-Embrapa. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 10. Uberaba. **Anais...** Viçosa: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2013.

MERCADANTE, M. E. Z. et al. Repetibilidade da mensuração de imagens das características de carcaça obtidas por ultrassonografia em fêmeas Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n.4, p.752-757, 2010.

OECD/FAO - ORGANISATION FOR ECONOMIC COOPERATION AND DEVELOPMENT / FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **Agricultural Outlook 2018-2027**, OECD Publishing, Paris/FAO, Rome, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1787/agr_outlook-2018-en> (acessado em 15 maio 2020).

PAULA, D. C.; MACEDO, V. H. M.; SIMIONI, T. A. Características da carne na terminação de cordeiros em pastagens tropicais com suplementação Carcaça, desempenho, ovinos, raça, alimentação. **Nutritime Revista Eletrônica**, Viçosa, v. 14, n. 5, p. 7053-7066, 2017.

PINHEIRO, R. S. B.; JORGE, A. M.; YOKOO, M. J. L. Correlações entre medidas determinadas in vivo por ultrassom e na carcaça de ovelhas de descarte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 1161-1167, 2010.

PITA, F.V.C.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeitos da utilização de diferentes covariáveis na avaliação do ganho de peso médio diário em suínos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.3, p.736-743, 2001.

QUEIROZ, L. C. R. et al. Tendências genéticas e fenotípicas para características de carcaça em bovinos da raça Nelore sob seleção para precocidade-sexual. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 27. Santos. **Anais...** [eletrônicos]... Brasília, DF: Associação Brasileira de Zootecnistas. Zootec, 2017.

RAINERI, C.; STIVARI, T.; GAMEIRO, A. Lamb Production Costs: Analyses of Composition and Elasticities Analysis of Lamb Production Costs. **Animal Bioscience**, v. 28, n. 8, p. 1209-1215, 2015.

RESENDE, K. T. et al. Progresso científico em pequenos ruminantes na primeira década do século XXI. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 369-375, 2010.

ROUT, P. K. et al. Genetic analysis of growth parameters and survival potential of Jamunapari goats in semiarid tropics. **Small Ruminant Research**, v. 165, p. 124-130, 2018.

SANTOS, G. C. J. et al. Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos nelore da região Norte do Brasil. **Acta Scientiarum Animal Sciences**, v. 34, p. 97-101, 2012.

SANTOS, N.P. S. et al. Correção de medida ultrassonográfica de carcaça em coelhos usando modelo linear misto com covariáveis. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia** (ONLINE), v. 71, p. 473-480, 2019.

SARMENTO, J. L. R. et al. Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterísticas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 58, n.1, p. 581-589, 2006.

SARMENTO, J. L. R. et al. Modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 8, p. 1723-1732, 2010.

SARMENTO, J. L. R. et al. Efeito materno sobre a curva de crescimento de ovinos Santa Inês por meio de modelos de regressão aleatória. **Comunicata Scientiae**, v. 2, n. 2, p. 113-121, 2011.

SAVOIA, S. et al. Heritability and genetic correlations of carcass and meat quality traits in Piemontese young bulls. **Meat Science**, v. 156, p. 111-117, 2019.

SENA, L. S. et al. Associação entre características de carcaça e tamanho corporal em ovinos Santa Inês. **Revista Científica de Produção Animal**, v. 18, n. 2, p. 84-92, 2016a.

SENA, L. S. et al. Genetic parameters for carcass traits and body size of meat sheep. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 37, n. 4, p. 2477-2486, 2016b.

SENA, L. S. et al. Genetic evaluation of tropical climate-adapted sheep for carcass traits including genomic information. **Small Ruminant Research**, v. 188, p. 106120, 2020.

SILVA, S. L. et al. Tendências genéticas para características de carcaça avaliadas por ultrassom em um rebanho Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA 46. Maringá. **Anais...** Sociedade Brasileira de Zootecnia. CD-ROM, 2009.

SOUZA, S. F. et al. Aplicação da ultrassonografia para avaliação de condição corporal e acabamento de carcaça em pequenos ruminantes. **Ciência Veterinária nos Trópicos**, v. 19, n. 3, p. 34-42, 2016.

TIMPANI, V. D.; NASCIMENTO, T. E. C. **Uma Breve Introdução `a Estatística Bayesiana Aplicada ao Melhoramento Genético Animal. Embrapa Amazônia**

Oriental. Embrapa Amazônia Oriental - Belém, PA. Documentos / Embrapa Amazônia Oriental, 57 p. ISSN 1983-0513; 412, 2015.

THOMPSON, R. Estimation of quantitative genetic parameters. **Proceedings of the Royal Society B**, v. 275, p. 679–686, 2008.

YOKOO, M. J. et al. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p. 197-202, 2009.

YOKOO, M. J. et al. Genetic and environmental factors affecting ultrasound measures of longissimus muscle area and backfat thickness in Nelore cattle. **Livestock Science**, v.117, p.147-154, 2008.

YOKOO, M. J. et al. O uso da estatística Bayesiana no melhoramento genético animal: uma breve explicação. **Scientia Agrária Paranaensis**, v. 12, p. 247-257, 2013.

CAPÍTULO I

Inclusão de covariáveis no modelo animal para avaliação genética da medida ultrassonográfica do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos

Artigo conforme as normas da revista *Small Ruminant Research*

1 **Inclusão de covariáveis no modelo animal para avaliação genética da medida**
2 **ultrassonográfica do músculo *Longissimus dorsi* em ovinos**

3 **Dayane Pereira de Castro^{a*}, Natanael Pereira da Silva Santos^b, Daniel Biagiotti^c**

4 ^aPrograma de Pós-Graduação em Ciência Animal, Centro de Ciências Agrárias, Universidade
5 Federal do Piauí, Teresina, Piauí, Brasil.

6 ^bCoordenação do Curso de Engenharia Agrônômica, *Campus* Professora Cinobelina
7 Elvas, Bom Jesus, Piauí, Brasil.

8 ^cColégio Técnico de Bom Jesus, *Campus* Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus,
9 Piauí, Brasil.

10
11 *Autor correspondente.

12 Endereços de e-mail: dayanecastro19@outlook.com; natanael@ufpi.edu.br;
13 biagiotti@ufpi.edu.br.

14 **Destaques**

- 15 • A idade do animal no dia da coleta como covariável modela as variâncias associadas
16 a medida da área de olho de lombo.
17 • Valores genéticos com maior acurácia foram obtidos com a inclusão do efeito idade
18 do animal.
19 • A área de olho de lombo apresentou aumento nos valores genéticos preditos ao longo
20 das duas décadas avaliadas.

21 **RESUMO**

22 A técnica de ultrassonografia em tempo real utilizada para avaliar a carcaça *in vivo* do
23 animal é passível de erros de natureza humana, que podem resultar em interpretações
24 equivocadas da avaliação de carcaça, prejudicando desta forma a qualidade da
25 informação. Objetivou-se com esta pesquisa estimar os componentes de variância,
26 herdabilidade e tendência genética para a área de olho de lombo (AOL) mensurada via
27 ultrassonografia, com inclusão de diferentes covariáveis, em ovinos da raça Santa Inês.
28 Foram analisados quinze modelos distintos, que incluíram o efeito genético aditivo direto
29 como aleatório, os efeitos de grupo de contemporâneos, ano de nascimento e classe de
30 idade como fixos, além de três covariáveis: idade do animal no dia da coleta,
31 profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo. Os componentes de
32 variância foram estimados via inferência Bayesiana por meio de análise unicaracterística,

33 com utilização de modelo animal. Os modelos foram comparados por meio do Fator de
34 Bayes e acurácia teórica dos valores genéticos. As estimativas de variância genética
35 aditiva para AOL variaram de 0,10 a 1,46, enquanto os valores de variância residual
36 variaram de 0,68 a 3,78 e as estimativas de herdabilidade variaram de 0,13 a 0,29. De
37 modo geral, as estimativas de variância genética aditiva direta e herdabilidade foram
38 superiores nos modelos com a inclusão da idade animal como covariável. As estimativas
39 de acurácia teórica de valores genéticos foram superiores quando somente a idade do
40 animal foi considerada nos modelos, com ganhos em acurácia variaram de 0,003 a 0,014
41 unidades. A tendência genética anual para AOL apresentou comportamento positivo com
42 um ganho anual médio de 0,40 cm², indicando que eficiência da seleção aplicada nos
43 rebanhos nas duas últimas décadas para AOL, contudo ressalta-se que seleção foi indireta,
44 pois os rebanhos analisados não são selecionados para AOL. A inclusão da covariável
45 idade do animal no dia da coleta no modelo resultou em melhores estimativas de
46 componentes de variância, herdabilidade e tendência genética para área de olho de lombo
47 em ovinos Santa Inês.

48 **Palavras-chave:** área de olho de lombo; componentes de variância; inferência
49 Bayesiana; melhoramento genético; ovinocultura.

50

51 **Inclusion of covariates in the animal model for genetic evaluation of**
52 **ultrasonographic measurement of the Longissimus dorsi muscle in sheep**

53

54 **ABSTRACT**

55 The real-time ultrasound technique used to evaluate the animal's carcass in vivo is subject
56 to human error, which may result in erroneous interpretation of the carcass evaluation,
57 thus affecting the quality of the information. The objective of this study was to estimate
58 the variance components, heritability and genetic trend for the loin eye area (LOOA)
59 measured by ultrasonography, including different covariates, in Santa Inês sheep. Fifteen
60 different models were analyzed, which included the direct additive genetic effect as
61 random, the effects of contemporary group, year of birth and age class as fixed, and three
62 covariates: age of the animal on the day of collection, loin eye depth and loin eye length.
63 The variance components were estimated via Bayesian inference by single-characteristic
64 analysis, using an animal model. The models were compared using the Bayes Factor and
65 theoretical accuracy of genetic values. The additive genetic variance estimates for AOL

66 ranged from 0.10 to 1.46, while the residual variance values ranged from 0.68 to 3.78 and
67 the heritability estimates ranged from 0.13 to 0.29. Overall, estimates of direct additive
68 genetic variance and heritability were higher in models with the inclusion of animal age
69 as a covariate. The estimates of theoretical accuracy of genetic values were higher when
70 only animal age was considered in the models, with gains in accuracy ranging from 0.003
71 to 0.014 units. The annual genetic trend for EY showed positive behavior with an average
72 annual gain of 0.40 cm², indicating that the efficiency of selection applied in herds in the
73 last two decades for EY, however it is noteworthy that the selection was indirect, since
74 the analyzed herds are not selected for EY. The inclusion of the covariate animal age on
75 the day of collection in the model resulted in better estimates of variance components,
76 heritability and genetic trend for loin eye area in Santa Inês sheep.

77 **Key words:** bayesian inference; genetic improvement; rib eye area; sheep farming;
78 variance components.

79

80 **1. Introdução**

81 Estudos sobre avaliação genética de características de carcaça, em sua maioria,
82 são realizados no músculo *Longissimus dorsi*, devido ao entendimento de que este
83 representa a carcaça como um todo (Meirelles et al., 2010). A mensuração desse músculo
84 pode ser realizada via técnica de ultrassonografia em tempo real (UTR), que é considerada
85 uma ferramenta objetiva na seleção de características relacionadas ao rendimento de
86 carcaça (Yokoo et al., 2010).

