

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL
CURSO DE MESTRADO**

**ANÁLISE DA TAXA DE APROVEITAMENTO DE
ANIMAIS PARA TOUROS E MATRIZES UTILIZANDO
MODELO DE LIMIAR EM UM REBANHO CARACU**

Thainara Farias Rocha

**CAMPO GRANDE, MS
2013**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL
CURSO DE MESTRADO**

**ANÁLISE DA TAXA DE APROVEITAMENTO DE
ANIMAIS PARA TOUROS E MATRIZES UTILIZANDO
MODELO DE LIMAR EM UM REBANHO CARACU**

Analyses of the rate of acceptance of animals for sires and cows
using threshold model in a Caracu herd

Thainara Farias Rocha

Orientador: Prof. Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Mato
Grosso do Sul, como requisito à
obtenção do título de mestre em
Ciência Animal.

Área de concentração: Produção
Animal

CAMPO GRANDE, MS
2013

DEDICATÓRIA

À Deus.

AGRADECIMENTOS

À Deus pela oportunidade concedida e força para que eu continuasse até o fim.

À Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, principalmente ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, pela oportunidade de realização deste curso e ao departamento de Medicina Veterinária e Zootecnia por fornecer da estrutura favorável ao aprendizado e pesquisa.

À EMBRAPA Gado de Corte por fornecer estrutura fundamental na captação, edição e análise dos dados.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pela concessão da bolsa de estudos, e financiamento de projetos correlacionados.

Ao meu orientador Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior pela paciência, tolerância e apoio nesses dois anos.

Ao Prof. Dr. Leonardo Martin Nieto pelo auxílio ao longo do desenvolvimento do trabalho.

Ao Felipe Gomes da Silva pelas ajudas concebidas ao longo da execução do trabalho.

Aos colegas Sandra Regina Goulart, Ismael Almada Neto, Meriellen Rouldino Reggiori, Junior Cezar Kawakita, Joair Diego Ovando, Pamylla Mayara Pereira da Silva, e aos demais pelo companheirismo.

À minha família, principalmente A minha mãe Dina Teresinha Farias, que participou de todos os momentos comigo, tanto os de alegria como os de dificuldades.

SUMÁRIO

RESUMO.....	III
LISTA DE TABELAS	V
INTRODUÇÃO	1
1. CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
2. PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS.....	2
3. MODELO DE LIMIAR.....	4
4. INFERÊNCIA BAYESIANA	7
5. REFERÊNCIAS	9
ARTIGO	12
1. INTRODUÇÃO	14
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	15
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	18
4. CONCLUSÕES	22
5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	22

RESUMO

ROCHA, **Thainara Farias**, M.Sc. Análise da taxa de aproveitamento de touros e matrizes utilizando modelo de limiar em um rebanho Caracu. 2013. Dissertação – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, 2013.

Na criação de bovinos de corte para comercialização com touros a taxa de aproveitamento de animais é um quesito importante, e a estimação dos parâmetros genéticos populacionais relacionados às características produtivas também, pois possibilitam a seleção de animais para reprodução com melhor desempenho nas características exploradas. O objetivo foi avaliar os parâmetros genéticos de características ligadas à taxa de aproveitamento de animais como reprodutores em programa de melhoramento e sua associação com características produtivas avaliadas em um rebanho Caracu. As avaliações foram efetuadas através de um banco de dados de um rebanho Caracu essas análises foram efetuadas com o auxílio do modelo limiar. As características mensuradas foram peso aos 120 dias, peso aos 240 dias, ganho pós-desmama, medidas de perímetro escrotal ao 365 dias e avaliada a funcionalidade e o tipo por meio de escores de 1 a 6. Ao sobreano, os animais foram avaliados quanto a sua aptidão para venda como touro ou incorporação no plantel como matriz, sendo que aqueles que tiveram alguma característica inaceitável foram considerados inaptos e excluídos da lista dos animais candidatos a serem aptos a reprodutores. Aqueles animais que foram aptos a reprodutores foram codificados como 1 e os não aptos foram codificados como 0. Os componentes de variância para a característica para venda como touro e incorporação ao plantel de matrizes e sua associação com as características produtivas foi realizada pelo programa THRGIBBS1F90 (MISZTAL et. al., 2002). As estimativas de correlação entre aptidão de macho e aptidão de fêmea e são altas a correlação delas com as demais características tem magnitude semelhante em ambos os sexos. As estimativas de herdabilidade foram moderadas e semelhantes entre aptidão a venda como touro e aptidão a incorporação no plantel como matriz e para as demais características foram de media a elevada magnitude. As características mais associadas com venda como touro e incorporação ao plantel de matrizes são funcionalidade e tipo.

Palavras chave: Características produtivas, herdabilidade, reprodutor

ABSTRACT

ROCHA, **Thainara Farias**, M.Sc. Analyses of utilization of animals for bulls and cows using threshold model in a herd Caracu. 2013. Dissertação – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, 2013.

In the creation of beef cattle for sale with bulls the rate of exploitation of animals is a mainstay important, and estimation of genetic parameters related to yield characteristics also by enabling the selection of breeding animals with better performance characteristics explored. The objective was to evaluate the genetic parameters of traits related to the rate of utilization of animals as breeding in the breeding program and its association with production traits evaluated in a herd Caracu. These assessments were made through a database of a herd Caracu these analyzes were performed with the aid of Threshold Model. The characteristics measured were weight at 120 days, weight at 240 days post-weaning gain, scrotal circumference at 365 days and assessed the functionality and type through scores 1-6. Yearling animals were evaluated for their suitability for sale as bull or incorporation into the breeding herd, and those who had some characteristic were considered unacceptable and unfit animals excluded from the list of candidates to be able to breeding. Those animals which were capable of breeding was coded as 1 and the unfit were coded as 0. Variance components for sale as characteristic for bull and incorporation into the breeding herd and its association with production traits was performed by the program THRGIBBS1F90 (Misztal et al., 2002). Estimates of correlation between utilization rate of male and utilization rate of female are high and the correlation of them with the other characteristics have similar magnitude in both sexes. Heritability estimates were moderate and similar between suitability for sale as bull and incorporation into the breeding herd and other characteristics were measured the high magnitude. The characteristics associated with sales as bull and incorporation into the breeding herd are functionality and type.

Key words: breeding, heritability, productive traits

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Porcentagem de animais aptos e inaptos a comercialização como touros e incorporação ao rebanho de matrizes no período de 2004 a 2010.....	16
Tabela 2. Estimativas das médias da herdabilidade (diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações residuais (abaixo da diagonal) entre as características produtivas avaliadas.....	19
Tabela 3. Estimativas do desvio padrão herdabilidade (diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações residuais (abaixo da diagonal) entre as características produtivas avaliadas.....	19
Tabela 4. Tamanho efetivo da amostra, médias, desvio-padrão e região de alta densidade <i>a posteriori</i> e erro de Monte Carlo dos componentes de variância das características avaliadas para efeito de touro.....	25
Tabela 5. Tamanho efetivo da amostra, médias, desvio-padrão e região de alta densidade <i>a posteriori</i> e erro de Monte Carlo dos componentes de variância das características avaliadas para resíduo.....	26

INTRODUÇÃO

1. Considerações Gerais

Os programas de melhoramento genético visam identificar os melhores indivíduos e utilizá-los na reprodução e, com isto aumentar a frequência gênica favorável, conseqüentemente, diminuir a frequência dos genes de efeito desfavorável na população (KOURY, 2005).

