



Estimativa de parâmetros genéticos para características de escore visual: um estudo de simulação

Estimation of genetic parameters for visual score traits: a simulation study

Luis Orlando Duitama Carreño¹ , Rafael Keith Ono¹ , Adam Taiti Harth Utsunomiya^{*1} , Michel Marques Farah¹ , Ligia Cavani¹ , Danilo Pereira da Silva² , Érik dos Santos Harada² , Ricardo da Fonseca^{*2} 

1 Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (Unesp), Jaboticabal, São Paulo, Brasil. 

2 Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (Unesp), Dracena, São Paulo, Brasil. 

*Autor correspondente: ricardo.fonseca@unesp.br

Recebido: 17 de janeiro 2024. Aceito: 20 de maio, 2024. Publicado: 05 de fevereiro, 2025. Editor: Rondineli P. Barbero

Resumo: Escores visuais são atribuídos sem considerar uma referência absoluta. Nesse caso, as referências de avaliação são diferentes para cada grupo avaliado, dependendo apenas da estrutura do grupo. Assim, fatores que alteram a estrutura dos grupos de avaliação, como o tamanho do grupo, podem afetar a atribuição do escore visual, bem como a estimativa e predição de parâmetros genéticos e valores genéticos aditivos, respectivamente. O objetivo deste estudo é determinar as consequências da atribuição de escores com base em uma referência relativa na estimativa de parâmetros genéticos e valores genéticos aditivos, considerando diferentes tamanhos de grupo de avaliação. Foi realizado um estudo de simulação considerando 6 cenários formados pela combinação de duas populações (selecionadas e não selecionadas) e 3 tamanhos de grupos (10, 40 e 100 animais) para avaliação. Parâmetros e valores genéticos foram estimados usando dois modelos de limiar que diferiram em sua correção para efeitos ambientais. As estimativas de herdabilidade para as duas populações foram próximas quando o modelo corrigiu os efeitos ambientais (0,407 – 0,418). No entanto, os níveis de herdabilidade caíram ao longo das gerações quando o modelo não considerou os efeitos ambientais (0,172 - 0,247). O tamanho do grupo de avaliação afetou principalmente a precisão das previsões do valor genético, uma vez que maior precisão estava relacionada a tamanhos de grupo de avaliação maiores (0,576 - 0,715). Concluímos que a forma como os escores visuais são atribuídos não afeta a estimativa de parâmetros e valores genéticos. No entanto, grupos de avaliação de mais de 40 animais devem ser utilizados para obter maior precisão e progresso genético.

Palavras-chave: acurácia; efeitos ambientais; herdabilidade.

Abstract: Visual scores are assigned with no basis on an absolute reference. In this case, evaluation references are different for each group, depending only on the structure of the group. Thus, factors that change the structure of evaluation groups, such as group size, can affect visual score assignment, as well as estimation of genetic parameters and prediction of breeding values, respectively. The objective of this study to determine the consequences of assigning scores based on a relative reference on

the estimation of genetic parameters and breeding values considering different evaluation group sizes. A simulation study was conducted considering 6 scenarios formed by the combination of two populations (selected and unselected) and 3 group sizes (10, 40, and 100 animals) for evaluation. Genetic parameters and breeding values were estimated using two threshold models that differed in their correction for environmental effects. Heritability estimates for the two populations were close when the model corrected for environmental effects (0.407 – 0.418). However, heritability levels fell over generations when the model did not consider environmental effects (0.172 - 0.247). The size of the evaluation group mainly affected the accuracy of breeding values prediction, since higher accuracy was related to larger evaluation group sizes (0.576 - 0.715). We concluded that the way in which visual scores are assigned does not affect the estimation of genetic parameters and values. However, evaluation groups of more than 40 animals should be used to obtain greater accuracy and genetic progress.

Keywords: accuracy; environmental effects; heritability.

1. Introdução

Medidas de escores visuais em gado de corte buscam auxiliar a seleção de animais mais produtivos e adaptados ao ambiente, uma vez que os escores estão correlacionados geneticamente de forma positiva com características de importância econômica, principalmente de crescimento⁽¹⁻⁶⁾. Eles são obtidos por meio de uma avaliação visual, atribuindo escores a diferentes níveis de expressão do fenótipo. Os escores são atribuídas em relação ao grupo, usando o fenótipo médio do grupo como referência.

Considerando o processo usado para atribuir escores, dois aspectos devem ser levados em conta ao estimar os parâmetros genéticos e os valores de reprodução. Primeiro, é a natureza categórica desses fenótipos (divididos em 5 ou 6 níveis). Muitos estudos consideram esses fenótipos como contínuos e usam um modelo linear para análise genética^(3, 7-11). No entanto, o uso de um modelo linear pode afetar a classificação dos animais para seleção, especialmente quando a herdabilidade e o número de níveis de escala categórica são baixos^(12,13). Faria et al.⁽¹⁴⁾ compararam estimativas de parâmetros genéticos usando os modelos linear e de limiar para escores visuais, mas não encontraram diferença significativa nas estimativas de parâmetros; no entanto, o modelo de limiar foi recomendado devido às suas propriedades estatísticas, que garantem estimativas corretas.