87 A técnica de ultrassonografia, ao ser utilizada para mensurar a área do músculo
88 *Longissimus dorsi* (olho de lombo), está passível de erros de natureza humana, oriundos
89 do posicionamento do transdutor na estrutura anatômica visualizada, que varia de acordo
90 com o operador (Mercadante et al., 2010). Tal limitação pode acarretar em interpretações
91 equivocadas (Santos et al., 2019) e resultar em erros na predição dos valores genéticos
92 dos animais, prejudicando desta forma a qualidade da informação que será utilizada para
93 avaliação genética do rebanho.

94 Partindo desse pressuposto, sugere-se o uso de covariáveis no modelo com a
95 finalidade de resolver esse problema, pois sua inclusão na análise poderá melhorar
96 predição dos valores genéticos dos animais para a característica avaliada. Isto resultaria
97 em uma seleção mais acurada e, conseqüentemente, na identificação correta dos melhores
98 indivíduos. Um dos fatores relevantes durante essa análise é a escolha adequada das

99 covariáveis. O ideal é que estas apresentem alta correlação com a variável resposta.
100 Contudo, pesquisas que avaliam a área de olho de lombo (AOL) não abordam quais
101 covariáveis proporcionam a melhor correção dos valores genéticos para a característica
102 avaliada.

103 A importância de estimativas acuradas é evidente, pois a seleção aplicada para
104 AOL, se positiva, implicará no melhoramento de outras características, como a
105 profundidade, comprimento e escore de marmoreio de olho de lombo (Figueiredo Filho
106 et al., 2016).

107 O ganho genético para essas características pode ser acompanhado por meio da
108 tendência genética, que permite identificar a taxa (aumento ou redução) de progresso
109 anual alcançado nessas características por meio da seleção genética (Laureano et al.,
110 2011; Carrara et al., 2019). Desta forma, a estimação de tendências genéticas para
111 características de qualidade e rendimento de carcaça em ovinos Santa Inês permite a
112 visualização da eficiência dos procedimentos de seleção e asseguram que a pressão de
113 seleção seja direcionada para a melhoria genética dessas características.

114 Na literatura não há concordância no que se refere a qual característica deve ser
115 utilizada como covariável para avaliação genética e verificação da tendência genética para
116 área de olho de lombo em ovinos. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi estimar
117 componentes de variância, herdabilidade e tendência genética para a área de olho de
118 lombo mensurada via ultrassonografia, com inclusão das covariáveis idade do animal no
119 dia da coleta, profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo no modelo
120 animal para avaliação genética de ovinos da raça Santa Inês.

121

122 **2. Material e métodos**

123 Os dados utilizados no estudo pertencem ao projeto Estudo genômico aplicado ao
124 melhoramento genético de ovinos Santa Inês para características de carcaça, nº 340/17,
125 aprovado pela Comissão de Ética no Uso de Animais (CEUA/UFPI), da Universidade
126 Federal do Piauí, que integra o Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Ciência
127 Animal (INCT-CA) do CNPq, coordenado pela Universidade Federal de Viçosa.

128

129 *2.1. Descrição dos dados*

130 As informações utilizadas para a realização desta pesquisa fazem parte do banco
131 de dados de animais da raça Santa Inês. Os dados foram coletados em 18 fazendas

132 localizadas na sub-região Meio-Norte do Brasil (estados do Piauí e Maranhão), em
133 animais registrados junto à Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO) ou
134 pertencentes ao núcleo de conservação de caprinos e ovinos da Embrapa Meio-Norte
135 (Campo Maior, Piauí). O arquivo de dados de *pedigree* incluiu 1.637 animais, dos quais
136 206 indivíduos eram pais e 713 eram mães. A profundidade do *pedigree* utilizado foi de
137 oito gerações, em que 933 indivíduos tinham informação de pai e mãe, 40 indivíduos
138 tinham apenas mãe conhecida e 664 não tinham ancestrais conhecidos.

139 Os dados fenotípicos utilizados na pesquisa foram coletados entres os anos de
140 2008 e 2018. Os animais utilizados no estudo eram criados em sistema semi-intensivo,
141 em que recebiam suplemento nutricional em época de escassez de pastagem.

142

143 2.2. *Dados fenotípicos*

144 As características de carcaça mensuradas com uso de ultrassonografia em tempo
145 real foram: área de olho de lombo (AOL, cm²); comprimento de olho de lombo (COL,
146 cm); profundidade de olho de lombo (POL, cm). Todas avaliadas através de imagens
147 ultrassonográficas do corte transversal do músculo *Longissimus dorsi*, tendo como
148 referência anatômica o espaço intercostal entre a 12^a e 13^a costela. As medidas de carcaça
149 obtidas por ultrassonografia foram aferidas por um técnico treinado, com uso de um
150 aparelho de ultrassom equipado com transdutor linear de 3,5 MHz.

151 Em análise preliminar para edição e consistência dos dados fenotípicos, foram
152 mantidos para as análises subseqüentes apenas animais que continham informações de
153 ano de nascimento, ano de coleta, sexo, tipo de nascimento (simples e múltiplo) e fazenda.
154 Os animais foram designados em grupos de contemporâneos constituídos pelos efeitos de
155 ano de coleta (2012, 2013, 2014, 2017 e 2018), fazenda (1 a 18) e período de coleta (1 =
156 coletas realizadas de janeiro a maio – estação chuvosa; e 2 = coletas realizadas de junho
157 a dezembro – estação seca).

158 Após o procedimento para edição e consistência dos dados fenotípicos, apenas
159 observações de grupos contemporâneos com no mínimo sete animais foram mantidas.
160 Observações com valores acima ou abaixo de três desvios-padrão da média de cada grupo
161 contemporâneo foram removidas. Para a análise da característica AOL foram utilizados
162 apenas os dados coletados em fêmeas, totalizando 933 observações após a análise de
163 consistência.

164

165 2.3 Análises genético-quantitativas

166 Os componentes de variância foram estimados via inferência Bayesiana em
 167 análises unicaracterísticas por meio do aplicativo GIBBS1F90 (Misztal et al., 2020). Para
 168 as estimativas da distribuição *a posteriori* dos componentes de variância, foi utilizado o
 169 programa POSTGIBBSF90 (Misztal et al., 2020), que permite avaliar a convergência e a
 170 distribuição das amostras, para assim determinar o valor de descarte (*burn-in*) e o
 171 intervalo de amostragem através de análises gráficas, assim como o diagnóstico de
 172 Geweke (Geweke, 1992) e erro de Monte Carlo (Sorensen & Gianola, 2002).

173 A geração da cadeia de 1.000.000 de amostras foi realizada para a obtenção da
 174 distribuição *a posteriori* dos componentes de variância e herdabilidade da característica
 175 analisada. Após um descarte (*burn-in*) de 20% da cadeia (200.000 amostras iniciais), uma
 176 amostra foi utilizada a cada 100 ciclos (intervalo de amostragem), gerando uma
 177 distribuição *a posteriori* com 8.000 amostras, a partir das quais foram feitas as
 178 inferências.

179 Foram considerados nos modelos para realização das análises: efeito fixo classe
 180 de idade, composto por três classes, onde a classe 1 foi composta por animais com < 2
 181 anos de idade, classe 2 por animais com 2 > ou < 4 anos de idade e classe 3 por animais
 182 com > 4 anos de idade; a covariável idade animal efeito linear e quadrático; a covariável
 183 profundidade de olho de lombo efeito linear e quadrático; a covariável comprimento de
 184 olho de lombo efeito linear e quadrático.

185 O modelo animal linear misto adotado pode ser descrito matricialmente com base
 186 na seguinte expressão:

187

$$188 \quad y = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\alpha + \varepsilon$$

189

190 em que: y = vetor de observações da característica estudada; β = vetor de efeitos
 191 sistemáticos; α = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos de cada animal; \mathbf{X} = matriz
 192 de incidência dos efeitos fixos; \mathbf{Z} = a matriz de incidência dos efeitos genéticos aditivos
 193 diretos; e ε = vetor de efeitos residuais associados às observações.

194 As pressuposições assumidas, sob o enfoque do método Bayesiano, das
 195 observações (y) e parâmetros (β , α e σ_e^2), que assumem distribuição normal univariada,
 196 são dadas como segue:

197

198

$$y|\beta, \alpha, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\alpha + \mathbf{I}\sigma_e^2)$$

199

$$\alpha|\mathbf{A}, \sigma_a^2 \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{A}\sigma_a^2)$$

200

$$e|e, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{I}\sigma_e^2)$$

201

202 sendo: σ_a^2 e σ_e^2 = componentes de variância genética aditiva direta e residual,203 respectivamente; \mathbf{A} = matriz de numeradores do coeficiente de parentesco de Wrigth; \mathbf{I} =

204 matriz identidade de dimensão igual ao número de animais que têm observações.

205

Os modelos utilizados podem ser descritos como:

206

$$\text{Modelo I: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \text{IDC} + \alpha + \varepsilon$$

207

$$\text{Modelo II: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_1(\text{I} - \bar{\text{I}}) + \alpha + \varepsilon$$

208

$$\text{Modelo III: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_2(\text{I} - \bar{\text{I}})^2 + \alpha + \varepsilon$$

209

$$\text{Modelo IV: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_3(\text{P} - \bar{\text{P}}) + \alpha + \varepsilon$$

210

$$\text{Modelo V: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_4(\text{P} - \bar{\text{P}})^2 + \alpha + \varepsilon$$

211

$$\text{Modelo VI: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_5(\text{C} - \bar{\text{C}}) + \alpha + \varepsilon$$

212

$$\text{Modelo VII: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_6(\text{C} - \bar{\text{C}})^2 + \alpha + \varepsilon$$

213

$$\text{Modelo VIII: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_1(\text{I} - \bar{\text{I}}) + \beta_3(\text{P} - \bar{\text{P}}) + \alpha + \varepsilon$$

214

$$\text{Modelo IX: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_2(\text{I} - \bar{\text{I}})^2 + \beta_4(\text{P} - \bar{\text{P}})^2 + \alpha + \varepsilon$$

215

$$\text{Modelo X: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_1(\text{I} - \bar{\text{I}}) + \beta_5(\text{C} - \bar{\text{C}}) + \alpha + \varepsilon$$

216

$$\text{Modelo XI: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_2(\text{I} - \bar{\text{I}})^2 + \beta_6(\text{C} - \bar{\text{C}})^2 + \alpha + \varepsilon$$

217

$$\text{Modelo XII: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_3(\text{P} - \bar{\text{P}}) + \beta_5(\text{C} - \bar{\text{C}}) + \alpha + \varepsilon$$

218

$$\text{Modelo XIII: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_4(\text{P} - \bar{\text{P}})^2 + \beta_6(\text{C} - \bar{\text{C}})^2 + \alpha + \varepsilon$$

219

$$\text{Modelo XIV: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_1(\text{I} - \bar{\text{I}}) + \beta_3(\text{P} - \bar{\text{P}}) + \beta_5(\text{C} - \bar{\text{C}}) + \alpha + \varepsilon$$

220

$$\text{Modelo XV: } y = \mu + \text{GC} + \text{AN} + \beta_2(\text{I} - \bar{\text{I}})^2 + \beta_4(\text{P} - \bar{\text{P}})^2 + \beta_6(\text{C} - \bar{\text{C}})^2 + \alpha + \varepsilon$$

221

222 em que: y = vetor de observações da característica área de olho de lombo; μ = média geral

223 das características em estudo; GC = efeito dos grupos de contemporâneos; AN = efeito

224 do ano de nascimento; IDC = efeito classe de idade; β_1 = coeficiente de regressão linear225 da covariável idade animal sobre y ; β_2 = coeficiente de regressão quadrática da covariável226 idade animal sobre y ; β_3 = coeficiente de regressão linear da covariável profundidade de227 olho de lombo sobre y ; β_4 = coeficiente de regressão quadrática da covariável228 profundidade de olho de lombo sobre y ; β_5 = coeficiente de regressão linear da229 covariável comprimento de olho de lombo sobre y ; β_6 = coeficiente de regressão

230 quadrática da covariável comprimento de olho de lombo sobre y ; I = covariável idade do
 231 animal no dia da coleta; \bar{I} = média da covariável idade do animal no dia da coleta; P =
 232 covariável profundidade de olho de lombo; \bar{P} = média da covariável profundidade de olho
 233 de lombo; C = covariável comprimento de olho de lombo; \bar{C} = média da covariável
 234 comprimento de olho de lombo; α = efeito genético aditivo direto de cada animal; ε =
 235 vetor dos erros aleatórios residuais associados às observações.