O efeito observável da seleção é a mudança na média fenotípica do rebanho, o que é chamado de ganho genético ou resposta à seleção. Define-se resposta à seleção ou ganho genético como a diferença entre a média dos filhos dos animais selecionados e a média do rebanho na geração paterna.

Nos rebanhos de seleção de bovinos de corte um importante quesito é a taxa de aproveitamento dos animais nascidos para a comercialização como reprodutores, pois está fortemente ligada a lucratividade do negócio.

A seleção de touros e matrizes é feita com base em trabalhos de avaliações genéticas. A partir dos quais se obtém as informações sobre o mérito genético dos animais, envolvendo principalmente características de desempenho nas inspeções técnica individual, onde são consideradas características relacionadas, principalmente à capacidade de locomoção, aprumos, qualidade da carcaça, precocidade de acabamento e outros.

Para o animal ser considerado apto a reprodutor ele precisa sobreviver, ter desempenho satisfatório para as características avaliadas e ser livre de defeitos. Alguns reprodutores apesar do alto índice de desempenho tem baixo índice de aproveitamento de seus filhos devido a algum defeito que transmite.

Portanto, é importante avaliar esta característica adicionalmente as já avaliadas, isto é, obter a estimação e controle genético desta e sua relação com as demais características atualmente avaliadas, além do seu comportamento quando avaliada em machos e fêmeas.

Esta característica considerada binária, indicando se os animais são aptos a serem aproveitados como reprodutores ou não. Desta maneira, a estimação dos parâmetros genéticos requer a utilização de uma metodologia específica para análise dados categóricos. Nesse caso o emprego do modelo de limiar é o mais adequado pois este relaciona a escala observada descontínua com uma escala contínua subjacente (FALCONER, 1989).

2. Parâmetros Genéticos de Características Produtivas

Muitas características de importância econômica dos animais domésticos são de natureza quantitativa, isto é, controladas por um grande número de pares de genes, sendo que a maioria dos quais, individualmente tem efeitos pequenos e sua expressão fenotípica é fortemente influenciada pelos fatores ambientais. Por esta razão, os indivíduos são avaliados pelos seus fenótipos, ou seja, por quaisquer características que possam ser observadas ou mensuradas.

Um programa de melhoramento genético tem por objetivo a seleção e multiplicação de genótipos favoráveis a um determinado ambiente de criação dos animais. No entanto, para que se possam selecionar adequadamente os animais, é fundamental a obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos, como a herdabilidade e correlações genética e residual. Esses parâmetros é que irão definir a combinação ideal das informações no momento da avaliação genética.

Os parâmetros genéticos, segundo afirmam Marcondes et al. (2011), são necessários para estimar as respostas diretas e correlacionadas à seleção, para elaborar índices de seleção e prever o valor genético dos animais.

A herdabilidade é um parâmetro genético extremamente importante que é usado tanto para a estimativa de valores genéticos para características quantitativas, como para prever a resposta à seleção de vários esquemas de melhoramento. Herdabilidade pode ser definida em um sentido amplo ou em um sentido restrito (VAN VLECK et al., 1987, e FALCONER, 1989), sendo a mais usual a herdabilidade no sentido restrito, que está diretamente ligada a valores genéticos aditivos.

A herdabilidade em um sentido restrito, simbolizada por h^2 , é definida como a relação entre a variância genética aditiva pela variância fenotípica: $h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2$, ou seja, é a proporção da variância total que é devido às diferenças entre os valores genéticos dos indivíduos na população.

No estudo de características quantitativas, a principal função da herdabilidade é seu caráter preditivo, ou seja, ela expressa o grau de confiança do valor fenotípico como indicador do valor genético.

Quando a herdabilidade é baixa, significa que grande parte da variação da característica é devida às diferenças ambientais; e quando é alta, significa que diferenças genéticas entre os indivíduos são responsáveis, em grande parte, pela variação da característica.

A correlação é outro parâmetro importante e sua importância está no fato de que a seleção para uma determinada característica pode causar resposta em outra geneticamente relacionada, além de permitir prever como uma característica deverá se comportar em função da seleção para outra característica.

As correlações entre duas ou mais características estimam o nível de associação entre elas, sendo que, a origem e a grandeza da relação existente são de grande importância no melhoramento em geral, pois programas visam aprimorar o material genético de um conjunto de caracteres que agem simultaneamente (FALCONER & MACKAY, 1996).

Quando dois ou mais caracteres são considerados simultaneamente nos indivíduos de uma população, seus valores fenotípicos podem estar correlacionados, de maneira positiva ou de maneira negativa. Todos os valores de correlação estão situados entre -1 e +1. Quanto mais perto a correlação estiver de -1 ou +1, maior é a associação entre as características. No caso de correlação linear, se duas características são independentes, a covariância entre elas é zero e assim sendo, a correlação entre elas também é zero (VAN VLECK et al., 1987, FALCONER, 1989).

Pereira & Alencar (2003) estimaram parâmetros genéticos de características de crescimento e perímetro escrotal em animais da raça Canchim e obtiveram estimativas

de herdabilidade para ganho de peso do nascimento a desmama, ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal, iguais a 0,31, 0,35 e 0,41 respectivamente, demonstrando que existe uma possibilidade de obtenção de progresso genético para a seleção das características.

Na literatura, relata-se estimativas de herdabilidade e correlações genéticas obtidas para características produtivas e reprodutivas em bovinos de corte. Encontram-se, por exemplo, estimativas de herdabilidade para habilidade de permanência em bovinos utilizando modelo de limiar, onde Silva et al. (2003) obtiveram um valor de 0,21 para animais da raça Nelore e Queiroz et al. (2007) um valor de 0,28 para animais da raça Caracu.

Silva (2004) trabalhando com características de crescimento em bovinos da raça Guzerá, estimou os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de peso aos 120 (P120) , peso aos 205 (P205), peso aos 365 (P365) e peso aos 550 dias (P550). O autor obteve valores de herdabilidade de 0,15, 0,10, 0,16 e 0,15 para P120, P205, P365 e P550 respectivamente, onde o mesmo relata que os valores são coerentes com os intervalos de herdabilidade encontrados na literatura. As estimativas de correlação genética direta foram de 0,80 , 0,54 , 0,54 , 0,74 , 0,62 , 0,95 para P120/P205, P120/P365, P120/P550, P205/365, P205/P550 e P365/P550 na respectiva ordem. As correlações de 0,80 e 0,95 foram altas, o que possivelmente provocará resposta correlacionada positiva entre as características.

3. Modelo de Limiar

Muitas características biológicas de importância econômica na produção animal são de herança multifatorial, porém apresentam distribuição fenotípica descontínua, como por exemplo, sobrevivência ou morte. Falconer (1989) afirma que por mais que estas características pareçam estar fora da conjuntura da genética quantitativa, por não exibirem variação contínua, quando submetidas à análise genética, elas também são encontradas como estando sob a influência de vários genes.

