

EDSON VINÍCIUS COSTA

**MODELOS BAYESIANOS MULTICARACTERÍSTICOS PARA DADOS
CENSURADOS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS
REPRODUTIVAS EM BOVINOS NELORE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2017

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

Costa, Edson Vinícius, 1988-

C837m
2017

Modelos bayesianos multicaracterísticos para dados censurados na avaliação genética de características reprodutivas em bovinos nelore / Edson Vinícius Costa. – Viçosa, MG, 2017. ix, 31f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Paulo Sávio Lopes.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Bovinos - Melhoramento genético. 2. Genética animal. 3. Nelore (Bovino). 4. Reprodução animal. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Zootecnia. Programa de Pós-graduação em Zootecnia. II. Título.

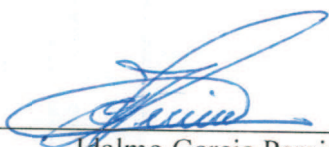
CDD 22 ed. 636.20821

EDSON VINÍCIUS COSTA

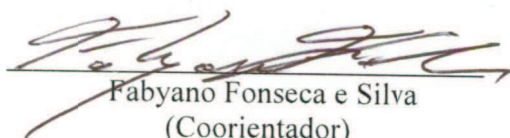
**MODELOS BAYESIANOS MULTICARACTERÍSTICOS PARA DADOS
CENSURADOS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS
REPRODUTIVAS EM BOVINOS NELORE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

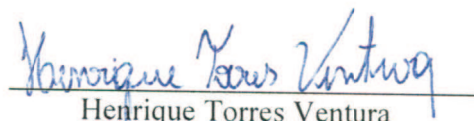
APROVADA: 31 de agosto de 2017.



Idalmo Garcia Pereira


Camila Ferreira Azevedo

Fabyano Fonseca e Silva
(Coorientador)


Henrique Torres Ventura
(Coorientador)
Paulo Sávio Lopes
(Orientador)

Aos meus pais José Geraldo e Marli.
À Francine, grande companheira.
Ao meu filho Miguel, pelo sentido da vida.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo, pois sem ele nada é possível.

À Francine e ao Miguel, pelo carinho, apoio, fonte de inspiração e estímulo quando o cansaço tentava me fazer desistir.

Aos meus pais José Geraldo e Marli, pelo exemplo de vida, dedicação e por tantas vezes deixarem de lado seus sonhos para que o meu e de minhas irmãs se tornassem realidade.

Às minha irmãs e a toda minha família pelo apoio e incentivo.

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pelos ensinamentos, pela orientação, pela amizade, pela confiança e apoio.

Ao professor Fabyano Fonseca e Silva, pela amizade, pelo aconselhamento, pelo incentivo e pelas críticas e sugestões.

Ao Dr. Henrique Torres Ventura, por todas as contribuições no desenvolvimento desse trabalho.

À professora Camila Ferreira Azevedo e ao professor Idalmo Garcia Pereira, pela disponibilidade em participar da banca examinadora e sugestões que contribuíram para aprimorar este trabalho.

A professora Renata Veroneze, pela amizade, pelas sugestões e incentivo.

Ao professor Leonardo Lopes Bering, pelo exemplo de pessoa e profissional e por todos os ensinamentos.

Aos amigos de Viçosa e da graduação, pela amizade e incentivo.

À todos amigos da “Salinha” (Laboratório de Informática – Melhoramento Animal), do Laboratório de Biometria, da Granja de Melhoramento de Suínos, da Granja de Melhoramento de Aves e do Grupo de Melhoramento em Caprinos pelos momentos de aprendizado, trabalho e descontração.

Aos amigos que Uberaba me presenteou, pessoas que estarão sempre em meus pensamentos e orações.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade e ensinamentos.

À Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), pela disponibilização dos dados para a realização deste trabalho.

À todas as pessoas que tive o prazer de conhecer durante a minha jornada em Viçosa.

À todos, os meus sinceros agradecimentos.

BIOGRAFIA

Edson Vinícius Costa, filho de José Geraldo Costa e Marli Assis Costa, natural de Viçosa, Estado de Minas Gerais, nasceu em 25 de janeiro de 1988. Em março de 2007, iniciou o curso de Agronomia, na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, onde foi bolsista de iniciação científica, por alguns anos, no Departamento de Zootecnia, orientado pelo Prof. Paulo Sávio Lopes. Em janeiro de 2012, graduou-se em Agronomia na Universidade Federal de Viçosa. Em março de 2012, iniciou o Mestrado no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa e obteve o título de *Magister Scientiae* em fevereiro de 2014. Em março de 2014, iniciou o Doutorado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, tendo transferido em janeiro de 2017 na mesma instituição para o Programa de Pós-graduação em Zootecnia. Submeteu-se ao exame final de defesa de tese em 31 de agosto de 2017 para obtenção do título de *Doctor Scientiae* em Zootecnia.