236 Como critérios de seleção do melhor modelo para a característica estudada
 237 utilizou-se o Fator de Bayes (FB), que é a razão das verossimilhanças marginais entre
 238 dois modelos (Kass & Raftery, 1995), e a acurácia teórica dos valores genéticos (Acc).

239 Em análise com dois modelos, M_i e M_j , o Fator de Bayes é definido como a razão
 240 das verossimilhanças marginais desses dois modelos:

241

$$242 \quad FB_{i,j} = \frac{f(y|M_i)}{f(y|M_j)}$$

243

244 sendo: $FB_{i,j} > 1$, a indicação é de que o modelo do numerador M_i é o mais plausível ou
 245 verossímil, se $FB_{i,j} < 1$, o modelo do denominador M_j é o preferido, e se $FB_{i,j} = 1$, a
 246 qualidade dos dois modelos é a mesma $M_i = M_j$ (Kass & Raftery, 1995).

247 A acurácia teórica (Acc) dos valores genéticos foi calculada utilizando os erros
 248 padrão da predição (SEP), estimados a partir da inversa das equações de modelos mistos
 249 como:

$$250 \quad Acc = 1 - \sqrt{\frac{PEV}{\sigma_a^2}}$$

251 em que: PEV (variância do erro da predição) é equivalente a SEP^2 , sendo que SEP é o
 252 desvio padrão *a posteriori* gerado na saída do POSTGIBBSF90 (arquivo final_solutions)
 253 para o valor genético estimado de cada animal para a característica em estudo; σ_a^2 =
 254 variância genética aditiva da característica.

255 Para o cálculo de tendência genética para AOL, foi ajustada uma equação de
 256 regressão linear de 1º grau dos valores genéticos preditos pelo modelo que apresentou
 257 melhor ajuste aos dados. Para isto, foram agrupados os valores genéticos de todos os
 258 animais com informação de ano de nascimento, em função do ano de nascimento do
 259 próprio animal, em que o coeficiente linear de regressão representou o progresso genético
 260 anual para AOL.

261 3. Resultados

262 3.1. Estatística descritiva dos dados fenotípicos

263 O número de observações utilizadas para a característica e covariáveis, foi de 933.
 264 Na análise descritiva dos dados (Tabela 1), observa-se que as médias para a característica
 265 AOL e covariáveis POL, COL e ID foram iguais a 8,80 cm², 2,47 cm, 4,33 cm e 3,41
 266 anos, respectivamente. As médias observadas encontram-se abaixo dos valores
 267 encontrados para ovinos adultos da raça Santa Inês, porém, observa-se amplitude
 268 considerável para AOL, POL E COL, o que se deve às diferenças de manejo adotado nas
 269 fazendas onde os animais foram criados, além de variações genéticas entre os animais.

270 **Tabela 1.** Estatística descritiva da característica área de olho de lombo e covariáveis
 271 profundidade de olho de lombo, comprimento de olho de lombo e idade do animal no dia
 272 da coleta em ovinos Santa Inês.

Característica	N	Média	DP	Mínimo	Máximo
AOL (cm ²)	933	8,80	2,90	2,99	20,52
Covariáveis					
POL (cm)	933	2,47	0,50	1,24	4,31
COL (cm)	933	4,33	0,76	1,60	6,91
ID (anos)	933	3,41	2,33	0,47	13,53

273 AOL: área de olho de lombo; POL: profundidade de olho de lombo; COL: comprimento
 274 de olho de lombo; ID: idade do animal no dia da coleta; DP: desvio padrão.

275

276 3.2 Comparação entre os modelos analisados

277 A inclusão da idade do animal, tanto em efeito fixo classificatório (I), como
 278 covariável (II e III), proporcionou melhor ajuste aos dados estudados em relação aos
 279 demais modelos (Tabela 2), portanto, a idade do animal explica parte das variações
 280 observadas e, quando inseridas nas análises, pode resultar em maior acurácia da predição
 281 dos valores genéticos aditivos.

282 Os modelos que incluíram a covariável COL (VI, VII, X, XI, XIV e XV) foram
 283 inferiores aos modelos que usaram POL como covariável (IV, V, VIII, IX, XII e XIII),
 284 sugerindo que a inclusão da profundidade de olho de lombo parece ser mais adequada
 285 quando comparada ao comprimento de olho de lombo. Os modelos II e III, que usaram
 286 apenas a covariável ID, apresentaram o melhor ajuste dos dados analisados e de acordo
 287 com o Fator de Bayes ambos possuem a mesma qualidade.

288 **Tabela 2.** Fator de Bayes para modelos sem e com inclusão de covariáveis para característica de área de olho de lombo em ovinos Santa Inês.

Modelo ^{1**}	Fator de Bayes*													
	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	XI	XII	XIII	XIV
II	0,86													
III	0,72	1,00												
IV	1,35	1,35	1,34											
V	1,34	1,34	1,34	0,99										
VI	1,19	1,18	1,18	1,15	1,16									
VII	1,20	1,20	1,20	1,18	1,14	1,00								
VIII	1,35	1,35	1,34	1,00	1,00	1,14	1,12							
IX	1,35	1,34	1,34	1,00	1,00	1,13	1,12	0,99						
X	1,19	1,18	1,18	1,15	1,14	1,00	0,98	1,12	1,15					
XI	1,20	1,20	1,19	1,16	1,15	1,00	1,00	1,14	1,16	1,00				
XII	1,65	1,64	1,64	1,22	1,23	1,38	1,37	1,22	1,23	1,39	1,37			
XIII	1,71	1,70	1,70	1,26	1,27	1,43	1,42	1,26	1,27	1,44	1,42	1,00		
XIV	1,66	1,65	1,65	1,22	1,23	1,39	1,37	1,22	1,23	1,40	1,38	1,21	1,17	
XV	1,71	1,70	1,70	1,26	1,27	1,43	1,42	1,26	1,27	1,44	1,42	1,17	1,11	1,14

289 ¹I- sem covariável; **II** - covariável idade do animal no dia da coleta efeito linear; **III** – covariável idade do animal no dia da coleta efeito quadrático;
290 **IV** - covariável profundidade de olho de lombo efeito linear; **V** - covariável profundidade de olho de lombo efeito quadrático; **VI** - covariável
291 comprimento de olho de lombo efeito linear; **VII** - covariável comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **VIII** - covariáveis idade do animal
292 no dia da coleta e profundidade de olho de lombo efeito linear; **IX** - covariável idade do animal no dia da coleta e profundidade de olho de lombo
293 efeito quadrático; **X** - covariáveis idade do animal no dia da coleta e comprimento de olho de lombo efeito linear; **XI** - covariáveis idade do animal
294 no dia da coleta e comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **XII** - covariáveis profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de
295 lombo efeito linear; **XIII** - covariáveis profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **XIV** - covariáveis idade
296 do animal, profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo efeito linear; **XV** - covariáveis idade do animal no dia da coleta,
297 profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo efeito quadrático; *o Fator de Bayes (FB) foi obtido pelo -2 Log L através do
298 programa POSTGIBBSF90, após a geração das distribuições *a posteriori*; **a comparação entre os modelos se deu por meio da coluna pela linha
299 e os valores estão dispostos na tabela.

300 3.3 Estimativas de componentes de variância e herdabilidade

301 Todos os modelos obtiveram convergência a 5% ($P < 0,05$) pelo critério de Geweke
 302 (Geweke, 1992) (Tabela 3), indicando que as cadeias dos parâmetros convergiram e que
 303 o número de iterações consideradas foi adequado, validando assim as estimativas da
 304 distribuição *a posteriori* dos parâmetros. Os valores obtidos no cálculo dos Erros de
 305 Monte Carlo (EMC) foram baixos (0,0012 a 0,0060) em todas análises, logo as
 306 estimativas de herdabilidade (h^2) nas distribuições *a posteriori* convergiram, confirmando
 307 que o tamanho da cadeia amostral utilizada na análise Bayesiana foi suficiente para obter
 308 estimativas precisas das médias das densidades posteriores.

309 A variância genética aditiva estimada somente com efeito classe de idade (I) e
 310 covariável ID (II e III), variou de 1,27 a 1,46. Nos demais modelos, que incluíram as
 311 covariáveis POL e COL, a variância genética aditiva foi de 0,10 a 0,33. Os valores mais
 312 baixos (0,10 a 0,12) foram obtidos nos modelos XII, XIII, XIV e XV, enquanto que o
 313 modelo III apresentou a maior variância genética (Tabela 3). As estimativas de variância
 314 residual com efeito classe de idade (I) e covariável ID (II e III), variaram de 3,64 a 3,78.
 315 Nos modelos que usaram POL e COL, a variância residual foi de 0,66 a 2,09, onde as
 316 menores estimativas foram obtidas nos modelos XIII e XV. Os valores de h^2 variaram de
 317 baixa a moderada magnitude, ou seja, de 0,25 a 0,29 nos modelos com efeito classe de
 318 idade (I) e covariável ID (II e III) e de 0,13 a 0,18 nos modelos que incluíram as
 319 covariáveis POL e COL. As estimativas de h^2 nos modelos I, II e III foram consideradas
 320 de moderada magnitude.

321 **Tabela 3.** Estimativas de componentes de variância e herdabilidade utilizando diferentes
 322 modelos para área de olho de lombo (AOL) em ovinos Santa Inês.