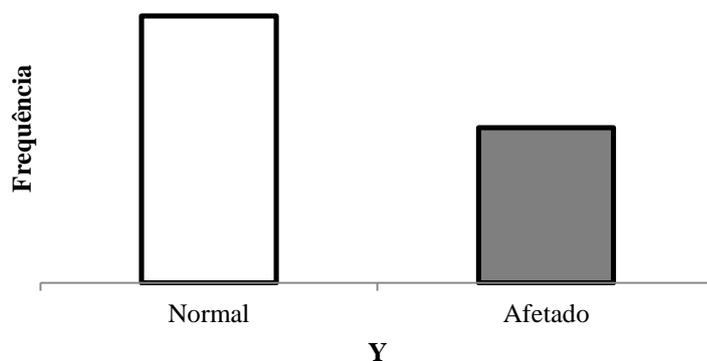
Para realizar a avaliação genética de dados categóricos, Gianola & Foulley (1983) desenvolveram o modelo de limiar. Posteriormente, Van Tassel et al. (1998)

tornaram possíveis as análises multicaracterísticas que relacionam dados contínuos e categóricos.

O uso de modelos lineares mistos na predição de valores genéticos para características categóricas também são citados na literatura, porém recomenda-se o uso de modelos de limiar, pois apresentam maior habilidade para detecção da variabilidade genética em comparação aos modelos lineares (LUO et al., 2002).

Ao empregar o modelo linear, este ignora a natureza discreta dos dados categóricos e a análise procede como se os dados fossem de caráter contínuo (FARIA, 2007). Entretanto, o modelo de limiar admite que exista uma variável subjacente de distribuição contínua, em relação à variável discreta (SORENSEN et al., 1995), e as respostas em uma determinada categoria são observadas se os valores da escala subjacente estiverem localizados entre os limiares que definem essa categoria. Assim, a distribuição de probabilidade das estimativas, para dados categóricos, depende da posição da média da distribuição subjacente contínua, em relação aos limiares fixos (FARIA et al., 2008).

Animais cujos valores fenotípicos na escala subjacente ultrapassam o limiar, aparecerão numa classe, enquanto os animais abaixo desse limiar aparecerão em outra classe (Figura 1). Dessa forma, assume-se que a expressão do fenótipo na escala subjacente é influenciada por muitos fatores genéticos e ambientais que modificam a manifestação do caráter (SANTOS, 2011).



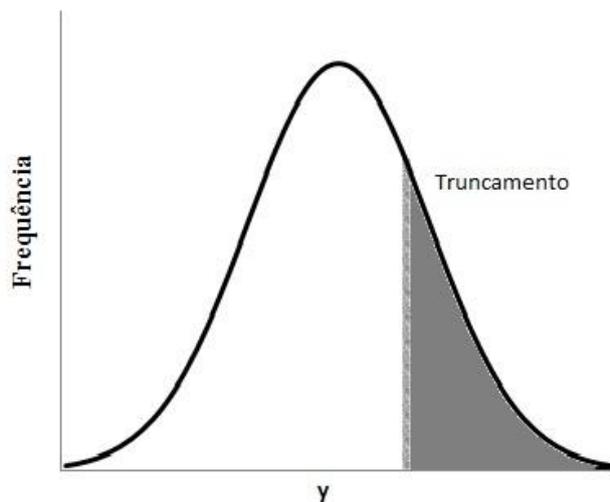


Figura 1- Descrição do modelo de limiar em escala normal e subjacente.

Barichello (2011) frisa que o modelo de limiar é mais adequado para dados categóricos, mas que sua implementação na prática é mais complexa e, normalmente, envolve o emprego de inferência bayesiana com o uso do Amostrador de Gibbs.

Comparações entre os modelos lineares e de limiar para as estimativas de parâmetros genéticos de características morfológicas em bovinos da raça Nelore obtidas em análises bayesianas foram obtidos por Faria et al., (2008). Estes autores concluíram não haver diferença na obtenção de estimativa dos parâmetros genéticos utilizando o modelo linear ou de limiar. Também não observaram influência na classificação dos animais, quanto aos valores genéticos preditos na avaliação genética dos mesmos, sendo ambos os modelos eficientes para a utilização em programas de melhoramento genético.

A utilização de modelo de limiar para estimação de parâmetros genéticos é aplicada em diversos trabalhos reportados na literatura para diferentes características de interesse econômico, tais como de habilidade de permanência, resistência a doenças, característica de carcaça e escore de avaliação visual (NIETO et al., 2003; QUEIROZ et al., 2007; NIETO et al., 2007; FARIA et al., 2009).

4. Inferência Bayesiana

A base dos programas de melhoramento genético é o conhecimento dos parâmetros genéticos da população e estes são obtidos com base em estimativas de componentes de variância e covariância.

As estimativas destes parâmetros têm que ser acuradas, pois com isso as diferenças entre o valor verdadeiro e o estimado são minimizadas e conseqüentemente diminuem também o erro de predição dos efeitos aleatórios, como, os valores genéticos. No entanto, para a obtenção de estimativas acuradas dos componentes de variância, é essencial identificar um método estatístico adequado e que melhor reflita o comportamento biológico das características em estudo. Neste contexto, vários procedimentos de estimação dos componentes de variância já foram propostos para aplicação no melhoramento animal (FARIA, 2007).

Existem diversos métodos para estimar componentes de variância.

Os principais métodos para estimar os componentes de variância são: Análise de Variância (ANOVA), Métodos I, II e III de Henderson (HENDERSON, 1953), Método de Máxima Verossimilhança - ML (HARTLEY & RAO, 1967), Método de Máxima Verossimilhança Restrita - REML (PATTERSON & THOMPSON, 1971).

No entanto, métodos bayesianos têm propiciado novas perspectivas a questões relacionadas à estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos.

A inferência Bayesiana, ao contrário da inferência clássica, também denominada frequentista, leva em conta o conceito de probabilidade. Enquanto no modelo frequentista o parâmetro é um escalar ou um vetor desconhecido, porém fixo, no modelo Bayesiano, o parâmetro é considerado um escalar ou vetor aleatório desconhecido que por sua vez, é quantificado em termos de probabilidade e formalmente descrito com uma distribuição *a priori*. As informações *a priori* e amostrais permitem modelar e atualizar as estimativas dos parâmetros *a posteriori* por meio da regra de Bayes (ROSSI, 2001).

De acordo com Gianola et al. (1994), as análises bayesianas permitem calcular a densidade marginal posterior do parâmetro de interesse e com tal distribuição se quantifica exatamente o erro de estimação de um parâmetro desconhecido.

Os métodos de probabilidade inversa se baseiam no Teorema de Bayes (GIANOLA & FERNANDO, 1986), o qual estabelece que dado um vetor não observável \mathbf{q} e um vetor de dados observáveis \mathbf{y} , com distribuições de densidade de probabilidade conjunta $\mathbf{p}(\mathbf{y}, \mathbf{q})$, da teoria básica de probabilidades, tem-se:

$$p(\mathbf{y} | \mathbf{q}) \cdot p(\mathbf{q}) = p(\mathbf{y}, \mathbf{q}) = p(\mathbf{q} | \mathbf{y}) \cdot p(\mathbf{y})$$

em que $p(\mathbf{q})$ e $p(\mathbf{y})$ são as densidades de probabilidade marginais de \mathbf{q} e \mathbf{y} , respectivamente.