O segundo aspecto que torna os escores visuais diferentes de qualquer outra característica é a forma como são atribuídos, sem base em uma referência absoluta. Nesse caso, as referências de avaliação são diferentes para cada grupo, dependendo apenas da estrutura do grupo (animais do grupo), o que não permite a comparação fenotípica de animais pertencentes a grupos diferentes⁽⁷⁾. Os fatores que alteram a estrutura dos grupos de avaliação, como o tamanho do grupo (número de animais), podem afetar a atribuição de escore visual.

Devido às particularidades envolvidas no processo, este estudo teve como objetivo determinar as consequências da atribuição de escores com base em uma referência relativa na estimativa de parâmetros

e valores genéticos por meio de um estudo de simulação, que considerou populações selecionadas e não selecionadas e três tamanhos de grupos de avaliação (10, 40 e 100 animais).

2. Material e métodos

Foi realizado um estudo de simulação usando três tamanhos de grupos de avaliação (10, 40 e 100 animais) em populações selecionadas e não selecionadas. QMSim ⁽¹⁵⁾ foi o software usado para simular populações. Ele executa a simulação em duas etapas. Primeiro, ele simula uma população histórica para estabilizar o equilíbrio entre as taxas de deriva genética e mutação. Só depois disso, ele constrói a população desejada. A população histórica simulada consistia em 1.000 gerações; da última geração, foram escolhidas aleatoriamente 2.000 fêmeas e 50 machos como população de base; depois disso, os animais foram acasalados aleatoriamente nas gerações seguintes. O número de reprodutores com progênie em cada grupo contemporâneo dependeu do tamanho do grupo de avaliação; portanto, em grupos com 10 animais, o número variou de 7 a 10, e em grupos com 40 animais variou de 23 a 33 e grupos com 100 animais variou de 38 a 48 touros, respectivamente.

O genoma simulado foi composto por 29 pares de cromossomos autossômicos simulando o genoma bovino, variando em comprimento de 40 a 145 cM, um total de 2333 cM ⁽¹⁶⁾. 500 QTLs (Quantitative trait loci), distribuídos aleatoriamente pelo genoma, foram usados para controlar a característica. Os QTLs eram bialélicos e trialélicos, e seus efeitos foram amostrados em uma distribuição normal. Toda a variação genética aditiva foi atribuída aos efeitos dos QTLs.

Dada a natureza categórica dos es, presumiu-se que o fenótipo observável de um animal resulta de uma característica subjacente Eq (1) não observável com uma distribuição normal $N \sim (0, 1)$, conhecida como “liability” ⁽¹⁷⁾. Portanto, a resposta categórica observável resulta de um animal que excede o limite de um ponto específico na característica subjacente.

O modelo usado para simular a característica subjacente foi:

Equação (1)

$$y = \mu + gc + a + e$$

onde y é liability; μ é a média da população, que foi igual a zero; gc é o efeito fixo de um grupo contemporâneo, formado por sexo e ano de nascimento, que foi simulado a partir de uma distribuição normal com média zero e variância de 0,2, equivalente a 20% da variância fenotípica; a é o efeito genético aditivo do animal, calculado como a soma dos efeitos alélicos dos QTLs de cada animal; e é o resíduo, simulado a partir de uma distribuição normal com média zero e variância de 0,6. A herdabilidade da característica subjacente foi de 0,4.

Como o liability da população segue uma distribuição normal, esperava-se que o mesmo acontecesse nos grupos de avaliação. Assim, a característica subjacente foi categorizada em 5 níveis dentro de cada grupo de avaliação, simulando a metodologia usada pelos avaliadores ⁽⁷⁾. Os limites dentro do grupo foram definidos com base na distribuição normal da liability no

grupo. Os pontos foram -1,3, -0,5, 0,5 e 1,3 desvios-padrão, de modo que a distribuição dos escores dentro do grupo é semelhante à encontrada em dados reais⁽¹³⁾ (Figura 1).