SUMÁRIO

RESUMO	vi
ABSTRACT.....	viii
INTRODUÇÃO GERAL	1
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	3
CAPÍTULO 1.....	5
ANÁLISES MULTICARACTERÍSTICAS LINEAR-LINIAR BAYESIANAS PARA IDADE AO PRIMEIRO PARTO E <i>STAYABILITY</i> CONSIDERANDO INFORMAÇÕES CENSURADAS.....	6
RESUMO	6
INTRODUÇÃO.....	7
MATERIAL E MÉTODOS	8
RESULTADOS.....	11
DISCUSSÃO.....	13
CONCLUSÕES	15
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	15
CAPÍTULO 2.....	19
ANÁLISES MULTICARACTERÍSTICAS BAYESIANAS PARA ESCOLHA DE CRITÉRIO DE SELEÇÃO PARA EFICIÊNCIA REPRODUTIVA EM BOVINOS NELORE.....	20
RESUMO	20
INTRODUÇÃO	21
MATERIAL E MÉTODOS	22
RESULTADOS.....	24
DISCUSSÃO.....	26
CONCLUSÃO	27
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	27
CONCLUSÕES GERAIS	31

RESUMO

COSTA, Edson Vinícius, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2017. **Modelos Bayesianos multicaracterísticos para dados censurados na avaliação genética de características reprodutivas em bovinos Nelore.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Coorientadores: Fabyano Fonseca e Silva e Henrique Torres Ventura.

As características reprodutivas estão entre as mais importantes no sistema produtivo de carne bovina, dentre elas, a idade ao primeiro parto (IPP) é de fácil mensuração e não onera o sistema produtivo para a sua obtenção. Todavia, esta característica apresenta herdabilidade de baixa magnitude, uma das razões, pode ser o fato de serem analisadas apenas informações de fêmeas consideradas férteis no momento da avaliação. Registros de fêmeas que não apresentam fenótipo devido a falhas reprodutivas, erro de manejo ou por registros inconsistentes são denominados censurados e não são analisados na avaliação genética ao utilizar modelos tradicionais. Alguns estudos têm sugerido a inclusão das informações censuradas para evitar distorções nas inferências e melhoria na predição dos valores genéticos. Outra característica reprodutiva importante economicamente para o sistema produtivo é *stayability* (STAY), esta característica tem relação direta com custos anuais de reposição de vacas, logo, quanto maior o custo, mais importante se torna a característica. Assim como IPP, STAY apresenta herdabilidade de baixa magnitude, além disso, sua observação fenotípica é obtida tardiamente. O perímetro escrotal (PE) é uma característica de fácil e precoce mensuração e apresenta associação fenotípica favorável com aspectos da qualidade do sêmen. Estudos têm apontado PE como importante critério de seleção para precocidade sexual em ambos os sexos. No primeiro capítulo o objetivo foi analisar metodologias para tratamento de dados censurados sob enfoque Bayesiano e compará-las através da validação cruzada e analisar a influência das informações censuradas de idade ao primeiro parto (IPP) nas estimativas de parâmetros genéticos para IPP e STAY. Foram utilizados dados reprodutivos de fêmeas (STAY e IPP) e genealogia da raça Nelore oriundos da região Centro-Oeste armazenados na Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). Os dados foram analisados utilizando quatro diferentes modelos: Modelo linear – limiar (MLL), Modelo linear – limiar – limiar (MLLL), Modelo de penalização - limiar (MPL) e Modelo de penalização modificado - limiar (MPML). A capacidade preditiva de cada modelo foi verificada através de validações cruzadas utilizando como população de validação os animais mais jovens com ambos os pais conhecidos e informações fenotípicas de IPP. Foram analisadas na população de validação as correlações de Person entre os valores genéticos preditos com e sem as informações fenotípicas. Além disso, foram calculadas as porcentagens de animais em comum selecionados nos diferentes percentis 1% e 10%. Em geral, as médias a