Com base no argumento que $p(\mathbf{y})$ não é uma função de \mathbf{q} , o Teorema de Bayes é geralmente apresentado na forma:

$$p(\mathbf{q} | \mathbf{y}) \propto p(\mathbf{q}) p(\mathbf{y} | \mathbf{q})$$

em que $p(\mathbf{q})$ é a densidade de probabilidade *a priori* de \mathbf{q} , a qual reflete o grau de conhecimento acumulado sobre os possíveis valores de \mathbf{q} , antes da obtenção de informações contidas em \mathbf{y} ; $p(\mathbf{y} | \mathbf{q})$ é a função de verossimilhança de \mathbf{y} , que representa a contribuição de \mathbf{y} ao conhecimento de \mathbf{q} ; $p(\mathbf{q} | \mathbf{y})$ é a densidade de probabilidade *a posteriori* de \mathbf{q} , a qual inclui o grau de conhecimento prévio sobre \mathbf{q} “atualizado por informações adicionais” contidas em \mathbf{y} ; e \propto é o operador proporcional *a*.

Os métodos de Monte Carlo baseados em Cadeia de Markov (MCMC), dentre os quais se destaca o Amostrador de Gibbs, podem ser utilizados como uma ferramenta de forma a propiciar resultados de inferência bayesiana. O algoritmo de Gibbs é aplicado para gerar um valor para cada parâmetro desconhecido e apresenta fácil implementação, principalmente quando comparado a algoritmos baseados em processos não derivativos, uma vez que os resultados permitem uma inferência bayesiana que gera distribuições posteriores marginais completas, a partir das quais são obtidas as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (FARIA, 2007).

Métodos Bayesianos podem ser especialmente avaliados em problemas complexos ou nas situações em que naturalmente não há conformidade com o cenário clássico e muitos problemas genéticos caem dentro dessas categorias.

5.REFERÊNCIAS

BARICHELLO, F. **Efeito da escala e do modelo de análise na avaliação genética de escores visuais – Estudo de simulação.** 2011.68 f. Tese (Doutorado Genética e Melhoramento Animal) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2011.

FALCONER, D.S. **Introduction to Quantitative Genetics.** 3. ed. Longman, New York, Estados Unidos. 1989.

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

FARIA, C. U. **Análise bayesiana de características morfológicas e suas relações com o desempenho produtivo de bovinos da raça Nelore utilizando modelo de limiar.** Escola de Veterinária da Universidade Federal de Goiás. 2007. 151 f. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Escola de Veterinária Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, Universidade Federal de Goiás, Goiás, 2007.

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

FARIA, C.U.; KOURY FILHO, W.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Análise bayesiana na estimação de correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas de bovinos Nelore utilizando modelos linear-limiar. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia.** v.61, n.4, p.949-958, 2009.

GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Sire evaluation for ordered categorical data with a hreshold model. **Genetics Selection Evolution**, v.15, p.201-224, 1983.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, Savoy, v.63, 1986, p.217-244.

GIANOLA, D.; Rodriguez-Z, S.; Shook, G. E. The Gibbs sampler in the animal model: a primer. In: FOULLEY, J. L.; MOLENAT, H. (Ed.). SÉMINAIRE MODELE ANIMAL. **INRA** Departament de Genetique Animale, La Colle sur Loup, France, p. 47-56, 1994.

HENDERSON, C. R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**,v.17, p.226-52, 1953.

KOURY, F. William; Escores visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte. Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2005.

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

MARCONDES, C.R.; ARAÚJO, R.O.; VOZZI, P.A.; GUNSKI, R.J.; GARNERO, A. Del V.; LÔBO, R.B. Análise Bayesiana do Índice Perímetro Escrotal/ Peso de Animais Nelore do Estado do Tocantins, Brasil. **Artigos de Zootecnia**, v. 60, n232, p. 871-872. 2011.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D. H. Blup90 and related programs. In: Proc. 7th World Congr. Appl. Livest. Prod., 2002. Montpellier, France. Commun. No. 28-07, 2002.

NIETO, L.; MARTINS, E. N.; MACEDO, F. A. F.; SAKAGUTI, E. S.; SANTOS, A. I. Utilização de um modelo de limiar na estimação da herdabilidade de resistência dos ovinos aos endoparasitas. **Acta Scientiarum Animal Sciences**. v. 25, no. 1, p. 151-155, 2003.

NIETO, L.; SILVA, L. O. C.; MARCONDES, C. R.; ROSA, A. N.; MARINS, E. N.; TORRES JUNIOR, R. A. A. Herdabilidade da habilidade de permanência no rebanho em fêmeas de bovinos da raça Canchin. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.42, n.10, p.1407-1411, out. 2007.

PEREIRA, V. M. C.; ALENCAR, M. M. Parâmetros genéticos e fenotípicos para perímetro escrotal de machos e características de crescimento de fêmeas em bovinos da raça Canchim "1". In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., Santa Maria, 2003. **Anais...** Santa Maria: SBZ, 2003.

QUEIROZ, S. A.; FIGUEIREDO, G.; SILVA, J. A. V.; ESPASANDIN, A. C.; MEIRELLES, S. L.; OLIVEIRA, J. A. Estimativa de parâmetros genéticos da habilidade de permanência aos 48, 60 e 72 meses de idade em vacas da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.36, n.5, p.1316-1323, 2007.

ROSSI, R. M. **Introdução aos métodos bayesianos na análise de dados zootécnicos com o uso de WinBUGS e R**. Maringá: Eduem, 2011. 191 p.

SANTOS, N. **Aspectos ambientais e genéticos sobre características reprodutiva e produtiva em caprinos leiteiros utilizando inferência bayesiana**. 2011. 80 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2011.

SILVA, J. A. V.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; OLIVEIRA, H. N. O. Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.32, n.3, p.598-604, 2003.

SORENSEN, D.A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D.; KORSGAARD, I. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, v.27, p.229-249, 1995.

SORENSEN, D. **Gibbs sampling in quantitative genetics**. Denmark: Danish Institute of Animal, Department of Breeding and Genetics, Intern Report, n. 82, 1996.

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

VAN VLECK, L.D.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, E.A.B. **Genetics for the Animal Sciences**. 1. ed. Freeman, New York, Estados Unidos. 1987.

ARTIGO

Análise da taxa de aproveitamento de animais para touros e matrizes utilizando modelo de limiar em um rebanho Caracu.

Analyses of the rate of acceptance of animals for bulls and cows using a threshold model in a Caracu herd.

Rocha, T. F.¹; Torres Júnior, R. A. A.²; Nieto, L. M.³;

¹ Mestranda em Produção Animal da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande - MS

² Pesquisador da EMBRAPA Gado de Corte. Campo Grande – MS

³ Professor do curso de Zootecnia da Universidade Católica dom Bosco, Campo Grande – MS.

RESUMO

A taxa de aproveitamento de animais para a comercialização como touros é um importante quesito na produção de bovinos de corte juntamente com as características atualmente avaliadas, pois ambas estão ligadas a retorno econômico da atividade. A avaliação conjunta destas características impõe alguns desafios como o emprego do modelo de limiar adequado para características binárias, a estimação do controle genético da característica taxa de aproveitamento e sua relação com as demais, além do comportamento desta quando avaliada em machos e fêmeas. Para gerar essas informações foram utilizados dados de peso aos 120 dias, peso aos 240 dias, ganho pós-desmama, perímetro escrotal ao 365 dias, escores de funcionalidade, escore de tipo, bem como dados de aptidão de machos e fêmeas de 7129 animais de um rebanho da raça Caracu avaliados de 2003 a 2011. Foi feita uma análise multicaracterística com o modelo touro utilizando o programa THRGIBBS1F90. Foram geradas 1.100.000 amostras com *burn in* de 100.000 e amostragem a cada 10. Os valores de herdabilidade para aptidão a venda como touro e aptidão a incorporação no plantel como matriz foram moderados e semelhantes ($0,3164 \pm 0,0827$ e $0,3256 \pm 0,0782$) entre os sexos. A correlação entre essas é alta (0,9023) e a correlação delas com as demais características tem magnitude semelhante entre os sexos, sendo mais forte com os escores de funcionalidade e tipo. Isto indica a avaliação e o uso desta característica como uma só envolvendo a aptidão de animais dos dois sexos.