Modelo ¹	Componentes e Parâmetros				Geweke	EMC
	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2		
I	1,27	3,78	5,05	0,25	0,001	0,0027
II	1,43	3,67	5,10	0,28	0,001	0,0017
III	1,46	3,64	5,10	0,29	0,001	0,0012
IV	0,26	1,28	1,54	0,17	0,001	0,0036
V	0,29	1,30	1,59	0,18	0,001	0,0034
VI	0,31	2,09	2,40	0,13	0,001	0,0042
VII	0,30	2,00	2,30	0,15	0,001	0,0060
VIII	0,26	1,29	1,55	0,16	0,001	0,0031
IX	0,29	1,30	1,59	0,18	0,001	0,0032
X	0,33	2,08	2,41	0,14	0,001	0,0058
XII	0,12	0,74	0,86	0,14	0,001	0,0022

323 Continua ...

324 Continuação da Tabela 3.

Modelo ¹	Componentes e Parâmetros				Geweke	EMC
	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2		
XII	0,12	0,74	0,86	0,14	0,001	0,0022
XIII	0,10	0,68	0,78	0,13	0,001	0,0028
XIV	0,12	0,73	0,85	0,14	0,002	0,0027
XV	0,11	0,66	0,77	0,14	0,001	0,0033

325 ¹I- sem covariável; **II** - covariável idade do animal no dia da coleta efeito linear; **III** –
326 covariável idade do animal no dia da coleta efeito quadrático; **IV** - covariável
327 profundidade de olho de lombo efeito linear; **V** - covariável profundidade de olho de
328 lombo efeito quadrático; **VI** - covariável comprimento de olho de lombo efeito linear;
329 **VII** - covariável comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **VIII** - covariáveis
330 idade do animal no dia da coleta e profundidade de olho de lombo efeito linear; **IX** -
331 covariável idade do animal no dia da coleta e profundidade de olho de lombo efeito
332 quadrático; **X** - covariáveis idade do animal no dia da coleta e comprimento de olho de
333 lombo efeito linear; **XI** - covariáveis idade do animal no dia da coleta e comprimento de
334 olho de lombo efeito quadrático; **XII** - covariáveis profundidade de olho de lombo e
335 comprimento de olho de lombo efeito linear; **XIII** - covariáveis profundidade de olho de
336 lombo e comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **XIV** - covariáveis idade do
337 animal, profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo efeito linear;
338 **XV** - covariáveis idade do animal no dia da coleta, profundidade de olho de lombo e
339 comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **EMC** – erro de Monte Carlo da média
340 da herdabilidade *a posteriori*; σ_a^2 : variância genética aditiva; σ_e^2 : variância residual; σ_p^2 :
341 variância fenotípica; h^2 : herdabilidade.

342

343 *3.4. Acurácias de valores genéticos*

344 As estimativas de acurácia teórica de valores genéticos variaram de 0,063 a 0,128.
345 O modelo sem covariáveis (I) apresentou maior acurácia teórica de valores genéticos
346 quando comparado aos modelos que incluíram as covariáveis POL e COL. As acurácias
347 estimadas em modelos que usaram somente a ID (II e III) foram superiores à acurácia
348 obtida pelo modelo sem inclusão de covariáveis (I), como esperado (Tabela 4).

349 A inclusão da covariável idade do animal no dia da coleta (II e III) em relação ao
350 modelo sem covariáveis, apresentou ganhos em acurácia, que variaram de 9,65 % (II) a
351 12,28% (III). Enquanto isso, quando se comparou os modelos II e III, a covariável ID em
352 efeito quadrático (III) obteve ganhos em acurácia de 2,40%, sendo portanto, o modelo
353 que proporcionou melhores resultados e por isso foi utilizado para o cálculo de tendência
354 genética da AOL.

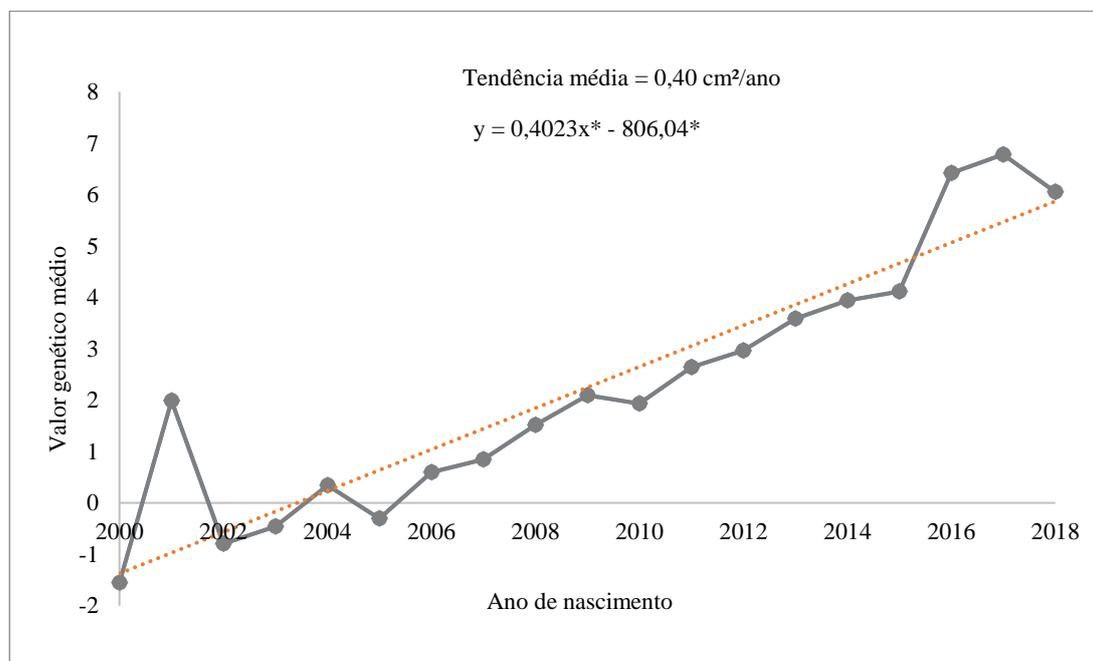
355 **Tabela 4.** Estimativas de acurácia média para valores genéticos de ovinos Santa Inês
 356 avaliados para medida da área de olho de lombo (AOL) em modelos sem e com inclusão
 357 de covariáveis.

Modelo ¹	Acurácia	GA(I)	EF%(II)	GA(II)	EF%(II)	GA(III)	EF%(III)
I	0,114	-	-	-	-	-	-
II	0,125	0,011	9,65	-	-	-	-
III	0,128	0,014	12,28	0,003	2,40	-	-
IV	0,081	-0,033	-28,95	-0,044	-35,20	-0,047	-36,72
V	0,086	-0,028	-24,56	-0,039	-31,20	-0,042	-0,33
VI	0,064	-0,050	-43,86	-0,061	-48,80	-0,064	-50,00
VII	0,064	-0,050	-43,86	-0,061	-48,80	-0,064	-50,00
VIII	0,080	-0,034	-29,82	-0,045	-36,00	-0,048	-37,50
IX	0,085	-0,029	-25,44	-0,040	-32,00	-0,043	-33,59
X	0,067	-0,047	-41,23	-0,058	-46,40	-0,061	-47,66
XI	0,063	-0,051	-44,74	-0,062	-49,60	-0,065	-50,78
XII	0,068	-0,046	-40,35	-0,057	-45,60	-0,060	-46,88
XIII	0,065	-0,049	-42,98	-0,060	-48,00	-0,063	-0,49
XIV	0,069	-0,045	-39,47	-0,056	-44,80	-0,059	-46,09
XV	0,066	-0,048	-42,11	-0,059	-47,20	-0,062	-48,44

358 ¹I- sem covariável; **II** - covariável idade do animal no dia da coleta efeito linear; **III** –
 359 covariável idade do animal no dia da coleta efeito quadrático; **IV** - covariável
 360 profundidade de olho de lombo efeito linear; **V** - covariável profundidade de olho de
 361 lombo efeito quadrático; **VI** - covariável comprimento de olho de lombo efeito linear;
 362 **VII** - covariável comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **VIII** - covariáveis
 363 idade do animal no dia da coleta e profundidade de olho de lombo efeito linear; **IX** -
 364 covariável idade do animal no dia da coleta e profundidade de olho de lombo efeito
 365 quadrático; **X** - covariáveis idade do animal no dia da coleta e comprimento de olho de
 366 lombo efeito linear; **XI** - covariáveis idade do animal no dia da coleta e comprimento de
 367 olho de lombo efeito quadrático; **XII** - covariáveis profundidade de olho de lombo e
 368 comprimento de olho de lombo efeito linear; **XIII** - covariáveis profundidade de olho de
 369 lombo e comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **XIV** - covariáveis idade do
 370 animal, profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo efeito linear;
 371 **XV** - covariáveis idade do animal no dia da coleta, profundidade de olho de lombo e
 372 comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **GA**: ganho em acurácia a partir da
 373 inclusão de covariáveis; **EF**: eficácia da inclusão de covariáveis em comparação ao
 374 modelo sem covariáveis.

375 3.5 Estimativas de tendência genética

376 A tendência genética anual para a característica AOL foi estimada a partir dos
 377 valores genéticos preditos com o modelo III. Como se observa na Figura 1, a tendência
 378 genética foi positiva e significativa ($P < 0,01$), indicando que houve ganho genético de 0,40
 379 cm^2 para AOL ao longo do tempo.



380 **Figura 1.** Tendência genética para medida da área de olho de lombo obtida a partir
 381 de valores genéticos preditos com modelo III para a população de ovinos Santa Inês
 382 em estudo.
 383

384 * $P < 0,01$.

385 4. Discussão

387 4.1 Comparação entre os modelos analisados

388 Ao comparar somente os modelos que usaram covariáveis, a qualidade dos
 389 cenários que incluíram o modelo em que houve a inclusão das três covariáveis (XIV e XV)
 390 foi inferior aos demais, ficando evidente que as covariáveis em conjunto não responderam
 391 por porção significativa da variação existente na AOL (Tabela 2). Embora as medidas de
 392 profundidade e comprimento do músculo *Longissimus dorsi* possuam correlações que
 393 variam de intermediária a alta magnitude com a área de olho de lombo (Sena et al.,
 394 2016a), o uso das duas no mesmo modelo (XII e XIII) não condicionou melhor ajuste aos
 395 dados, sendo superior somente aos modelos mais parametrizados (XIV e XV), evidenciado

396 que a influência ambiental sobre essas medidas pode ter corroborado para o aumento da
397 variância residual (Pinheiro, Jorge & Yokoo, 2010).

398 A inclusão da covariável POL nos modelos (IV, V, VIII e IX) proporcionou
399 melhores ajustamentos aos dados quando comparados aos modelos que incluíram a COL
400 (VI, VII, X e XI) como covariável (Tabela 2), o que era esperado, pois a correlação entre
401 AOL e POL é maior (0,85) que a correlação entre AOL e COL (0,74) em ovinos Santa
402 Inês (Sena et al., 2016a).

403 Quando comparado aos modelos que incluíram as covariáveis POL e COL, o uso
404 da idade do animal em efeito fixo classificatório (I) e como covariável (II e III) resultou
405 em melhores ajustes aos dados, indicando que responde por porção significativa da
406 variação existente na AOL (Tabela 2). A idade do animal é um fator que influencia as
407 características de carcaça, sobre tudo a AOL, uma vez que o desenvolvimento do músculo
408 *Longissimus dorsi* está diretamente ligado ao aumento da idade, independente da raça,
409 pois a biologia de desenvolvimento dessa característica segue uma regra geral
410 (Hashimoto et al., 2012).

411 O crescimento muscular do animal acontece desde do seu nascimento, com
412 atuação dos hormônios testosterona e hormônio do crescimento (GH) na produção de
413 síntese e diminuição da degradação proteica muscular, com o intuito de ativar células-
414 satélites responsáveis pela regeneração do músculo. O GH estimula também a síntese do
415 fator de crescimento semelhante à insulina 1 (IGF-1), que é um gene que está associado
416 tanto a características de crescimento, como de carcaça em ovinos da raça Santa Inês.
417 Após o início da fase adulta, ocorre o desenvolvimento do músculo *Longissimus dorsi*,
418 indicando uma maturidade tardia (He et al., 2012; Su et al., 2014).