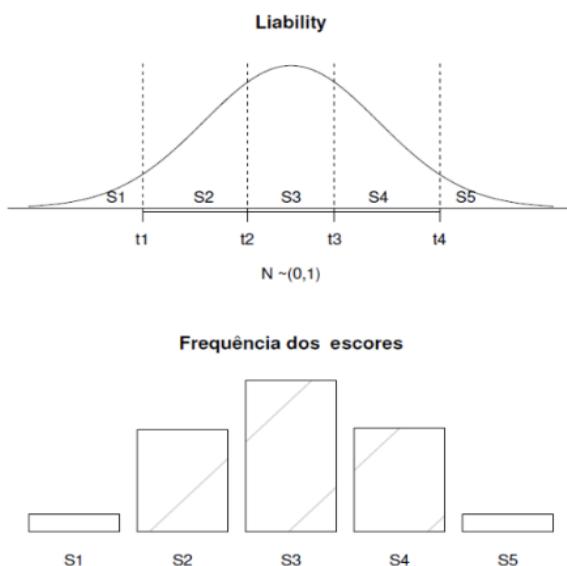


Figura 1. Representação do escore visual e da característica subjacente dentro do grupo. Na parte superior, a liability com os quatro limites que definem os cinco fenótipos. Abaixo, a frequência observada para cada categoria fenotípica.

Os animais das populações simuladas foram acasalados 12 vezes. A proporção fêmea/macho foi mantida constante (2.000 fêmeas, 50 machos). As taxas de reposição por ciclo de acasalamento para fêmeas e machos foram de 15% e 20%, respectivamente. Os critérios de descarte foram idade para populações não selecionadas e idade e valores genéticos estimados (VGEs) para populações selecionadas, com os animais mais velhos e piores sendo descartados. Em cada ciclo de acasalamento, os parâmetros genéticos e os valores genéticos foram estimados usando um modelo de limiar Eq (2), que modela as características subjacentes ao fenótipo observável. O modelo estatístico geral usado pode ser descrito da seguinte forma:

Equação (2)

$$y = X\beta + Zu + e$$

onde y é o vetor de liability (vetor da escala subjacente não observável no modelo de limiar); β representa os efeitos ambientais sistemáticos; X é a matriz de incidência que associa β a y ; u é o vetor de efeitos genéticos aditivos diretos aleatórios; Z é a matriz de incidência que associa u a y e e é o vetor de efeitos residuais aleatórios. O modelo de limiar usado considera uma escala subjacente com uma distribuição contínua e normal:

$$U \sim \theta N(W\theta, I\sigma_e^2)$$

em que U é o vetor da escala subjacente de ordem r ; $\theta = (\beta', u')$ é o vetor dos parâmetros de localização de ordem s , com β (como efeitos sistemáticos) e u (como efeitos genéticos

aditivos diretos); W é a matriz de incidência de ordem r por s ; I é a matriz de identidade de ordem r por s e ϵ é a variação residual. As características categóricas são determinadas por variáveis contínuas não observáveis na escala subjacente, em que os limites da linha de base são definidos da seguinte forma: $t_1 < t_2 \dots < t_{j-1}$, com $t_0 = -\infty$ e $t_j = \infty$, em que j é o número de categorias.

Foram usados dois modelos para cada cenário, diferindo apenas no fato de um deles incluir o efeito do grupo contemporâneo. O primeiro modelo considerou o grupo contemporâneo como um efeito fixo e o segundo modelo não incluiu o efeito, considerando que a atribuição de escores visuais em um grupo corrige os efeitos ambientais usados para agrupar os animais para avaliação⁽¹⁸⁾. A Tabela 1 mostra a combinação de populações simuladas e os modelos de avaliação usados.

Tabela 1. Combinação entre cenários e modelos usados para estimar parâmetros genéticos e valores de reprodução.

Com seleção				Sem seleção			
Nome	TG	Modelo	Replicas	Nome	GS	Modelo	Replicas
CS10_M1	10	M1	10	SS10_M1	10	M1	10
CS10_M2	10	M2	10	SS10_M2	10	M2	10
CS40_M1	40	M1	10	SS40_M1	40	M1	10
CS40_M2	40	M2	10	SS40_M2	40	M2	10
CS100_M1	100	M1	10	SS100_M1	100	M1	10
CS100_M2	100	M2	10	CS100_M2	100	M2	10

TG é o tamanho do grupo de avaliação; M1 e M2 são, respectivamente, modelos sem e com o grupo contemporâneo como efeito fixo.

Os componentes de variância e os valores genéticos foram estimados por meio da amostragem de Gibbs, usando o software THRGIBBS1F90⁽¹⁹⁾. Uma distribuição uniforme foi considerada para efeitos sistemáticos e uma distribuição qui-quadrado inversa para os componentes de variância. A distribuição posterior dos componentes de variância e dos valores genéticos foi construída a partir de uma cadeia de 100.000 amostras, das quais as primeiras 20.000 foram descartadas. A definição do tamanho da cadeia foi baseada na análise de convergência de Geweke (1992)⁽²⁰⁾ Heidelberger e Welch (1983)⁽²¹⁾, implementado no pacote Coda⁽²²⁾ do software R⁽²³⁾. A estimativa dos componentes de variância e dos valores genéticos foi realizada usando o software THRGIBBS1F90, que implementa o modelo de limiar sob estimativa Bayesiana. A variância residual foi fixada em 1, os limites t_1 e t_2 foram fixados em 0 e 1, e o restante foi estimado a partir dos dados. Para determinar o efeito do tamanho do grupo e da seleção na estimativa de parâmetros e valores genéticos em características de escore visual, os critérios foram:

1. Erro Quadrático Médio (EQM) Eq (3), usado como um indicador de qualidade na estimativa da herdabilidade. O EQM foi calculado conforme descrito por Casella e Berger (2002) ⁽²⁴⁾:

Equação (3)

$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\hat{h}_i^2 - h^2)^2$$

onde: n é o número de replicações para cada cenário simulado, neste caso 10; \hat{h}_i^2 é a herdabilidade estimada para cada replicação e, h^2 é o valor real da herdabilidade.