Palavras chave: Amostrador de Gibbs, características produtivas, herdabilidade, reprodutores

ABSTRAT

The rate of exploitation of animals for marketing as bulls is an important item in the production of beef cattle along with features currently evaluated as both are linked to economic return activity. The evaluation of these features poses some challenges as the use of threshold model suitable for binary features, the estimation of genetic control feature utilization rate and its relationship with the other, and this behavior when evaluated in males and females. To generate this information was used weight data at 120 days, weight at 240 days post-weaning gain, scrotal circumference at 365 days, scores of functionality, score type, and fitness data from 7129 male and female animals a flock Caracu evaluated from 2003 to 2011. We conducted a multivariate analysis with the sire model using the program THRGIBBS1F90. 1.100.000 samples were generated with 1.100.000 burn-in and sampling every 10. Heritability estimates for suitability for sale as bull or incorporation into the breeding herd were moderate and similar ($0,3164 \pm 0,0827$ and $0,3256 \pm 0,0782$) between the sexes. The correlation between these is high (0.9023) and correlated them with the other characteristics have similar magnitude between the sexes, being stronger with the scores of functionality and type. This indicates the evaluation and use of this feature as one involving the ability of animals of both sexes.

Key words: Breeding, Gibbs sampler, heritability, productive traits

1. Introdução

Em rebanhos de seleção de bovinos de corte, um importante quesito é a taxa de aproveitamento dos animais nascidos para a comercialização como reprodutor, pois está fortemente ligada a lucratividade do negócio

. Para que o animal seja aproveitado, o reprodutor deverá ser saudável, em condições de acasalar e, principalmente, não ter nenhuma doença transmissível pela cópula. Deve ser analisado, quando possível, o pedigree do animal.

A seleção dos reprodutores também deve ser de acordo com o seu valor genético. O valor genético não pode ser observado ou medido diretamente, por isso a seleção deve basear-se em variáveis que possam ser medidas e estatisticamente relacionadas com o valor genético.

Desta maneira, é importante avaliar a estimação e controle genético desta característica, sua relação com as características produtivas atualmente avaliadas, além de seu comportamento quando avaliadas em machos e fêmeas.

Para isso, deve-se empregar o modelo estatístico adequado para características binárias, sendo o modelo de limiar o mais indicado, pois, o ele baseia-se na suposição de que as classes de dados categóricos estão relacionadas a um delineamento de uma escala subjacente normal (GIANOLA & SORENSEN, 2002).

O objetivo do presente estudo foi estimar os parâmetros genéticos de características ligadas à taxa de aproveitamento de animais como reprodutores em programa de melhoramento e sua associação com características produtivas atualmente avaliadas com o auxílio do modelo de limiar em um rebanho da raça Caracu.

2. Material e Métodos

Os dados foram coletados no período de 2003 a 2011, provenientes do rebanho da fazenda Arinos, localizada no município de Diamantino-MT que detém um projeto de Certificado Especial de Identificação e Produção (CEIP) chamado Taurino Tropical registrado pelo Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Os dados de 2003 e 2011 não foram utilizados nas análises pois em 2003 foi o primeiro ano de implantação do projeto de avaliação dos animais e em 2011 ainda não se tinha concluído a avaliação.

Foram utilizados dados de pesos ajustados aos 120 dias (P120) e aos 240 dias (P240), perímetro escrotal aos 365 dias (PE), e dados de ganho de peso pós-desmama (GPD) e escores de funcionalidade e tipo por meio de escores de 1 a 6 de animais da raça Caracu.

Os dados de ganhos pós-desmama foram obtidos através do cálculo de ganho de peso dos intervalos de peso aos 240 dias e 365 dias, e de 365 dias e 550 dias. A avaliação de escore para funcionalidade representa um conjunto de características que incluem: aprumos, locomoção, vivacidade, dimorfismo sexual. A avaliação de escore para tipo representa o conjunto de características que avaliam a harmonia entre desenvolvimento de musculatura, acabamento de gordura subcutânea e estrutura da carcaça.

A estação de monta foi de novembro a fevereiro, sendo que os animais de cada estação foram divididos em dois lotes de manejo conforme a data de nascimento, utilizando o dia 15 de outubro como ponto de corte.

Ao sobreano, os animais foram avaliados quanto a sua aptidão para venda como touro ou para incorporação no rebanho de matrizes, sendo que aqueles que tiveram alguma característica inaceitável tanto de desempenho, reprodução, funcionalidade ou tipo, foram considerados inaptos e excluídos da lista dos animais candidatos a receber CEIP. Isto foi feito tanto para os machos quanto para as fêmeas, sendo que o rigor aplicado nos machos é maior havendo uma flutuação anual, mas em média apenas 36% dos machos são considerados aptos, enquanto nas fêmeas este número está próximo de 63% (Tabela 1).

Tabela 1. Porcentagem de animais aptos e inaptos a comercialização com touros ou incorporação ao rebanho de matrizes no período de 2004 a 2010.

Machos								
	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	Total
Aptos	57%	25%	43%	35%	40%	34%	26%	36%
Inaptos	43%	75%	57%	65%	60%	66%	74%	64%
Fêmeas								
	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	Total
Aptos	79%	55%	56%	46%	61%	72%	69%	63%
Inaptos	21%	45%	44%	54%	39%	28%	31%	37%

A variável discreta aptidão foi definida como 0 para os animais inaptos e 1 para animais que sobreviveram até a avaliação e foram considerados aptos. Sendo consideradas características diferentes a aptidão observada nos machos e fêmeas.

Foram eliminados animais que não tem dados e não tem informação do arquivo de pedigree, e criados grupos contemporâneos consistindo no grupo de animais do mesmo sexo, nascidos no mesmo ano, época de nascimento, e que tinham sido mantidos em condições semelhantes de alimentação e manejo até a avaliação.

- **Modelo de Análise**

Os dados foram analisados sob o modelo multicaracterístico de touro que incluiu o efeito fixo de grupo contemporâneo (GC), o efeito genético aditivo direto do touro como aleatório e como covariáveis fixas, a idade da vaca ao parto modificada (ivpm) e idade do animal dentro do grupo contemporâneo (idgc). Cada característica seguiu o modelo:

$$Y_{ijkl} = C + GC_i + b_{1j} \cdot iv1_1 + b_{2j} \cdot iv2a_1 + b_{3j} \cdot iv2b_1 + b_{4j} \cdot iv2c_1 + d_i \cdot idgc_k + t_k + e_{ijkl}$$

em que,

Y_{ijkl} é o vetor de observações;

C é o efeito comum para todas as observações;

GC_i é o efeito de grupo de contemporâneos i , formado por animais do mesmo sexo, nascidos no mesmo ano e na mesma época, sendo que a época 1 consiste no período de 01 de agosto a 15 de outubro e a época 2 de 16 de outubro a 31 de dezembro;

$b_{1j}, b_{2j}, b_{3j}, b_{4j}$ são os coeficientes de regressão linear para as covariáveis do modelo idade da vaca ao parto, para animais do sexo j ;