419 A inclusão da ID (II e III) foi superior ao uso da classe de idade (I), indicando que
420 apenas o uso da idade do animal como efeito fixo não é suficiente para controlar toda
421 variação existente na medida da AOL, por isso deve ser incluída como covariável, assim
422 permitirá que os animais sejam avaliados e comparados em condições iguais para este
423 efeito (Pita & Albuquerque, 2001). A partir deste resultado supõe-se que o uso dessa
424 covariável, juntamente com os outros efeitos comuns, como ano de nascimento, ambiente
425 que os animais foram expostos, ano e período da coleta, pode gerar estimativas de
426 parâmetros condizentes com o que consta na literatura para característica AOL em ovinos
427 Santa Inês.

428 A mensuração da AOL contém variações oriundas do manuseio do aparelho pelo
429 operador, sexo e diferença de idade entre os animais no momento da avaliação, visto que
430 animais machos e mais velhos possuem maior AOL, devido a maiores taxas de hormônios
431 relacionados ao crescimento e pela maturação desse músculo ser tardia, por isso a
432 importância de ajustá-la no modelo com inclusão de covariáveis (Pinheiro, Jorge &
433 Yokoo, 2010). Ao avaliarem características de carcaça em bovinos de corte, estudos
434 constataram que a inclusão das covariáveis peso corporal ao abate (Choy et al., 2008) e
435 idade do animal (Meirelles et al., 2016) para AOL resultou em melhores estimativas de
436 variância genética e herdabilidade, além de reduzir a variância residual.

437

438 *4.2 Estimativas de componentes de variância e herdabilidade*

439 As características POL e COL, quando incluídas como covariáveis nos modelos,
440 provocaram redução nas variâncias genéticas aditivas, e conseqüentemente, resultaram
441 em menores estimativas de herdabilidade (Tabela 3). A inclusão da idade do animal
442 proporcionou melhores estimativas de componentes de variância e herdabilidade, contudo
443 os modelos que consideraram somente ID como covariável, apresentaram estimativas
444 superiores em relação ao modelo que usou classe de idade como efeito fixo. As
445 estimativas de variância genética aditiva obtidas pelos modelos II (1,43) e III (1,46), que
446 incluíram como covariável ID, foram semelhantes à encontrada (1,45) por Sena et al.
447 (2020) e inferior a relatada (1,91) por Figueredo Filho et al. (2016), ambos em estudos de
448 avaliação genética para característica de carcaça em ovinos Santa Inês via análises
449 unicaracterísticas. Essa diferença provavelmente ocorreu devido ao diferente número de
450 informações (fenótipo e pedigree) em cada trabalho e a particularidades nas análises
451 estatísticas, que incluíram efeitos diferentes nos grupos de contemporâneos.

452 Os resultados para a proporção da variância residual estimados pelos modelos II
453 (3,67) e III (3,64) foi inferior ao obtido pelo modelo com efeito classe de idade (3,78).
454 Estes resultados indicam que a inclusão da covariável ID reduziu a variação residual,
455 proporcionando assim, um aumento na herdabilidade estimada (Tabela 3).

456 A herdabilidade estimada com a inclusão da covariável ID (II e III) foi considerada
457 de moderada magnitude (Tabela 3), a partir deste resultado, supõe-se que o fenótipo é um
458 bom indicador do genótipo do animal para a característica em estudo, o que indica a
459 possibilidade de obter ganhos genéticos por meio da seleção direta dessa característica na
460 população utilizada neste estudo. Os valores de h^2 para AOL obtido com a inclusão da

461 covariável ID foram inferiores ao valor relatado (0,31) por Figueiredo Filho et al. (2016),
462 superiores ao encontrado (0,20) por Sena et al. (2016b), ambos estudos em análises
463 unicaracterísticas com uso da matriz de parentesco baseada no *pedigree* do ovino Santa
464 Inês; e semelhantes ao encontrado (0,29) por Sena et al. (2020), utilizando análises
465 unicaracterísticas com a inclusão de informação genômica em ovinos Santa Inês.

466 Em média, as estimativas de herdabilidade para área de olho de lombo
467 mensurada *in vivo* variaram de baixa a moderada magnitude. Estudos que avaliaram
468 parâmetros genéticos de características de carcaça em bovinos da raça Nelore relataram
469 estimativas de 0,66 (Marques et al., 2013) e 0,30 (Faria et al., 2015) para AOL mensurada
470 por ultrassonografia. Ciappesoni et al. (2014) obtiveram h^2 de $0,19 \pm 0,05$ para AOL em
471 ovinos da raça Texel, em contrapartida, Kiya et al. (2019) relataram h^2 de $0,07 \pm 0,03$ em
472 estudos de parâmetros genéticos da raça Dorper.

473 A área de olho de lombo mensurada *in vivo* é uma característica importante para
474 a melhoria de carcaça em animais destinados à produção de carne e, de modo geral,
475 responde bem à seleção aplicada, fator que pode ser atribuído às estimativas de
476 herdabilidade que variam de baixa a alta magnitude e por ter correlação genética positiva
477 com o rendimento da carcaça (Barbosa et al, 2010).

478

479 4.3 Acurácias de valores genéticos

480 As maiores acurácias foram estimadas nos modelos que incluíram somente o
481 efeito idade do animal (Tabela 4), sugerindo que quando inserida nas análises pode
482 proporcionar estimativas de h^2 mais acuradas. A acurácia dos valores genéticos preditos
483 estimada pelo modelo que utilizou classe de idade como efeito fixo foi superior em
484 relação aos modelos que incluíram as covariáveis POL e COL, mas quando comparado
485 aos modelos II e III foi inferior, pois o uso de ID como covariável resultou em melhores
486 acurácias. Ao avaliarem características de carcaça, Daetwyler et al. (2012) relataram que
487 o uso da matriz de parentesco (BLUP) com a inclusão da covariável peso da carcaça
488 quente no modelo, conferiu uma acurácia de predição média de 0,09 em rebanho
489 multirracial de ovinos. Em estudos com bovinos de corte, Mehrban et al. (2019)
490 obtiveram acurácia média de 0,31 para características de carcaça com a inclusão da idade
491 de abate do animal como covariável.

492 A acurácia teórica para AOL em modelo sem inclusão de covariáveis foi de 0,114,
493 e quando adotado os modelos com inclusão da covariável ID (II e III), a acurácia foi igual
494 a 0,125 e 0,128, o que corresponde a um ganho em acurácia igual a 9,65% e 12,28%,
495 respectivamente (Tabela 4). Isto caracteriza maior eficiência desses modelos para estimar
496 os componentes de variância e herdabilidade, principalmente o modelo III, que
497 apresentou ganhos em acurácia de 2,40% em relação ao modelo II. Estimativas diferentes
498 foram relatadas por Suninga et al. (2018), em bovinos da raça Senepol, onde a inclusão
499 da covariável ID proporcionou um acréscimo na acurácia média de 1,32%, considerando
500 todos os animais, e ao contemplar apenas os animais genotipados, os ganhos em acurácia
501 foram em média de 19,58% para AOL. O aumento da idade animal proporciona uma
502 melhor acurácia dos valores genéticos para AOL, pois, de acordo com Yokoo et al.
503 (2008), o músculo *Longissimus dorsi* costuma ter um aumento linear em bovinos com até
504 18 meses de idade e após esse período, ocorre um crescimento mais rápido do músculo.
505 Ou seja, animais mais velhos possuem AOL maior, devido ao fato de que esse músculo
506 apresenta maturidade tardia.

507 De forma geral, considerar a ID como covariável na proposição dos modelos, seria
508 importante em razão de suas influências sobre os componentes genéticos das
509 características. A inclusão da covariável ID nos modelos de avaliação genética resulta em
510 maior acurácia na predição dos valores genéticos aditivos, permitindo assim, identificar
511 e selecionar animais melhoradores com maior acurácia, afim de aumentar o progresso
512 genético e a produtividade nos sistemas de produção ovinos de corte. O ajuste linear
513 apenas, não é suficiente para retirar todo o efeito da idade sobre o crescimento muscular
514 da AOL, essa necessidade pode ser explicada pelo comportamento não linear do
515 crescimento do músculo *Longissimus dorsi* em função da idade (Espigolan et al., 2013).

516

517 4.4 Estimativas de tendência genética

518 Em 2000, a tendência genética era negativa, possivelmente por não haver seleção
519 genética, ou, acontecia forma errônea. Entretanto, é possível notar que a tendência
520 genética para AOL foi aumentando no decorrer dos anos. Os resultados obtidos com esta
521 pesquisa mostraram que o progresso genético para a AOL em ovinos Santa Inês criados
522 na sub-região Meio Norte do Brasil foi de 0,40 cm² nas últimas duas décadas avaliadas,
523 sugerindo que a seleção praticada promoveu ganhos genéticos nos rebanhos estudados.
524 Esses ganhos fazem com que o aproveitamento da carcaça seja maior, pois a AOL está

525 diretamente ligada a quantidade total de carne na carcaça. Ao estimarem tendências
526 genéticas para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia em rebanhos da
527 raça Nelore selecionados para peso e escore de musculatura ao sobreano, Silva et al.
528 (2009) obtiveram ganhos de 0,012 cm² para AOL.

529 A partir desse resultado, os autores mencionados anteriormente observaram que a
530 seleção para peso aplicada no rebanho não causou impacto direto ou indireto nessa
531 característica e que os ganhos genéticos observados para peso ao sobreano provocaram
532 alterações nas características de carcaça avaliadas por ultrassonografia. Em contrapartida,
533 Menezes et al. (2013) e Queiroz et al. (2017) obtiveram ganho anual médio de 0,038 cm²
534 e 0,440 cm², respectivamente, para AOL mensurada via UTR. Esses bons valores são
535 consequência de esquemas de seleção eficientes.

536 Existem poucos programas de melhoramento genético de raças ovinas e a criação
537 normalmente é feita por pequenos criadores, onde os rebanhos geralmente não possuem
538 controle de manejo nutricional, sanitário e melhoria genética, o que contribui para uma
539 cadeia produtiva desorganizada (Canozzi et al., 2014). No entanto, o mercado brasileiro
540 tem se apresentado promissor no que diz respeito à produção de carne ovina. Partindo
541 desse ponto, destaca-se a importância de programas de melhoramento genético de raças
542 ovinas que tenham como objetivo a seleção para a melhoria de características de carcaça.

543 Observa-se que após o ano de 2006 (Figura 1), a tendência genética apresentou
544 aumento considerável, possivelmente começou a ser realizado a seleção genética de
545 forma mais intensa, com maior qualidade e anotações dos dados. O aumento da tendência
546 genética evidencia que os animais estão sendo selecionados para essa característica,
547 porém os rebanhos analisados não eram selecionados para área de olho de lombo,
548 inicialmente a seleção praticada era para peso ou escore de condição corporal, fator que
549 contribuiu para o aumento da AOL. Possivelmente, está havendo esse aumento porque a
550 AOL tem correlação positiva com peso (McManus et al., 2013) e escore de condição
551 corporal (Cartaxo & Sousa, 2008), dessa forma a seleção para peso e escore corporal
552 resulta em animais com maior AOL.

553 Embora os critérios de seleção usados pelas propriedades avaliadas sejam
554 prioritariamente para peso, a tendência genética para característica AOL indica que existe
555 progresso genético ao se utilizar essa característica como critério de seleção nos rebanhos

556 da Região Meio-Norte. Recomenda-se então, a inclusão de AOL como critério de seleção
557 no melhoramento genético de ovinos da raça Santa Inês.