2. Correlações de Pearson entre os valores genéticos verdadeiros (VGVs) e os valores genéticos estimados (VGEs), como um indicador da precisão da estimativa ⁽¹⁷⁾.

3. Porcentagem de coincidência (somente nos cenários de população selecionada) entre os 10 machos selecionados e os 10, 20 e 30 machos candidatos à seleção com os maiores VGVs.

4. Eficiência de seleção (somente em cenários de população selecionada), definida como a porcentagem de ganho genético estimado em relação ao ganho genético máximo possível. O ganho genético por ano foi calculado pela regressão dos valores genéticos verdadeiros e estimados ao longo dos anos. Considerou-se que um ciclo de acasalamento é equivalente a um ano. O ganho genético máximo, Eq (4), é obtido quando a acurácia é igual a 1. foi calculado como:

Equação (4)

$$\frac{\max \Delta G}{\text{year}} = [(i_m + i_f) * r_{aa} + \sigma_a] / (IG_m + IG_f)$$

onde: $\Delta G/\text{ano}$ é o ganho genético por ano; i_m intensidade de seleção dos machos; i_f é a intensidade de seleção das fêmeas; r_{aa} acurácia; σ_a desvio padrão genético; IG_m intervalo de gerações dos machos; IG_f intervalo de gerações das fêmeas. Assim, o máximo ganho genético Eq (5) esperado nas populações sob seleção foi:

Equação (5)

$$\frac{\max \Delta G}{\text{year}} = \frac{[(2.66 + 1.15) * 1 * 0.64]}{4 + 4.5} = 0.286 \text{ unidades da liability}$$

3. Resultados e discussão

A herdabilidade média ao longo dos ciclos de acasalamento para os cenários simulados é apresentada abaixo (Figura 2). A inclusão do grupo contemporâneo como efeito fixo no modelo melhorou as estimativas de herdabilidade em ambas as populações, especialmente na população selecionada, onde a inclusão do efeito fixo corrigiu o processo de seleção, pois considerar grupos de animais (grupo contemporâneo) com diferentes méritos genéticos é equivalente a incluir uma função linear que descreve o processo de seleção no modelo. ⁽²⁵⁾. As estimativas de herdabilidade diminuem rapidamente como consequência

da não correção do efeito de seleção, como observado nos modelos da população selecionada que não consideraram o efeito fixo do grupo contemporâneo.

Em cenários de populações não selecionadas, a diferença entre os modelos de avaliação foi menor. No modelo que não considerou o grupo contemporâneo como efeito fixo, as estimativas de herdabilidade se aproximaram do valor verdadeiro à medida que as informações utilizadas na estimativa aumentaram, especialmente quando o tamanho do grupo de avaliação era grande. Esse comportamento ocorreu porque, ao atribuir escores visuais dentro de um grupo, eles dependem da variância genética e residual do grupo, enquanto a variabilidade causada por efeitos ambientais (grupo contemporâneo) não é levada em consideração, já que a avaliação é feita dentro de um grupo e os animais dentro do grupo de avaliação estão sob os mesmos efeitos ambientais. Portanto, podemos inferir que o escore atribuída a cada animal seria corrigida para os efeitos ambientais usados na formação dos grupos de avaliação. Desse ponto de vista, animais com o mesmo escore pertencentes a diferentes grupos de avaliação seriam comparáveis, pois o escore reflete o desempenho dos animais em relação aos outros nas mesmas condições ambientais.

O tamanho do grupo de avaliação influenciou a estimativa de herdabilidade principalmente no modelo que não considerou o efeito do grupo contemporâneo (Figura 2). Essas diferenças são consequência da heterogeneidade da variância fenotípica existente entre grupos contemporâneos, de forma que, quando o grupo de avaliação é menor, a heterogeneidade é maior (Figura 3). Outro fator que contribui para a heterogeneidade é a menor representação genética em grupos pequenos, pois possuem menos reprodutores com progênie. Uma das pressuposições do BLUP em avaliações genéticas é a homogeneidade de variâncias entre os níveis de efeitos fixos e aleatórios. Quando não é caso, os parâmetros e, em maior extensão, os valores genéticos são afetados⁽²⁶⁾. Incluir o grupo contemporâneo como efeito fixo reduziu as diferenças nas estimativas de herdabilidade entre diferentes tamanhos de grupos de avaliação. Isso indica que a inclusão desse efeito corrige o viés na estimativa dos componentes de variância quando há heterogeneidade de variâncias.