$iv1_i, iv2a_i, iv2b_i$ e $iv2c_i$ são as covariáveis para o ajustar o efeito da idade da vaca ao parto do animal l (ivp_l) por meio de polinômios segmentados quadráticos com dois nós equidistantes para o efeito de idade da vaca ao parto entre 2 e 14 anos, onde:

$$ivpm_l = \frac{\text{Máximo}[\text{Mínimo}(ivp_l, 2), 14] - 2}{12}$$

$$ivp_{l1} = ivpm_l$$

$$iv2a_i = (ivpm_l)^2$$

$$iv2b_i = [\text{Máximo}(ivpm_l - 1/3, 0)]^2$$

$$iv2c_i = [\text{Máximo}(ivpm_l - 2/3, 0)]^2$$

d_i é o coeficiente de regressão linear para o efeito de idade como desvio de grupo contemporâneo, para o grupo contemporâneo i ;

$Idcg_l$ é a idade do animal como desvio do centro de grupo de contemporâneos, definido como 15 de setembro para época 1 e 15 de novembro para época 2 de nascimento;

$$t_k \text{ é o efeito genético aditivo aleatório do touro } k, \text{ onde } t = \begin{bmatrix} t_1 \\ t_2 \\ t_3 \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ t_n \end{bmatrix} \sim \text{MVN}(0, A^*)$$

σ_t^2), onde A^* é a matriz de parentesco com informação de touro e avô materno.

σ_t^2 é a variância de touros sendo que $\sigma_t^2 = \frac{1}{4} \sigma_a^2$, onde

σ_a^2 é a variância genética aditiva da característica.

e_{ijkl} é o resíduo associado a observação do animal l , filho do touro k , do sexo j e nascido no grupo de contemporâneo i , onde

$e_{ijkl} \sim \text{i.i.d. } N(0, \sigma_e^2)$ em que σ_e^2 é a variância dentro de famílias de meio irmão $\sigma_e^2 = \frac{3}{4}\sigma_a^2 + \sigma_\varepsilon^2$ em que σ_ε^2 é a variância ambiental.

Os parâmetros genéticos foram estimados por inferência Bayesiana, utilizando-se o programa Thrgibbs1f90 (MISZTAL et al., 2002). Para as análises foram utilizadas cadeias de 1.100.000 ciclos com descarte (*burn-in*) de 100.000 ciclos e retirada amostral a cada 10 ciclos. Os critérios de avaliação de convergência e as médias, o desvio padrão, limite inferior e superior e erro de Monte Carlo da distribuição *a posteriori* foram calculadas com a ajuda do programa Postgibbsf90 desenvolvido por S. Tsuruta (MISZTAL et al., 2002). O critério de convergência utilizado foi o número efetivo da amostra de no mínimo 20.

Obteve-se a média e desvio padrão *a posteriori* dos parâmetros de herdabilidade e correlação genética e residual, esse valores foram obtidos para cada amostra do amostrador de Gibbs.

3. Resultados e Discussão

Os resultados das médias, medianas, desvio padrão, limite superior e inferior como um limite de credibilidade *a posteriori*, tamanho efetivo da amostra e erro de Monte Carlo estão apresentados nas tabelas do anexo.

As estimativas de herdabilidade foram de média a alta magnitude para as características (Tabelas 4 e 5).

Para as características ligadas a aptidão, tanto de machos quanto de fêmeas, os valores estimados neste trabalho apontam que essas características possuem variação genética que foram de 0,3164 e 0,3256 e são suficientes para serem incluídas em programas de melhoramento genético, pois a seleção dessas características ligadas à taxa de aproveitamento, devem resultar em progresso genético.

Tabela 2. Estimativas das médias da herdabilidade (diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações residuais (abaixo da diagonal) entre as características produtivas avaliadas.

	APTm	APTf	P120	P240	GPD	Func	Tipo	PE
APTm	0,3164	0,9023	0,6365	0,6314	0,5392	0,8197	0,9130	0,0525
APTf	NE	0,3256	0,5430	0,4400	0,6113	0,8085	0,9233	0,0885
P120	0,2555	0,2587	0,1964	0,9310	0,3531	0,6667	0,5510	0,2599
P240	0,3038	0,3700	0,7528	0,2046	0,3977	0,6244	0,4728	0,2406
GPD	0,5392	0,3839	-0,0105	-0,1015	0,2570	0,5900	0,5021	0,2302
Func	0,4230	0,3115	0,0958	0,1405	0,2704	0,2550	0,7125	0,1211
Tipo	0,4501	0,3720	0,1734	0,2228	0,3646	0,3970	0,2284	-0,0429
PE	0,4915	NE	0,4360	0,4615	0,2630	0,2631	0,2177	0,4190

APTm= aptidão de macho à venda como touro, APTf= aptidão de fêmea a incorporação no plantel de matrizes, P120= peso aos 120 dias, P240= peso aos 240 dias, GPD= ganho de peso pós desmama, Func.= funcionalidade e PE= perímetro escrotal, NE= não estimável.

Tabela 3. Estimativas dos desvios-padrão da herdabilidade (diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações residuais (abaixo da diagonal) entre as características produtivas avaliadas.

	APTm	APTf	P120	P240	GPD	Func	Tipo	PE
APTm	0,0827	0,0464	0,1268	0,1163	0,1303	0,0824	0,0475	0,1774
APTf	NE	0,0782	0,1459	0,1555	0,1275	0,0884	0,0423	0,1633
P120	0,0565	0,0571	0,0415	0,0272	0,1442	0,1020	0,1282	0,1547
P240	0,0555	0,0560	0,0125	0,0417	0,1379	0,1054	0,1340	0,1547
GPD	0,0575	0,0723	0,0423	0,0448	0,0534	0,1071	0,1214	0,1451
Func	0,0597	0,0741	0,0414	0,0404	0,0411	0,0526	0,0857	0,1489
Tipo	0,0546	0,0649	0,0376	0,0371	0,0372	0,0353	0,0514	0,1559
PE	0,1024	NE	0,0559	0,0570	0,0631	0,0663	0,0662	0,0818

APTm= aptidão de macho à venda como touro, APTf= aptidão de fêmea a incorporação no plantel de matrizes, P120= peso aos 120 dias, P240= peso aos 240 dias, GPD= ganho de peso pós desmama, Func.= funcionalidade e PE= perímetro escrotal, NE= não estimável.

Os valores das estimativas para as características P120 e P240 apresentadas neste trabalho indicam que diferenças genéticas entre os indivíduos são responsáveis, em parte, pela variação nas características e que o fenótipo constitui uma boa indicação

do genótipo do animal. Assim, a seleção para P120 e P240, baseada no desempenho do próprio indivíduo, pode proporcionar progresso genético para características.

Garnero et al. (2001), que estimaram os parâmetros genéticos para características de pesos padronizados de animais da raça Nelore, obtiveram valores semelhante de 0,19 para P120 e inferior para P240 que foi de 0,19. Pereira et al. (2006), estimaram os parâmetros genéticos de características de crescimento em animais da raça Caracu e obtiveram valores de herdabilidade de 0,11 e 0,13 para P120 e P240 respectivamente. Os autores argumentam que a utilização dessas características como critério de seleção trará progresso genético lento, pois sofrem muita influência do ambiente materno. As menores magnitudes de herdabilidade observadas para os pesos no pré-desmama indicam maior influência de outras fontes, como efeito materno, que não foi incluído na análise, mas sua magnitude não é tão baixa quanto as relatadas por Pereira et al. (2006).