558

559 **5. Conclusões**

560 A inclusão da covariável idade do animal no dia da coleta possibilitou valores
561 genéticos mais acurados para a característica avaliada e proporcionou melhor ajuste para
562 modelar variâncias associadas à medida da área de olho de lombo. A variação genética
563 observada indica que a seleção genética é viável e pode ser alcançada por meio de seleção
564 direta para melhorar o rendimento de carcaça e qualidade de carne em ovinos da raça
565 Santa Inês.

566 A tendência genética sugere que a seleção praticada na raça Santa Inês promoveu
567 progresso genético para área de olho de lombo nos rebanhos estudados, indicando que a
568 seleção aplicada para esta medida tem sido eficiente.

569

570 **Referências**

571

572 Barbosa, V., Magnabosco, C. U., Trovo, J. B. F., Faria, C. U., Lopes, D. T., Viu, M. A.
573 O., Lobo, R. B., Mamede, M. M. S., 2010. Estudo genético quantitativo de
574 características de carcaça e perímetro escrotal utilizando inferência Bayesiana
575 em novilhos Nelore. *Bioscience Journal*, 26, 1, 789-797.
576 <http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/7165/5298>.

577 (acessado em 18 junho 2020).

578 Canozzi, M. E. A., Barcellos, J. O. J., Brandão, F. S., Dill, M. D., Bortoli, E. C., Soares,
579 J. C. Dos R., Machado, J. A. D., 2014. Caracterização da cadeia produtiva de
580 carne ovina no Rio Grande do Sul, Brasil. *Pesquisa Agropecuária Gaúcha*, 19
581 (1/2), 130-139.
582 <http://revistapag.agricultura.rs.gov.br/ojs/index.php/revistapag/article/view/130>
583 . (acessado em 13 setembro 2020).

584 Cartaxo, F. Q., Sousa, W. H., 2008. Correlações entre as características obtidas in
585 vivo por ultra-som e as obtidas na carcaça de cordeiros terminados em
586 confinamento. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 37, 8, 1490-1495.
587 <https://doi.org/10.1590/S1516-35982008000800022>.

588 Carrara, E. R., Gaya, L. G., Petrini, J., Paiva, J. T., Salvian, M., Rovadoscki, G. A.,
589 Machado, P. F., Mourão, G. B., 2019. Genetic and phenotypic trends for milk

- 590 fatty acids in a Holstein cattle population reared under tropical conditions.
591 *Livestock Science*, 228, 84–92. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.08.006>.
- 592 Choy Y. H., Lee C. W., Kim H. C., Choi S. B., Choi J. K., Hwang J. M., 2008. Genetic
593 models for carcass traits with different slaughter endpoints in selected Hanwoo
594 herds I. Linear covariance models. *Asian-Australasian Journal of Animal
595 Sciences*, 21, 1227–1232. <https://doi.org/10.5713/ajas.2008.60001>.
- 596 Ciappesoni, G., San Julián, R., Navajas, E.A., Gimeno, D., Gutierrez-Zamit, E.,
597 Goldberg, V., Brito, G., 2014. Genetic evaluation of the Texel breed in Uruguay:
598 I. Carcass quality traits. In: 60th International Congress of Meat Science and
599 Technology. Punta del Este, Uruguay. <https://doi.org/10.13140/2.1.2762.6888>.
- 600 Daetwyler, H.D., Swan, A.A., Van Der Werf, J.H., Hayes B. J., 2012. Accuracy of
601 pedigree and genomic predictions of carcass and novel meat quality traits in
602 multi-breed sheep data assessed by cross-validation. *Genetics Selection
603 Evolution*, 44, 33. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-44-33>.
- 604 Espigolan, R., Baldi, F., Boligon, A.A., Banchemo, G., Brito, G., La Manna, A.,
605 Montossi, F., Fernandez, E., Albuquerque, L.G., 2013. Aplicação de modelos
606 não-lineares para descrever a evolução de características de crescimento e
607 carcaça em bovinos da raça Hereford. *Ciência Rural*, 43, 513-519.
608 <https://doi.org/10.1590/S0103-84782013005000011>.
- 609 Faria, C. U., Andrade, W., Pereira, C. F., Silva, R. P., Lôbo, R. B., 2015. Análise
610 Bayesiana para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia de
611 bovinos da raça Nelore Mocho, criados em bioma Cerrado. *Ciência Rural*, 45,
612 317-322. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20140331>.
- 613 Ferraz, J. B. S., Eler, J. P., 2010. Melhoramento genético para aumento de produtividade
614 em gado de corte no Brasil: a história, o presente e o futuro. [S.l.]: Bovinocultura
615 de corte. v. 2.
- 616 Figueiredo Filho, L.A.S., Do Ó, A.O., Sarmiento, J.L.R., Santos, N.P.S., Torres, T.S.,
617 2016. Genetic parameters for carcass traits and body size in sheep for meat
618 production. *Tropical Animal Health and Production*. 48, 215–218.
619 <https://doi.org/10.1007/s11250-015-0921-5>.
- 620 Geweke, J., 1992. Evaluating the Accuracy of Sampling- Based Approaches to
621 Calculating Posterior Moments. *Bayesian Statistics*, Oxford: Oxford University
622 Press, v.4.

- 623 Hashimoto, J. H., Osório, J. C. S., Osório, M. T. M., Bonacina, M. S., Lehmen, R. I.,
624 Pedroso, C. E. S., 2012. Qualidade de carcaça, desenvolvimento regional e
625 tecidual de cordeiros terminados em três sistemas. *Revista Brasileira de*
626 *Zootecnia* [online]. 41, 2, 438-448. [https://doi.org/10.1590/S1516-](https://doi.org/10.1590/S1516-35982012000200029)
627 [35982012000200029](https://doi.org/10.1590/S1516-35982012000200029).
- 628 He, J. N., Zhang, B. Y., Chu, M. X., Wang, P. Q., Feng, T., Cao, G. L., Di, R., Fang, L.,
629 Huang, D. W., Tang, Q. Q., Li, N., 2012. Polymorphism of insulin-like growth
630 factor 1 gene and its association with litter size in Small Tail Han sheep. *Molecular*
631 *Biology Reports*, 39, 9801-9807. <https://doi.org/10.1007/s11033-012-1846-y>.
- 632 Kass, R. E., Raftery, A. E., 1995. Bayes Factors, *Journal of the American Statistical*
633 *Association*, 90, 430, 773-795.
634 <https://doi/abs/10.1080/01621459.1995.10476572>.
- 635 Kiya, C.K., Pedrosa, V.B., Muniz, K.F.A., Gusmão, A.L., Pinto, L.F.B., 2019. Estimates
636 of the genetic parameters of a Dorper flock in Brazil. *Small Rumin. Research*.
637 171, 57-62. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2018.12.007>.
- 638 Laureano, M. M. M., Boligon, A. A., Costa, R. B., Forni, S., Severo, J. L.
639 P., Albuquerque, L.G., 2011. Estimativas de herdabilidade e tendências
640 genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça
641 Nelore. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, Belo
642 Horizonte, 63, 1, 143–152. <https://doi.org/10.1590/S0102-09352011000100022>.
- 643 Marques, E. G., Magnabosco, C. U., Lopes, F. B., Silva, M. C., 2013. Estimativas de
644 parâmetros genéticos de características de crescimento, de carcaça e perímetro
645 escrotal de animais da raça Nelore avaliados em provas de ganho em peso em
646 confinamento. *Bioscience Journal*, 29, 1, 159-167.
647 <http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/11759/11983>.
648 (acessado em 18 junho 2020).
- 649 McManus, C., Paim, T. P., Louvandini, H., Dallago, B. S. L., Dias, L. T., Teixeira, R.
650 A., 2013. Avaliação ultrassonográfica da qualidade de carcaça de ovinos Santa
651 Inês. *Ciência Animal Brasileira*, 14, 1, 8-16.
652 <https://doi.org/10.5216/cab.v14i1.12336>.
- 653 Meira, A.N.; Moreira, G.C.M.; Coutinho, L.L.; Mourão, G.B.; Azevedo, H.C.; Muniz,
654 E.N.; Machado, A.L.; Sousa-Jr, L.P.; Pedrosa, V.B.; Pinto, L.F.B. 2018. Carcass
655 and commercial cut yield of Santa Inês sheep affected by polymorphisms of the

- 656 LEP gene. *Small Ruminant Research* 166, 121-128.
657 <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2018.06.012>.
- 658 Meirelles, S. L., Alencar, M. M., Oliveira, H. N., Regitano, L. C. A., 2010. Efeitos de
659 ambiente e estimativas de parâmetros genéticos para características de carcaça
660 em bovinos da raça Canchim criados em pastagem. *Revista Brasileira de*
661 *Zootecnia*, Viçosa, 39, 7, 1437-1442. [http://dx.doi.org/10.1590/S1516-](http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982010000700006)
662 [35982010000700006](http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982010000700006).
- 663 Mehrban H., Lee D. H., Naserkheil M., Moradi M. H., Ibáñez-Escriche N., 2019.
664 Comparison of conventional BLUP and single-step genomic BLUP evaluations
665 for yearling weight and carcass traits in Hanwoo beef cattle using single trait and
666 multi-trait models. *Plos One* 14, 10, e0223352.
667 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0223352>.
- 668 Menezes, G. R. de O., Martin Nieto, L., Rosa, A. do N., Nobre, P. R. C., Silva, L. O. C.,
669 Gondo, A., 2013. Tendências genéticas para características de carcaça ao
670 sobreano na raça Nelore – Programa Geneplus-Embrapa. In: SIMPÓSIO
671 BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 10. Uberaba. Anais...
672 Viçosa: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal.
673 <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/91999/1/GILBERTO.pdf>.
674 (acessado em 11 junho 2020).
- 675 Mercadante, M. E. Z., Silva, S. L., Bueno, M.S., Tarouco, J. U., Yokoo, M. J. I., 2010.
676 Repetibilidade da mensuração de imagens das características de carcaça obtidas
677 por ultrassonografia em fêmeas Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 39, 752-
678 757. <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982010000400008>.
- 679 Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D.A.L., Masuda, Y., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica,
680 Z. Manual for BLUPF90 of programs.
681 http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all7.pdf.
682 (acessado em 18 junho 2020).
- 683 Pinheiro, R. S. B., Jorge, A. M., Yokoo, M. J., 2010. Correlações entre medidas
684 determinadas in vivo por ultrassom e na carcaça de ovelhas de descarte. *Revista*
685 *Brasileira de Zootecnia*, 39, 5, 1161-1167. [https://doi.org/10.1590/S1516-](https://doi.org/10.1590/S1516-35982010000500030)
686 [35982010000500030](https://doi.org/10.1590/S1516-35982010000500030).
- 687 Pita, F.V.C., Albuquerque, L.G., 2001. Efeitos da utilização de diferentes covariáveis
688 na avaliação do ganho de peso médio diário em suínos. *Revista Brasileira de*
689 *Zootecnia*, 30, 3, 736-743.