posteriori das estimativas de herdabilidades para IPP e STAY foram de baixa magnitude e variaram de 0,02 (MPL e MPML) a 0,07 (MLL) para IPP e de 0,09 (MLL, MPL e MPML) a 0,016 (MLLL) para STAY. As correlações genéticas estimadas entre as características IPP e STAY variaram de -0,23 a -0,51, sendo a correlação de maior magnitude observada no modelo MPML. O maior coeficiente de correção entre os valores genéticos preditos para a população de validação com e sem o fenótipo foi obtido no modelo MLL (0,89) e o menor no MPML (0,76). Em ambos os percentis, as maiores concordâncias foram observadas entre os modelos MLL e MLLL. A inclusão de informações censuradas na análise de idade ao primeiro parto acarretou aumento das variâncias residuais. As correlações genéticas entre as características analisadas não foram substancialmente influenciadas. Além disso, o modelo linear sem considerar censura dos dados obteve a melhor capacidade preditiva, sendo este o modelo recomendado para avaliação genética de idade ao primeiro parto. No segundo capítulo, objetivou-se estimar parâmetros genéticos para as características reprodutivas idade ao primeiro parto (IPP), *stayability* (STAY) e perímetro escrotal aos 365 dias de idade (PE365) a fim de sugerir critérios de seleção para eficiência reprodutiva em bovinos Nelore. Os dados da raça Nelore foram provenientes do Serviço de Registro Genealógico das Raças Zebuínas da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) oriundos da região Centro-Oeste, sendo eles, 66.986 registros de PE365, 374.665 registros de IPP e 385.225 registros de STAY. Os componentes de (co)variâncias foram estimados por meio da Inferência Bayesiana via modelo animal bicaracterístico linear para as características PE365 e IPP, para as características PE365 e STAY e para IPP e STAY, foi utilizado modelo bicaracterístico linear-limiar, de forma que o limiar diz respeito a característica binária STAY. Também foram calculadas as eficiências relativas da seleção indireta (ERS) entre as características analisadas. As estimativas (médias *a posteriori*) das herdabilidades foram de 0,29, 0,08 e 0,09 para PE365, IPP e STAY, respectivamente. A característica PE365 apresentou correlações genéticas favoráveis com IPP e STAY (-0,45 e 0,12, respectivamente), assim como a correlação entre IPP e STAY (-0,32). As eficiências relativas da seleção indireta mostraram que a seleção para qualquer uma das características ocasionaria mudanças favoráveis nas outras, entretanto, a seleção indireta mostrou-se mais eficiente que a direta para IPP (ERS = 1,87) quando selecionou-se para PE365. Com base nas herdabilidades e correlações genéticas estimadas para as características estudadas, pode-se concluir que o perímetro escrotal aos 365 dias de idade apresentou-se como potencial critério de seleção para desempenho reprodutivo da raça Nelore.

ABSTRACT

COSTA, Edson Vinicius, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2017. **Multi-trait Bayesian models for censored data in genetic evaluation of reproductive traits in Nellore cattle.** Advisor: Paulo Sávio Lopes. Co-advisors: Fabyano Fonseca e Silva and Henrique Torres Ventura.

Reproductive performance are among the most important traits in beef cattle production system. Some of these traits such as age at first calving (AFC) are easy to measure and the data collection do not increase production cost. However, AFC show low heritability probably because the fact that only information from females considered fertile at the time of evaluation are analyzed. Records of females that do not have phenotype due to reproductive failures, management error or inconsistent records are denominated censored. These information are not included in the genetic evaluation analysis using traditional models. Some studies have been suggested the inclusion of censored information in the genetic evaluation to avoid distortions in inferences and improve the prediction of breeding values. Another reproductive trait economically important to the productive system is stayability (STAY), which is directly associated with annual cost of cow replacement. Thus, the higher the replacement cost, more important STAY trait becomes. As well as IPP, STAY shows low heritability. In addition, their phenotypic observation is obtained late. The scrotal circumference (SC) is a trait of easy and early measurement. Moreover, it shows a favorable phenotypic association with semen quality traits. Studies have been pointed SC as an important selection criterion for sexual precocity in both sexes. In the first chapter of this thesis, the aim was compare models for handle with censored records through Bayesian Inference and analyze the influence of age at first calving (AFC) censored records in the estimative of genetic parameters for AFC and stayability (STAY). The data and pedigree of Nellore cattle from Central-West region of Brazil stored by Brazilian Association of Zebu Breeders were used in the analysis. Four models were evaluated: Linear-threshold model (LTM), penalty-threshold model (PTM), modified penalty-threshold model (MPTM) and linear-threshold-threshold model (LTTM). The predictive capacity of the models were compared using cross-validation. The validation population was composed by the youngest individuals with both parents known and phenotyped for AFC. Pearson correlations between predict breeding values of the validation population with and without phenotypic information were computed. In addition, the percentages of common animals selected in the percentiles 1% and 10% were calculated. In general, posteriori means estimates of heritability for AFC presented low magnitude and ranged from 0.02 (PTM and NPTM) to 0.07 (LTM), as well as the heritability estimates for STAY (0.09 to 0.16). The genetic correlations between