Os coeficientes de herdabilidade para GPD, funcionalidade e tipo foram de média magnitude.

As estimativas para GPD foram inferiores as reportadas por Pereira et al. (2006), que analisaram os parâmetros genéticos de características de crescimento de animais da raça Caracu, e para a característica de ganho diário do desmame ao sobreano obtiveram uma estimativa de 0,31, mas isso se deve ao fato dos machos serem provenientes de confinamento, o que lhes proporciona maior controle ambiental. Já para as fêmeas, que foram submetidas a regime de pastagem, Pereira et al. (2006) obtiveram uma estimativa de 0,13 para ganho diário da desmama ao sobreano que foram inferiores aos encontrados neste trabalho.

Estimativas dos parâmetros genéticos para funcionalidade são escassas na literatura, contudo os valores encontrados para característica de tipo foram superiores aos reportados por Costa et al. (2008) que avaliaram escores visuais de animais da raça Brangus, onde seus valores foram entre 0,15 e 0,17. No entanto, os valores foram próximos ao encontrado por Wenceslau et al. (2010) que obtiveram uma herdabilidade de 0,25 para conformação frigorífica ao sobreano.

Os resultados indicam uma possibilidade de ganho genético por meio de seleção para ganho de peso pós desmama, funcionalidade e tipo.

A estimativa de herdabilidade do PE foi alta, o que indica que a característica é responsiva à seleção e que há uma maior garantia de que o desempenho individual prediz o valor genético do animal. São relatados na literatura valores de 0,22, 0,36 , 0,38 para animais das raças Nelore-Angus, Nelore e Caracu respectivamente (GARNERO et. al., 2001; BOLIGON et. al., 2006; MATTAR et.al., 2007).

Na literatura disponível não foram localizados estudos que abordam sobre taxa de aproveitamento de animais com reprodutores e suas correlações com características produtivas, dificultando a comparação com os resultados apresentados.

A correlação genética entre APTm e APTf estimada é alta e demonstra que há uma associação genética favorável e forte entre essas características, ou seja, elas são determinadas, em grande parte, pelos mesmos conjuntos de genes de ação aditiva e que a seleção de uma trará simultaneamente o ganho genético para a outra. Portanto, ao se verificar que um touro produz vários filhos considerados aptos a serem vendidos como reprodutores, há uma grande possibilidade de que suas filhas também sejam consideradas aptas a serem incorporadas no plantel de matrizes.

As correlações genéticas entre APTm e APTf com as características produtivas P120, P240, GPD, funcionalidade e tipo foram de média a alta, sendo que as mais pertinentes associadas com aptidão de animais como reprodutores são as de funcionalidade e tipo. Os resultados atestam que os animais com melhores desempenhos produtivos durante as avaliações foram aproveitados como reprodutores. De uma forma geral, as correlações das diferentes medidas com aptidão foram semelhantes para machos e fêmeas.

As correlações genéticas entre APTm e APTf com PE foram de baixa magnitude, indicando que mesmo que o animal apresente uma medida de perímetro escrotal elevado, não necessariamente este será apto a ser aproveitado como touro ou ser incorporado no plantel de matrizes.

Em geral as correlações genéticas de PE com as demais características produtivas foram de baixa magnitude, sendo que os maiores valores estimados de correlação genética foram encontrados para P120 e P240, porém isso indica que parte

dos genes responsáveis por maior perímetro escrotal não é responsável por maiores pesos nos períodos iniciais na vida do animal.

A correlação genética entre P120 e P240 foi alta (0,9310) indicando que parte dos genes responsáveis por maiores pesos aos 120 dias são responsáveis por maiores pesos aos 240 dias. Isso sugere que animais geneticamente superiores ao P120 deverão em grande parte ser superiores também aos P240 dias, além de permitir uma possível redução do número de pesagens e a seleção dos animais em idades mais jovens.

A magnitude semelhante de herdabilidade para APTm e APTf, sua alta correlação genética e magnitude semelhante de correlação com as demais características indicam que aptidão pode ser avaliada como uma característica única em machos e fêmeas sem grande perda de informação.

4. Conclusões

As características ligadas à aptidão de machos e fêmeas tem controle genético que permite a obtenção de ganho de seleção e podem ser avaliadas como uma só característica nos dois sexos. As características que tem associação mais forte com a aptidão são as de funcionalidade e de tipo.

5. Referencias Bibliográficas

BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N.; WEBER, T. et al. S. Herdabilidades para ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal ao sobreano e tendências genética e fenotípica para ganho de peso da desmama ao sobreano em bovinos Nelore-Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1323-1328, 2006.

CAMPOS, W. E.; Manejo reprodutivo em gado de corte. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005. 54 p.

COSTA, G. Z.; QUEIROZ, S. A.; OLIVEIRA, J. A.; FRIES, L. A. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de escores visuais e de ganho médio de peso de nascimento a desmama de bovinos formadores da raça Brangus. **ARS Veterinária**, Jaboticabal, SP, v.24, n.3, 172-176, 2008.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.S.C. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006, v.2, 586 p.

GARNERO, A. V.; LOBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N. Comparação entre alguns critérios de seleção para crescimento na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 30(3): 714-718, 2001.

GARNERO, A. V.; MUÑOS, M. C. C. D.; MARCONDES, C. et al. Estimação de parâmetros genéticos entre pesos pré e pós desmama na raça Nelore. **Archivos de Zootecnia**, 59 (226): 307-310. 2010.

GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. **Genetics Selection Evolution**, v.15, p.201-224, 1983.

MATTAR, M.; OLIVEIRA, J. A.; MEIRELLES, S. L.; QUEIROZ, S. A. Efeitos genéticos e ambientais sobre o perímetro escrotal de animais da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.6, p.2010-2015, 2007.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T. et al. Blup90 and related programs. In: Proc. 7th World Congr. Appl. Livest. Prod., 2002, Montpellier, France. Commun. No. 28-07, 2002.

PEREIRA, M. C.; MERCADANTE, M. E. Z.; ALBUQUERQUE, L. G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características de crescimento em um rebanho Caracu selecionado para peso ao sobreano. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1669-1676, 2006.

SILVA, J.A.V.; ELER, J.P.; FERAZ, J.B.S. et al. Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.3, p.598-604, 2003.

SORENSEN, D.A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D.; KORSGAARD, I. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, v.27, p.229-249, 1995.

SORENSEN, D. A.; GIANOLA, D. Likelihood, bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics: Statistics for Biology and Health. New York: Springer, 2002. 494-740 p.

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

WENCESLAU, R. R.; VALENTE, B. D.; FELIPE, V. P. S. et al. Estimaco de herdabilidade de conformaco frigorfica à desmama de animais Nelore utilizando modelos lineares e de limiar. In: VIII Simpsio Brasileiro de Melhoramento Animal. **Anais...** Maring [s.n.]: 2010. (Resumo).

Anexo

Tabela 4. Tamanho efetivo da amostra, médias, desvio-padrão e região de alta densidade *a posteriori* e erro de Monte Carlo dos componentes de variância das características avaliadas para efeito de touro.