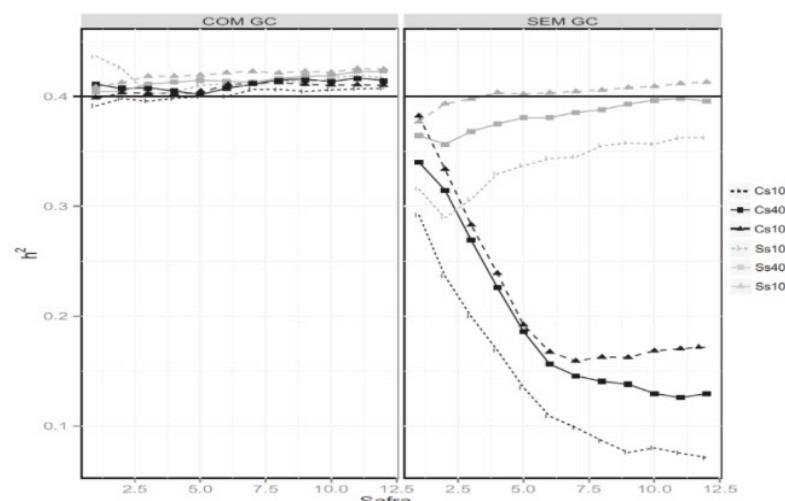


Figura 2. Estimativas de herdabilidade do cenário simulado ao longo das temporadas de acasalamento usando dois modelos na estimativa de parâmetros genéticos (incluindo o grupo contemporâneo à esquerda e não incluindo o grupo contemporâneo à direita). Sel e Uns indicam populações selecionadas e não selecionadas, respectivamente; 10, 40 e 100 representam o tamanho dos grupos de avaliação.

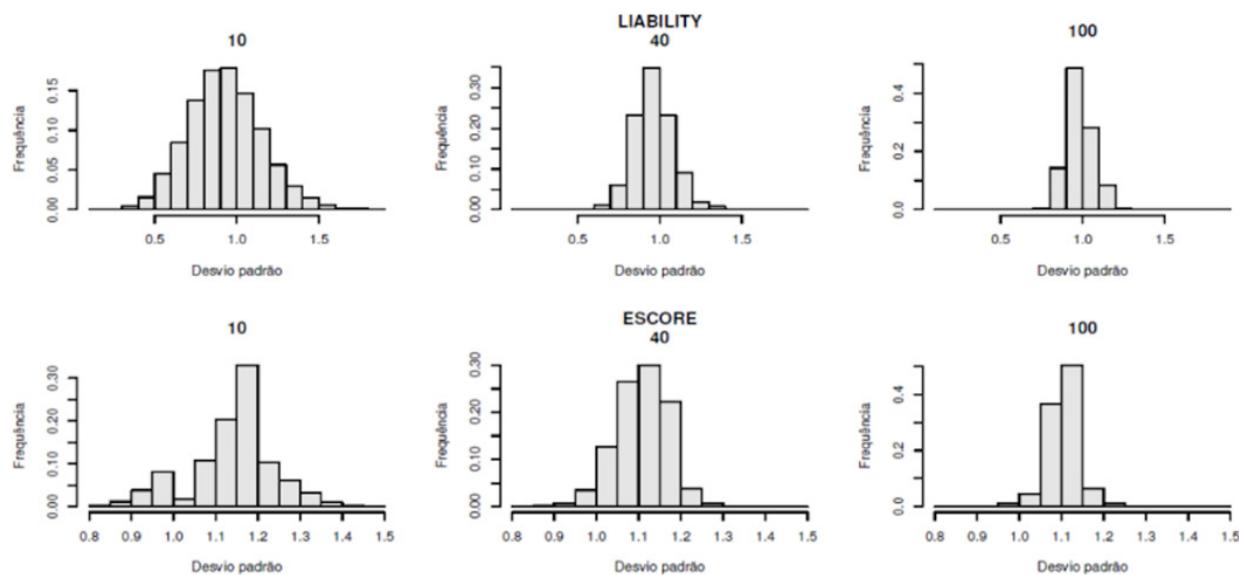


Figura 3. Distribuição dos desvios padrão fenotípicos dos grupos contemporâneos para os diferentes tamanhos de grupos de avaliação (10, 40 e 100 animais) no fenótipo observável e subjacente. Os dados foram obtidos de uma replicação.