- 690 Queiroz, L. C. R., Brunes, L. C., Magnabosco, C. U., Costa, M. F. O., Baldi Rey, F. S.,
691 Castro, L. M., Santos, M. F., Silva, F. N. O., 2017. Tendencias genéticas e
692 fenotípicas para características de carcaça em bovinos da raça Nelore sob seleção
693 para precocidade-sexual. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA,
694 27. Santos. Anais [eletrônicos]... Brasília, DF: Associação Brasileira de
695 Zootecnistas. Zootec.
696 [http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/169451/1/TENDENCIAS-](http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/169451/1/TENDENCIAS-GENETICAS-E-FENOTIPICAS-PARA-CARACTERISTICAS-DE-CARCACA-EM-BOVINOS-DA-RACA-NELORE-SOB-SELECAO-PARA-PRECOCIDADE-SEXUAL.pdf)
697 [GENETICAS-E-FENOTIPICAS-PARA-CARACTERISTICAS-DE-](http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/169451/1/TENDENCIAS-GENETICAS-E-FENOTIPICAS-PARA-CARACTERISTICAS-DE-CARCACA-EM-BOVINOS-DA-RACA-NELORE-SOB-SELECAO-PARA-PRECOCIDADE-SEXUAL.pdf)
698 [CARCACA-EM-BOVINOS-DA-RACA-NELORE-SOB-SELECAO-PARA-](http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/169451/1/TENDENCIAS-GENETICAS-E-FENOTIPICAS-PARA-CARACTERISTICAS-DE-CARCACA-EM-BOVINOS-DA-RACA-NELORE-SOB-SELECAO-PARA-PRECOCIDADE-SEXUAL.pdf)
699 [PRECOCIDADE-SEXUAL.pdf](http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/169451/1/TENDENCIAS-GENETICAS-E-FENOTIPICAS-PARA-CARACTERISTICAS-DE-CARCACA-EM-BOVINOS-DA-RACA-NELORE-SOB-SELECAO-PARA-PRECOCIDADE-SEXUAL.pdf). (acessado em 15 junho 2020).
- 700 Safari, E., Fogarty, N.M., Gilmour, A.R., 2005. A review of genetic parameter estimates
701 for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production*
702 *Science*, 92, 271-289. <https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.09.003>.
- 703 Santos, N. P. da S., Guerra, L. O., Biagiotti, D., Santos, G. V., Sousa, D. C., Santos, D.
704 C. E., Sousa, C. A., Sarmiento, J.L.R., 2019. Correção de medida
705 ultrassonográfica de carcaça em coelhos usando modelo linear misto com
706 covariáveis. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia (ONLINE)*,
707 71, 473-480. <https://doi.org/10.1590/1678-4162-10416>.
- 708 Sena, L. S., Torres, T. S., Sarmiento, J. L. R., Filho, L. A. S. F., Santos, G. V., Biagiotti,
709 D., 2016a. Associação entre características de carcaça e tamanho corporal em
710 ovinos Santa Inês. *Revista Científica de Produção Animal*, 18, 2, 84-92.
711 <http://dx.doi.org/10.5935/2176-4158/rcpa.v18n2p84-92>.
- 712 Sena, L.S., Santos, G.V., Torres, T.S., Sousa Júnior, A., Rego Neto, A.A., Sarmiento,
713 J.L.R., Biagiotti, D., 2016b. Genetic parameters for carcass traits and body size
714 of meat sheep. *Semina: Ciências Agrárias* 37, 2477-2486.
715 <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2016v37n4Sup1p2477>.
- 716 Sena, L. S., Figueiredo Filho, L. A. S., Santos, G. V., Sousa Júnior, A., Santos, N. P. S.,
717 Britto, F. B., Sarmiento, J. L. R., Brito, L. F., 2020. Genetic evaluation of tropical
718 climate-adapted sheep for carcass traits including genomic information. *Small*
719 *Ruminant Research*, 188, 106120.
720 <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2020.106120>.
- 721 Silva, S. L., Ferraz, J. B. S., Mourão, G. B., Tarouco, J. U., Mattos, E. C., Teixeira, L.
722 A., Eler, J. P., 2009. Tendências genéticas para características de carcaça

- 723 avaliadas por ultrassom em um rebanho Nelore. In: Reunião anual da Sociedade
724 Brasileira de Zootecnia 46. Maringá. Anais... Sociedade Brasileira de Zootecnia.
- 725 Sorensen, D. A., Gianola, D., 2002. Likelihood, Bayesian and MCMC methods in
726 quantitative genetics: statistics for biology and health, New York: Springer-
727 Verlag.
- 728 Su, R., Sun, W., Li, D., Wang, Q.Z., Lv, X.Y., Musa, H.H., Chen, L., Zhang, Y.F., Wu,
729 W.Z., 2014. Association between DLK1 and IGF-I gene expression and meat
730 quality in sheep. *Genetics and Molecular Research*, 13, 10308-10319.
731 <http://dx.doi.org/10.4238/2014.December.4.26>.
- 732 Suniga, P. A. P., Santiago, G. G., Menezes, G. R. O., Milanesi, M., Garcia, J. F., Silva,
733 M. V. G. B., Gondo, A., Nobre, P. R. C., Silva, L. O. C., Siqueira, F., Egito, A.
734 A., 2018. Acurácia em diferentes modelos para predição de valores genéticos em
735 bovinos da raça Senepol. In: 14ª Jornada Científica - Embrapa Gado de Corte,
736 2018, Campo Grande - MS. [Resumos dos trabalhos]. Brasília, DF, Embrapa
737 Gado de Corte. Documentos, 258, 94-95.
738 [http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/186294/1/Acuaria-em-](http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/186294/1/Acuaria-em-diferentes-modelos-para-predicao.pdf)
739 [diferentes-modelos-para-predicao.pdf](http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/186294/1/Acuaria-em-diferentes-modelos-para-predicao.pdf). (acessado em 13 setembro 2020).
- 740 Taveira, R. Z., Almeida, O. C., Neto, O. J. S., Amaral, A. G., Dias, D. B., Barros, J. S.,
741 Leal, G. B. M., 2016. Avaliação de carcaça de bovinos da raça Tabapuã com
742 ultrassonografia. *Pubvet*, 10, 1. <https://doi.org/10.22256/pubvet.v10n1.100-104>.
- 743 Yokoo, M.J., Lobo, R. B., Araujo, F. R. C., Bezerra, L. A. F., Sainz, R. D., Albuquerque,
744 L. G. 2010. Genetic associations between carcass traits measured by real-time
745 ultrasound and scrotal circumference and growth traits in nelore cattle. *Journal*
746 *of Animal Science*, Savoy, 88, 5. <https://doi.org/10.2527/jas.2008-1028>.
- 747 Yokoo, M. J., Albuquerque, L. G., Lobo, R. B., Bezerra, L. A. F., Araujo, F. R. C., Silva,
748 J. A. V., Sainz, R. D., 2008. Genetic and environmental factors affecting
749 ultrasound measures of longissimus muscle area and backfat thickness in Nelore
750 cattle. *Livestock Science*, 117, 147-154.
751 <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2007.12.006>.

APÊNDICE

APÊNDICE A – Tabela referente aos betas (β) preditos das covariáveis incluídas em cada modelo

Modelo ¹	β	
I	-	-
II	β_1	-0,157
III	β_2	0,029
IV	β_3	4,575
V	β_4	0,851
VI	β_5	2,72
VII	β_6	0,329
VIII	β_1	-0,183
	β_3	4,574
IX	β_2	-0,002
	β_4	0,852
X	β_1	0,162
	β_5	2,731
XI	β_2	0,022
	β_6	0,328
XII	β_3	3,478
	β_5	1,593
XIII	β_4	0,639
	β_6	0,200
XIV	β_1	0,026
	β_3	3,479
	β_5	1,595
XV	β_2	0,001
	β_4	0,639
	β_6	0,200

¹**I**- sem covariável; **II** - covariável idade do animal no dia da coleta efeito linear; **III** – covariável idade do animal no dia da coleta efeito quadrático; **IV** - covariável profundidade de olho de lombo efeito linear; **V** - covariável profundidade de olho de lombo efeito quadrático; **VI** - covariável comprimento de olho de lombo efeito linear; **VII** - covariável comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **VIII** - covariáveis idade do animal no dia da coleta e profundidade de olho de lombo efeito linear; **IX** - covariável idade do animal no dia da coleta e profundidade de olho de lombo efeito quadrático; **X** - covariáveis idade do animal no dia da coleta e comprimento de olho de lombo efeito linear; **XI** - covariáveis idade do animal no dia da coleta e comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **XII** - covariáveis profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo efeito linear; **XIII** - covariáveis profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo efeito quadrático; **XIV** - covariáveis idade do animal no dia da coleta, profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo efeito linear; **XV** - covariáveis

idade do animal no dia da coleta, profundidade de olho de lombo e comprimento de olho de lombo efeito quadrático; β_1 : valor predito da covariável linear idade do animal no dia da coleta; β_2 : valor predito da covariável quadrática idade do animal no dia da coleta; β_3 : valor predito da covariável linear profundidade de olho de lombo; β_4 : valor predito da covariável quadrática profundidade de olho de lombo; β_5 : valor predito da covariável linear comprimento de olho de lombo; β_6 : valor predito da covariável quadrática comprimento de olho de lombo.

ANEXOS

ANEXO A – Etapas para análise de avaliação genética em modelos com e sem inclusão de covariáveis

*Resumo das principais etapas dos procedimentos utilizados no presente estudo, com base no **Manual dos programas BLUPF90** disponível no seguinte link: http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all7.pdf e no tutorial **Introduction to BLUPF90 suite programs Standard Edition**, disponível em http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=tutorial_blupf90.pdf.

- Exemplos de preparação dos arquivos de entrada* para análise.

*Adaptado de arquivos utilizados no presente estudo

- Formato do arquivo de pedigree

pedigree.txt		
1	0	0
2	0	0
3	0	0
4	1	2

Obs.: As colunas representam, respectivamente, **animal, pai e mãe**. Zero (0) indica que a informação é desconhecida.

- Formato do arquivo de dados com as covariáveis em efeito linear

aol.txt							
4	9	2007	5.24	2.220	3.220	4.950	
10	9	2008	3.99	2.880	4.670	11.750	
19	26	2009	4.43	2.958	4.362	10.550	
33	23	2009	5.08	2.550	5.050	11.950	

Obs.: Para a característica área de olho de lombo (AOL) e as covariáveis avaliadas no presente estudo, as colunas acima representam, respectivamente, os efeitos de **animal, grupo de contemporâneos, ano de nascimento, idade do animal no dia da coleta, profundidade de olho de lombo, comprimento de olho de lombo e AOL**.

- Formato do arquivo de dados com as covariáveis em efeito quadrático

aol.txt							
4	9	2007	27.47	4.93	10.37	4.950	
10	9	2008	15.96	8.29	21.81	11.750	
19	26	2009	19.65	8.75	19.03	10.550	
33	23	2009	25.83	6.50	25.50	11.950	

Obs.: Para a característica área de olho de lombo (AOL) e as covariáveis avaliadas no presente estudo, considerando as covariáveis com efeito quadrático, as colunas acima representam, respectivamente, os efeitos de **animal, grupo de contemporâneos, ano de nascimento, idade do animal no dia da coleta, profundidade de olho de lombo, comprimento de olho de lombo e AOL**.

- Formato do cartão de comandos para execução do programa RENUMF90*

*Adaptado do cartão utilizado para análise unicaracterística de AOL.