Variável 1	Variável 2	Tamanho Efetivo da Amostra	Média a Posteriori	Desvio Padrão a Posteriori	Região de Alta Dens. a Post.		Erro de Monte Carlo
					Limite Inferior	Limite Superior	
Efeito de Touro							
APTm	APTm	74,5	0,0864	0,0264	0,0347	0,1381	0,0031
APTm	APTf	148	0,0791	0,0228	0,0342	0,1239	0,0019
APTm	P120	190	0,6651	0,2042	0,2648	1,0654	0,0147
APTm	P240	142,9	0,9683	0,3087	0,3631	1,5735	0,0258
APTm	GPD	34,3	1,0273	0,3875	0,2676	1,7869	0,0661
APTm	Func.	887,8	0,0569	0,0154	0,0268	0,0871	0,0005
APTm	Tipo	412	0,0681	0,0186	0,0316	0,1046	0,0009
APTm	PE	53,5	0,0139	0,0463	-0,0769	0,1048	0,0063
APTf	APTf	75,5	0,0891	0,0241	0,0419	0,1363	0,0028
APTf	P120	51,9	0,5807	0,2153	0,1587	1,0028	0,0298
APTf	P240	53,2	0,6871	0,3043	0,0906	1,2834	0,0417
APTf	GPD	40,3	1,1852	0,4031	0,3952	1,9753	0,0635
APTf	Func.	169,9	0,0572	0,0153	0,0272	0,0873	0,0012
APTf	Tipo	1633	0,0699	0,0176	0,0355	0,1044	0,0004
APTf	PE	59,7	0,0231	0,0436	-0,0624	0,1087	0,0056
P120	P120	13900,4	12,7850	2,8300	7,2386	18,3320	0,0240
P120	P240	22440	17,349	3,8252	9,8513	24,8460	0,0255
P120	GPD	9912,7	8,2041	3,9295	0,5022	15,9060	0,0394
P120	Func.	3432,9	0,5665	0,1539	0,2647	0,8683	0,0026
P120	Tipo	743,2	0,5021	0,1669	0,1752	0,8297	0,0061
P120	PE	9851	0,8122	0,5339	-0,2344	1,8588	0,0054
P240	P240	7221,1	27,1470	5,8109	15,7580	38,5370	0,0683
P240	GPD	9215,6	13,4460	5,6938	2,2856	24,6050	0,0593
P240	Func.	1097,6	0,7747	0,2222	0,3393	1,2102	0,0067
P240	Tipo	529,1	0,6308	0,2413	0,1577	1,1038	0,0104
P240	PE	736,3	1,0975	0,7694	-0,4105	2,6056	0,0283
GPD	GPD	468,8	41,8620	9,3333	23,5690	60,1550	0,4301
GPD	Func.	1111,4	0,9093	0,2781	0,3643	1,4544	0,0083
GPD	Tipo	731,8	0,8327	0,3065	0,2319	1,4335	0,0113
GPD	PE	8687,1	1,2965	0,8917	-0,4512	3,044	0,0095
Func.	Func.	1300,6	0,0564	0,0126	0,0316	0,0816	0,0003
Func.	Tipo	775,1	0,0432	0,0123	0,0193	0,0672	0,0004
Func.	PE	1165,1	0,0251	0,3175	-0,0371	0,0874	0,0009
Tipo	Tipo	930,5	0,0649	0,0161	0,0334	0,0964	0,0005
Tipo	PE	305,3	-0,0088	0,0347	-0,0769	0,0596	0,0020
PE	PE	959,2	0,7383	0,1596	0,4254	1,0512	0,0051

APTm= aptidão de macho à venda como touro, APTf= aptidão de fêmea a incorporação no plantel de matrizes, P120= peso aos 120 dias, P240= peso aos 240 dias, GPD= ganho de peso pós desmama, Func.= funcionalidade e PE= perímetro escrotal.

Tabela 5. Tamanho efetivo da amostra, médias, desvio-padrão e região de alta densidade *a posteriori* e erro de Monte Carlo dos componentes de variância das características avaliadas para resíduo.

Variável 1	Variável 2	Tamanho Efetivo da Amostra	Média a Posteriori	Desvio Padrão a Posteriori	Região de Alta Dens. a Post.		Erro de Monte Carlo
					Limite Inferior	Limite Superior	
Resíduo							
APTm	APTm	100000	1	0,0748	0,8533	1,1467	0,0002
APTm	P120	765	5,1784	0,4245	4,3463	6,0104	0,0153
APTm	P240	607,1	8,2823	0,6240	7,0591	9,5054	0,0253
APTm	GPD	390,1	13,2690	1,0985	11,1160	15,422	0,0556
APTm	Func.	356	0,4669	0,0397	0,3891	0,5447	0,0021
APTm	Tipo	480,2	0,5681	0,0426	0,4847	0,6516	0,0019
APTm	PE	952,3	0,8884	0,0843	0,7231	1,0536	0,0273
APTf	APTf	96189,3	1,0010	0,0268	0,9484	1,0537	0,0000
APTf	P120	1234	4,9543	0,4260	4,1193	5,7894	0,0121
APTf	P240	1005,4	8,5650	0,6249	7,3401	9,7900	0,0197
APTf	GPD	197,1	10,7940	0,9762	8,8809	12,7080	0,0695
APTf	Func.	153,6	0,3895	0,0371	0,3166	0,4623	0,0029
APTf	Tipo	171,4	0,5097	0,0348	0,4415	0,5779	0,0026
P120	P120	99143,7	247,0900	4,4441	238,3800	225,8000	0,0141
P120	P240	96645,9	275,3300	5,6977	264,1600	286,5000	0,0183
P120	GPD	96877,9	21,527	5,3384	11,0640	31,9900	0,0171
P120	Func.	95188,8	2,8353	0,2014	2,4406	3,2300	0,0006
P120	Tipo	95641,1	3,8588	0,2303	3,4074	4,3102	0,0007
P120	PE	39318,4	15,1140	0,7599	13,6240	16,6030	0,0038
P240	P240	95388,2	502,5700	9,0694	484,7900	520,3400	0,0293
P240	GPD	96900,4	-4,9759	7,6179	-19,970	9,9552	0,0245
P240	Func.	96697,8	4,6781	0,2898	4,1102	5,2461	0,0009
P240	Tipo	96206,9	6,1759	0,3303	5,5285	6,8234	0,0011
P240	PE	25074,9	22,3450	1,0731	20,0140	24,4480	0,0067
GPD	GPD	98263,9	608,1300	16,845	575,1100	641,1500	0,0537
GPD	Func.	98014,2	7,5580	0,4805	6,6163	8,4998	0,0015
GPD	Tipo	89849,4	9,9961	0,5604	8,4998	11,0950	0,0018
GPD	PE	16546,7	15,5490	1,2299	11,0950	17,9590	0,0095
Func.	Func.	93799,9	0,7940	0,0192	0,7879	0,8635	0,0000
Func.	Tipo	85452,8	0,4031	0,0189	0,3938	0,4682	0,0000
Func.	PE	1786,8	0,4074	0,0519	0,4027	0,6061	0,0012
Tipo	Tipo	83298	1,0280	0,0255	1,0185	1,1187	0,0000

Tipo	PE	2496,8	0,2720	0,0594	0,2652	0,4982	0,0012
PE	PE	88033,1	5,9210	0,5485	5,2130	7,3630	0,0018

APT_m= aptidão de macho à venda como touro, APT_f= aptidão de fêmea a incorporação no plantel de matrizes, P120= peso aos 120 dias, P240= peso aos 240 dias, GPD= ganho de peso pós desmama, Func.= funcionalidade e PE= perímetro escrotal.