A Tabela 2 apresenta a herdabilidade média e o MSE para cada cenário simulado. Observe a importância de incluir o grupo contemporâneo como efeito fixo no modelo em populações sob seleção e/ou heterogeneidade de variâncias, pois as estimativas de herdabilidade ficam mais próximas do valor verdadeiro e a variabilidade das estimativas diminui (menor MSE). Na ausência de seleção e heterogeneidade (cenários SS100_M1 e SS100_M2, Tabela 2), a diferença entre os modelos é mínima.

Tabela 2. Média das replicações de cada cenário para a herdabilidade verdadeira (h^2), herdabilidade estimada (\hat{h}^2) e erro médio quadrático (EQM).

Cenário *	Com seleção			Sem seleção			
	h^2	\hat{h}^2	EQM	Cenário *	h^2	\hat{h}^2	EQM
CS10_M1	0.397	0.172	0.0075	SS10_M1	0.408	0.359	± 0.0005
CS10_M2	0.390	0.407	0.0004	SS10_M2	0.402	0.418	0.0008
CS40_M1	0.387	0.224	0.0071	SS40_M1	0.404	0.400	$+0.0002$
CS40_M2	0.389	0.418	0.0003	SS40_M2	0.397	0.418	0.0003
CS100_M1	0.379	0.247	0.0029	SS100_M1	0.399	0.418	0.0003
CS100_M2	0.383	0.416	0.0004	SS100_M2	0.399	0.421	0.0002

*CS e SS representam, respectivamente, populações selecionadas e não selecionadas; 10, 40 e 100 são os tamanhos dos grupos de avaliação; M1 e M2 são, respectivamente, modelos sem e com o grupo contemporâneo como efeito fixo.

A Tabela 3 apresenta as correlações entre os valores genéticos estimados (VGEs) e verdadeiros (VGVs) para cada cenário simulado. Incluir o efeito do grupo contemporâneo no modelo aumentou a precisão dos valores genéticos em populações selecionadas e não selecionadas. O cenário SS100 (com populações não selecionadas e tamanho de grupo de 100) apresentou a menor diferença entre os cenários, de acordo com os resultados obtidos

na estimativa dos componentes da variância. O tamanho do grupo influenciou a precisão porque, como indicado anteriormente, grupos pequenos possuem maior heterogeneidade de variâncias fenotípicas, o que leva à perda de precisão e aumento do viés na predição dos valores genéticos.

Tabela 3. Média das replicações de cada cenário para as correlações entre os valores genéticos verdadeiros e estimados ($r_{\hat{aa}}$) e o erro padrão (EP).

Com seleção			Sem seleção		
Cenário *	$r_{\hat{aa}}$	EP	Cenário *	$r_{\hat{aa}}$	EP
CS10_M1	0.576	0.0014	SS10_M1	0.612	0.0007
CS10_M2	0.652	0.0018	SS10_M2	0.656	0.0012
CS40_M1	0.631	0.0011	SS40_M1	0.676	0.0008
CS40_M2	0.688	0.0014	SS40_M2	0.694	0.0010
CS100_M1	0.651	0.0011	SS100_M1	0.702	0.0009
CS100_M2	0.700	0.0011	SS100_M2	0.715	0.0008

*CS e SS representam, respectivamente, populações selecionadas e não selecionadas; 10, 40 e 100 são os tamanhos dos grupos de avaliação; M1 e M2 são, respectivamente, modelos sem e com o grupo contemporâneo como efeito fixo.

Dois critérios foram utilizados para avaliar a eficiência da seleção nos cenários analisados: percentual de coincidência entre os melhores candidatos machos para a seleção e aqueles selecionados, e o percentual de ganho genético obtido em relação ao ganho máximo possível (Tabela 4). Para o primeiro critério, o percentual de coincidência foi geralmente baixo. Como esperado, ele aumentou quando avaliado em um número maior de machos melhores. Quando o tamanho do grupo de avaliação aumentou, a coincidência foi maior, indicando que os valores de seleção foram estimados com maior precisão, conforme mostrado na Tabela 3. Novamente, houve diferenças entre os modelos, e o modelo que considerou o efeito fixo do grupo contemporâneo apresentou maiores percentuais de coincidência. Isso ocorre porque ele corrige o efeito da seleção.

Tabela 4. Média das replicações dos cenários da população selecionada para o percentual de coincidência entre os principais candidatos machos à seleção com aqueles selecionados em cada ciclo reprodutivo e para a eficiência da seleção medida no ganho genético verdadeiro e estimado expresso como porcentagem do ganho genético máximo.