DATAFILE ##nome do arquivo de dados (incluir extensão .txt)
aol.txt
TRAITS ## posição da coluna referente à característica no arquivo de dados (7ª coluna)
7
FIELDS_PASSED TO OUTPUT ## para manter a codificação no arquivo de saída ##
deixar linha vazia, se não necessita desta opção
WEIGHT(S) ## para ponderação da variância residual
deixar linha vazia, se não necessita desta opção
RESIDUAL VARIANCE ## valor *a priori* da variância residual para a característica
0.7435
EFFECT ## efeito numérico (grupo contemporâneo) na coluna 2 do arquivo de dados
2 cross num
EFFECT ## efeito numérico (ano de nascimento) na coluna 3 do arquivo de dados
3 cross num
EFFECT ## efeito numérico (animal) na coluna 1 do arquivo de dados
1 cross num
RANDOM ## efeito aleatório (animal)
animal
FILE ## arquivo com informações de pedigree
pedigree.txt
PED_DEPTH ##profundidade de pedigree. Se digitar 0, serão usadas todas as gerações
0
(CO)VARIANCES ## valor *a priori* da variância aditiva para a característica
0.1039

Obs.: Os arquivos necessários para execução do RENUMF90 e demais programas da família BLUPF90 devem estar em uma mesma pasta (diretório), onde serão gerados os arquivos para a execução dos demais programas. Para análise unicaracterística, os arquivos devem estar em uma pasta diferente para cada característica. **Obs.:** As sete primeiras palavras-chave (comandos) devem ser obrigatoriamente maiúsculas e devem aparecer na ordem mostrada acima (página 15 do manual).

Obs.: Mais detalhes em: <http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=readme.renumf90>.

➤ Formato do cartão de comandos para execução do programa RENUMF90*

*Adaptado do cartão utilizado para análise unicaracterística de AOL.

DATAFILE ##nome do arquivo de dados (incluir extensão .txt)
aol.txt

TRAITS ## posição da coluna referente à característica no arquivo de dados (7ª coluna)
7

FIELDS_PASSED TO OUTPUT ## para manter a codificação no arquivo de saída ##
deixar linha vazia, se não necessita desta opção

WEIGHT(S) ## para ponderação da variância residual
deixar linha vazia, se não necessita desta opção

RESIDUAL VARIANCE ## valor *a priori* da variância residual para a característica
0.7435

EFFECT ## efeito numérico (grupo contemporâneo) na coluna 2 do arquivo de dados
2 cross num

EFFECT ## efeito numérico (ano de nascimento) na coluna 3 do arquivo de dados
3 cross num

EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de idade como covariável na coluna 4 do arquivo
de dados
4 cov

EFFECT ## efeito numérico (animal) na coluna 1 do arquivo de dados
1 cross num

RANDOM ## efeito aleatório (animal)
animal

FILE ## arquivo com informações de pedigree
pedigree.txt

PED_DEPTH ##profundidade de pedigree. Se digitar 0, serão usadas todas as gerações
0

(CO)VARIANCES ## valor *a priori* da variância aditiva para a característica
0.1039

➤ Formato do cartão de comandos para execução do programa RENUMF90*

*Adaptado do cartão utilizado para análise unicaracterística de AOL.

DATAFILE ##nome do arquivo de dados (incluir extensão .txt)
aol.txt
TRAITS ## posição da coluna referente à característica no arquivo de dados (7ª coluna)
7
FIELDS_PASSED TO OUTPUT ## para manter a codificação no arquivo de saída ##
deixar linha vazia, se não necessita desta opção
WEIGHT(S) ## para ponderação da variância residual
deixar linha vazia, se não necessita desta opção
RESIDUAL VARIANCE ## valor *a priori* da variância residual para a característica
0.7435
EFFECT ## efeito numérico (grupo contemporâneo) na coluna 2 do arquivo de dados
2 cross num
EFFECT ## efeito numérico (ano de nascimento) na coluna 3 do arquivo de dados
3 cross num
EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de profundidade de olho de lombo como
covariável na coluna 5 do arquivo de dados
5 cov
EFFECT ## efeito numérico (animal) na coluna 1 do arquivo de dados
1 cross num
RANDOM ## efeito aleatório (animal)
animal
FILE ## arquivo com informações de pedigree
pedigree.txt
PED_DEPTH ##profundidade de pedigree. Se digitar 0, serão usadas todas as gerações
0
(CO)VARIANCES ## valor *a priori* da variância aditiva para a característica
0.1039

➤ Formato do cartão de comandos para execução do programa RENUMF90*

*Adaptado do cartão utilizado para análise unicaracterística de AOL.

DATAFILE ##nome do arquivo de dados (incluir extensão .txt)
aol.txt
TRAITS ## posição da coluna referente à característica no arquivo de dados (7ª coluna)
7
FIELDS_PASSED TO OUTPUT ## para manter a codificação no arquivo de saída ##
deixar linha vazia, se não necessita desta opção
WEIGHT(S) ## para ponderação da variância residual
deixar linha vazia, se não necessita desta opção
RESIDUAL VARIANCE ## valor *a priori* da variância residual para a característica
0.7435
EFFECT ## efeito numérico (grupo contemporâneo) na coluna 2 do arquivo de dados
2 cross num
EFFECT ## efeito numérico (ano de nascimento) na coluna 3 do arquivo de dados
3 cross num
EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de comprimento de olho de lombo como
covariável na coluna 6 do arquivo de dados
6 cov
EFFECT ## efeito numérico (animal) na coluna 1 do arquivo de dados
1 cross num
RANDOM ## efeito aleatório (animal)
animal
FILE ## arquivo com informações de pedigree
pedigree.txt
PED_DEPTH ##profundidade de pedigree. Se digitar 0, serão usadas todas as gerações
0
(CO)VARIANCES ## valor *a priori* da variância aditiva para a característica
0.1039

➤ Formato do cartão de comandos para execução do programa RENUMF90*

*Adaptado do cartão utilizado para análise unicaracterística de AOL.

DATAFILE ##nome do arquivo de dados (incluir extensão .txt)
aol.txt

TRAITS ## posição da coluna referente à característica no arquivo de dados (7ª coluna)
7

FIELDS_PASSED TO OUTPUT ## para manter a codificação no arquivo de saída ##
deixar linha vazia, se não necessita desta opção

WEIGHT(S) ## para ponderação da variância residual
deixar linha vazia, se não necessita desta opção

RESIDUAL VARIANCE ## valor *a priori* da variância residual para a característica
0.7435

EFFECT ## efeito numérico (grupo contemporâneo) na coluna 2 do arquivo de dados
2 cross num

EFFECT ## efeito numérico (ano de nascimento) na coluna 3 do arquivo de dados
3 cross num

EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de idade como covariável na coluna 4 do arquivo
de dados
4 cov

EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de profundidade de olho de lombo como
covariável na coluna 5 do arquivo de dados
5 cov

EFFECT ## efeito numérico (animal) na coluna 1 do arquivo de dados
1 cross num

RANDOM ## efeito aleatório (animal)
animal

FILE ## arquivo com informações de pedigree
pedigree.txt

PED_DEPTH ##profundidade de pedigree. Se digitar 0, serão usadas todas as gerações
0

(CO)VARIANCES ## valor *a priori* da variância aditiva para a característica
0.1039

➤ Formato do cartão de comandos para execução do programa RENUMF90*

*Adaptado do cartão utilizado para análise unicaracterística de AOL.

DATAFILE ##nome do arquivo de dados (incluir extensão .txt)
aol.txt

TRAITS ## posição da coluna referente à característica no arquivo de dados (7ª coluna)
7

FIELDS_PASSED TO OUTPUT ## para manter a codificação no arquivo de saída ##
deixar linha vazia, se não necessita desta opção

WEIGHT(S) ## para ponderação da variância residual
deixar linha vazia, se não necessita desta opção

RESIDUAL VARIANCE ## valor *a priori* da variância residual para a característica
0.7435

EFFECT ## efeito numérico (grupo contemporâneo) na coluna 2 do arquivo de dados
2 cross num

EFFECT ## efeito numérico (ano de nascimento) na coluna 3 do arquivo de dados
3 cross num

EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de idade como covariável na coluna 4 do arquivo
de dados
4 cov

EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de comprimento de olho de lombo como
covariável na coluna 6 do arquivo de dados
6 cov

EFFECT ## efeito numérico (animal) na coluna 1 do arquivo de dados
1 cross num

RANDOM ## efeito aleatório (animal)
animal

FILE ## arquivo com informações de pedigree
pedigree.txt

PED_DEPTH ##profundidade de pedigree. Se digitar 0, serão usadas todas as gerações
0

(CO)VARIANCES ## valor *a priori* da variância aditiva para a característica
0.1039

➤ Formato do cartão de comandos para execução do programa RENUMF90*

*Adaptado do cartão utilizado para análise unicaracterística de AOL.

DATAFILE ##nome do arquivo de dados (incluir extensão .txt)
aol.txt

TRAITS ## posição da coluna referente à característica no arquivo de dados (7ª coluna)
7

FIELDS_PASSED TO OUTPUT ## para manter a codificação no arquivo de saída ##
deixar linha vazia, se não necessita desta opção

WEIGHT(S) ## para ponderação da variância residual
deixar linha vazia, se não necessita desta opção

RESIDUAL VARIANCE ## valor *a priori* da variância residual para a característica
0.7435

EFFECT ## efeito numérico (grupo contemporâneo) na coluna 2 do arquivo de dados
2 cross num

EFFECT ## efeito numérico (ano de nascimento) na coluna 3 do arquivo de dados
3 cross num

EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de profundidade de olho de lombo como
covariável na coluna 5 do arquivo de dados
5 cov

EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de comprimento de olho de lombo como
covariável na coluna 6 do arquivo de dados
6 cov

EFFECT ## efeito numérico (animal) na coluna 1 do arquivo de dados
1 cross num

RANDOM ## efeito aleatório (animal)
animal

FILE ## arquivo com informações de pedigree
pedigree.txt

PED_DEPTH ##profundidade de pedigree. Se digitar 0, serão usadas todas as gerações
0

(CO)VARIANCES ## valor *a priori* da variância aditiva para a característica
0.1039

➤ Formato do cartão de comandos para execução do programa RENUMF90*

*Adaptado do cartão utilizado para análise unicaracterística de AOL.

DATAFILE ##nome do arquivo de dados (incluir extensão .txt)
aol.txt

TRAITS ## posição da coluna referente à característica no arquivo de dados (7ª coluna)
7

FIELDS_PASSED TO OUTPUT ## para manter a codificação no arquivo de saída ##
deixar linha vazia, se não necessita desta opção

WEIGHT(S) ## para ponderação da variância residual
deixar linha vazia, se não necessita desta opção

RESIDUAL VARIANCE ## valor *a priori* da variância residual para a característica
0.7435

EFFECT ## efeito numérico (grupo contemporâneo) na coluna 2 do arquivo de dados
2 cross num

EFFECT ## efeito numérico (ano de nascimento) na coluna 3 do arquivo de dados
3 cross num

EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de idade como covariável na coluna 4 do arquivo
de dados
4 cov

EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de profundidade de olho de lombo como
covariável na coluna 5 do arquivo de dados
5 cov

EFFECT ##efeito (linear e quadrático) de comprimento de olho de lombo como
covariável na coluna 6 do arquivo de dados
6 cov

EFFECT ## efeito numérico (animal) na coluna 1 do arquivo de dados
1 cross num

RANDOM ## efeito aleatório (animal)
animal

FILE ## arquivo com informações de pedigree
pedigree.txt

PED_DEPTH ##profundidade de pedigree. Se digitar 0, serão usadas todas as gerações
0

(CO)VARIANCES ## valor *a priori* da variância aditiva para a característica
0.1039