Cenário	% Coincidência Melhores Machos			% Ganho genético	
	10	20	30	ΔG Verdadeiro	ΔG Estimado
CS10_M1	10.73	18.00	23.27	51.39	3.50
CS10_M2	16.64	27.82	34.36	61.99	63.59
CS40_M1	14.18	21.64	29.91	58.16	5.38
CS40_M2	21.64	32.00	39.82	66.34	71.38
CS100_M1	17.73	28.55	36.55	65.08	6.76
CS100_M2	21.45	33.27	43.27	70.33	78.08

Embora o percentual de coincidência dos machos selecionados tenha sido baixo, o percentual de ganho genético verdadeiro (Tabela 4) foi alto, indicando que os machos escolhidos possuíam alto valor genético mesmo não sendo os melhores. O ganho genético estimado se aproximou do ganho verdadeiro quando o modelo considerou o grupo contemporâneo como efeito fixo, enquanto o modelo sem o efeito fixo subestimou o ganho genético em relação ao verdadeiro devido à menor variância genética estimada que ocorre quando não se corrige o efeito da seleção (Figura 2). O tamanho do grupo de avaliação influenciou a resposta à seleção, aumentando com o uso de grupos maiores. Isso era esperado, pois esses cenários apresentaram maiores precisões.

Os resultados mostraram que a atribuição de escores visuais foi feita com referência ao perfil médio dos animais avaliados, corrigido para os efeitos ambientais. No entanto, os efeitos fixos do grupo contemporâneo devem ser mantidos nos modelos, pois isso permite corrigir os efeitos da seleção, levando a estimativas mais precisas dos valores genéticos e, consequentemente, a um maior progresso genético. Em dados reais, o efeito do grupo contemporâneo também corrige o efeito do avaliador, já que os grupos não são avaliados pelo mesmo avaliador. O tamanho do grupo de avaliação influenciou principalmente a precisão das estimativas dos valores genéticos, demonstrando a importância de ter grupos de 40 ou mais animais para obter valores genéticos mais precisos.

5. Conclusão

A atribuição de escores com um grupo de avaliação como referência não afeta as estimativas de parâmetros e valores genéticos. No entanto, é preciso cautela ao utilizar grupos de avaliação com menos de 40 animais, pois isso diminui a precisão das previsões de valor de seleção genética.

Declaração de conflito de interesses

Os autores declaram não haver conflito de interesses.

Declaração de disponibilidade de dados

Os dados serão fornecidos mediante solicitação ao autor correspondente.

Contribuições do autor

Conceituação: L. O. Diutama, A. T. H. Utsunomiya, M. M. Farah, L. Cavani e R. Fonseca. Curadoria de dados: L. O. Diutama, R. K. Ono e R. Fonseca. Análise Formal: L. O. Diutama, D. P. Silva, É. S. Harada e R. Fonseca. Investigação: L. O. Diutama, L. Cavani e R. Fonseca. Metodologia: L. O. Diutama, A. T. H. Utsunomiya, M. M. Farah e R. Fonseca. Gestão de projeto: L. O. Diutama, R. K. Ono, L. Cavani e R. Fonseca. Supervisão: L. O. Diutama e R. Fonseca. Redação (rascunho original): L. O. Diutama, D. P. Silva, É. S. Harada e R. Fonseca. Redação (revisão e edição): L. O. Diutama, D. P. Silva, É. S. Harada e R. Fonseca.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Referências

1. Boligon, AA; Mercadante, MEZ; Albuquerque. Genetic associations of conformation, finishing precocity and muscling visual scores with mature weight in Nelore cattle. *Livestock Science*, v.135, p.238-243, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2010.07.011>.
2. Queiroz, SA; Oliveira, JA; Costa, GZ; Fries, LA. Estimates of genetic parameters for visual scores and daily weight gain in Brangus animals. *Animal*, v.5, p. 838-843, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S1751731110002442>
3. Bertipaglia, TS; Carreño, LOD; Machado, CHC; Andriguetto, C.; Fonseca, R. Estimates of genetic parameters for visual scores and their correlation with production and reproductive traits in Brahman cattle. *Brazilian Journal of Animal Science*, v.41, n.6, p.1407-1411, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/s15163598201200060003>.
4. Boligon, AA; Ayres, DR; Pereira, RJ; Morotti, NP; Albuquerque, LG. Genetic associations of visual scores with subsequent rebreeding and days to first calving in Nellore cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 129 (6), 448-456, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2012.00998.x>
5. Santana Jr, ML; Eler, JP; Cucco, DC; Bignardi, AB; Ferraz, JBS. Genetic associations between hip height, body conformation scores, and pregnancy probability at 14 months in Nellore cattle. *Livestock Science*, v.154, p.13-18, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2013.02.018>
6. Everling, DM; Bresolin, T.; Rorato, PRN; Araújo, RO; Boligon, AA; Weber, T.; Dornelles, MA; Campos, LT. Finishing precocity visual score and genetic association with growth traits in Angus beef cattle. *Genetics and Molecular Research*, v.13, p.7757-7765, 2014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4238/2014>.
7. Koury Filho, W.; Albuquerque, LG; Alencar, M.; Forni, S.; Silva, J.; Lôbo, RB. Heritability estimates and correlations for visual scores, weight and year height in Nellore herds. *Brazilian Journal of Animal Science*, v.38, n.12, p.2362-2367, 2009. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S1516-35982009001200010>
8. Shiotsuki, L.; Silva, J.; Tonhati, H.; Albuquerque, LG. Genetic associations of sexual precocity with growth traits and visual scores of conformation, finishing, and muscling in Nellore cattle. *Journal of Animal Science*, v.87, n.5, p.1591-1597, 2009. Disponível em: <https://doi.org/10.2527/jas.2008-1173>
9. Yokoo, MJ; Werneck, JN; Pereira, MC; Albuquerque, LG; Son, WK. Genetic correlations between visual scores and carcass characteristics measured by ultrasound in beef cattle. *Brazilian Agricultural Research*, v.44, n.2, p.197-202, 2009. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009000200012>
10. Koury Filho, W.; Albuquerque, LG; Forni, S.; SILVA, J.; Yokoo, MJ; Alencar, MM. Estimates of genetic parameters for visual scores and their associations with body weight in beef cattle. *R. Bras. Zootec.*, v.39, n.5, p.1015-1022, 2010. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982010000500011>
11. Gordo, DM; Baldi, F.; Lôbo, RB; Son, WK; Sainz, RD; Albuquerque, L. Genetic association between body composition measured by ultrasound and visual scores in brazilian Nellore cattle. *Journal of Animal Science*, v.90, n.12, p.4223-4229, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.2527/jas.2011-3935>
12. Fernando, RL; Billingsley, R.; Gianola, D. Effects of method of scaling on heritability estimates and sire evaluations for frame size at weaning in Angus cattle. *Journal of Animal Science*, v.56, n.5, p. 1047-1056, 1983. Disponível em: <https://doi.org/10.2527/jas1983.5651047x>.
13. Azevedo Junior, J.; Petrini, J.; Mourão, GB; Ferraz. Categorical Visual Score Traits of a Nellore Beef Cattle Population. *Journal of Agricultural Science*, v9, n. 8, p. 63-73, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.5539/jas.v9n8p63>.
14. Faria, CU; Magnabosco, CU; Albuquerque, LG; Reyes, A.; Bezerra, LAF; Lobo, RB. Genetic analysis of bovine visual assessment scores using threshold and linear Bayesian models. *Brazilian Agricultural Research*, v.43, n.7, p. 835-841, 2008. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008000700007>.
15. Sargolzaei, M.; Schenkel, FS. QMSim: a large-scale genome simulator for livestock. *Bioinformatics*, v.25, n.5, p.680-681, 2009. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp045>
16. Snelling, WM; Chiu, R.; Schein, JE; Hobbs, M.; Abbey, CA; Adelson, DL. Aerts, J.; Bennet, GL; Bosdet, IE; Boussaha, M. et al. A physical map of the bovine genome. *Genome Biology*, v.8, n.8, p.R165, 2007. Disponível em: <https://doi:10.1186/gb-2007-8-8-r165>.

17. Falconer, DS; Mackay, TFC 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. Harlow: Pearson, 371p.
18. Duitama, LO; Farah, M.; Utsonomyia, AH; Ono, RK; Pires, M.; Fonseca, R. Use of mixed linear models in the genetic evaluation of visual scores: a simulation study. *Brazilian Archive of Veterinary Medicine and Animal Science*, v.66, No. 4, p. 1239-1246, 2014. <https://doi.org/10.1590/1678-6351>
19. Misztal, I.; Tsuruta, S.; Lourenço, D.; Aguilar, I.; Legarra, A.; Vitezica, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia, Athens, GA, USA. Plummer, M.; Best, N.; Cowles, K.; Vines, K. Coda. 2006. Convergence diagnosis and output analysis for mcmc. *R News*, v.6, p.7-11, 2015.
20. Geweke, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of later moments. In: Bernardo, JM; Berger, JO; Dawid, AP; Smith, AFM (Ed.). *Bayesian statistic*. New York, NY: Oxford University, p.625-631, 1992.
21. Heidelberger, P.; Welch, PD. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations Research*, v.31, n.6, p.1109-1144. Disponível em: <https://doi.org/10.1287/opre.31.6.1109>
22. Plummer, M.; Best, N.; Cowles, K.; Vines, K. Coda. 2006. Convergence diagnosis and output analysis for mcmc. *R News*, v.6, p.7-11.
23. R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2011. Disponível em: <http://www.R-project.org>
24. Casella, G.; Berger, RL 2002. Statistical inference. 2nd ed. Pacific Grove, CA: Duxbury / Thomson Learning, 686p.
25. Henderson, CR 1973. Sire evaluation and genetic trends. *Journal of Animal Science* v.1973, p.10-41, 1983. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/ansci/1973>
26. Visscher, P. M.; Hill, W. G. Heterogeneity of variance and dairy cattle breeding. *Animal Science*, v. 55, n. 3, p. 321-329, 1992. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S0003356100021012>