AFC and STAY ranged from -0.23 to -0.51 and the highest correlation was observed in the NPTM. The highest Pearson correlation in the cross validation was observed for LTM (0.89) and the lowest in MPTM (0.76). The higher concordance in both percentiles were observed between LTM and LTTM. The inclusion of censored information in the genetic evaluation of age at first calving increased the residual variances. Genetic correlations between traits analyzed were not substantially influenced by the inclusion of censored data. In addition, the linear model without considering censored data had the best predictive capacity, thus this model is recommended for genetic evaluation of age at first calving. In the second chapter, we aimed to estimate genetic parameters for the reproductive traits age at first calving (AFC), stayability (STAY) and scrotal circumference at 365 days of age (SC365) in order to suggest a selection criteria for reproductive efficiency in Nellore cattle. The data set was provided by Brazilian Association of Zebu Breeders and included data from Central-West region of Brazil. The data was composed by 66,986 records of SC365, 374,665 records of AFC and 385,225 records of STAY. The variance components were estimated using Bayesian Inference. A bi-trait linear animal model was used for SC365 and AFC, whereas for SC365 and STAY and for AFC and STAY it was used a bi-trait linear-threshold animal model, in which the threshold relates to the binary trait STAY. The relative efficiency of indirect selection (RES) among all traits were calculated. The heritabilities estimates were 0.29, 0.08 and 0.09 for SC365, AFC and STAY, respectively. The genetic correlations between SC365 and AFC and between SC365 and STAY were favorable (-0,45 and 0,12, respectively), as well as the correlation between AFC and STAY (-0,32). The relative efficiency of indirect selection showed that selection for any trait would lead to favorable changes in the others. However, the indirect selection was more efficient than direct selection for AFC when selecting in SC365 (RES = 1,87). Based on the heritability and genetic correlations estimates, we can conclude that scrotal circumference at 365 days of age is a potential selection criteria for reproductive performance in Nellore breed.

INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil tem o maior rebanho comercial de bovinos do mundo com aproximadamente 209 milhões de cabeças. Cerca de 80% do rebanho é composto por animais de raças zebuínas (*Bos indicus*), que são animais de comprovada adaptabilidade produtiva aos ambientes predominantes no Brasil. Dentre estas raças, pode-se destacar a Nelore, com 90% desta parcela por ser um animal extremamente adaptado às condições brasileiras, tanto ao ambiente quanto ao sistema de produção (ABIEC, 2015). Entretanto, o tardio início a reprodução de fêmeas zebuínas são um dos principais fatores de aumento dos custos de produção na cadeia produtiva (Costa et al., 2015).

O objetivo principal de um programa de melhoramento genético animal é dar suporte necessário para seleção de animais geneticamente superiores que serão utilizados como pais da próxima geração o que proporciona alteração no mérito genético do rebanho. O intrínseco conhecimento de cada característica é essencial para se definir o tipo de análise a ser conduzida, a fim de que a inferência realizada sob cada animal seja o mais próximo possível do real.

A idade ao primeiro parto (IPP), segundo Azevêdo et al. (2006) é uma característica de fácil mensuração e está relacionada à longevidade potencial da fêmea. A redução da idade ao primeiro parto reflete em aumento do progresso genético e da lucratividade do sistema de produção por afetar significativamente a produtividade do rebanho pela sua influência na produção de bezerros durante a vida útil da matriz, possibilitando uma maior intensidade de seleção e reduzindo o intervalo de geração (Yokoo et al., 2012). Porém, IPP é uma característica sujeita às influências do manejo reprodutivo, já que a maioria dos produtores pré determina a idade ou o peso como condição para o início da vida reprodutiva (Costa et al., 2015).

Quando se trabalha com IPP, são analisadas apenas fêmeas consideradas férteis, ou seja, aquelas que foram mensuradas, além disso, é necessário que essas informações passem pelo processo de consistência, as demais informações apresentam-se como dados censurados, logo, parte da variação existente para a característica não pode ser estimada (Dias et al., 2004). As amostras são, usualmente, viesadas o que pode contribuir para mascarar a variabilidade da característica e as diferenças genéticas existentes entre os animais.

Alguns métodos têm sido usados para lidar com a censura nas avaliações. Dentre estes, o método de penalização trata o registro censurado de IPP como uma informação verdadeira após adicionar uma penalidade de 21 dias, a qual corresponderia a um ciclo estral (Johnston e Bunter, 1996). Outra alternativa é o uso do modelo linear-limiar, que inclui uma característica binária indicadora do estado de censura a uma característica contínua (Hou et al., 2009).

As características reprodutivas têm se tornado importantes alvos de seleção em programas de melhoramento genético devido seu impacto econômico no sistema de produção (Formigoni et al., 2005). De acordo com Brumatti et al. (2011), essas características são até 13 vezes mais importantes economicamente que as características de crescimento. Geralmente, a escolha desses alvos são baseados na sua importância econômica. Entretanto, quando a característica alvo é de baixa herdabilidade, são de difícil mensuração e/ou medidas tardiamente, estabelecer um critério de seleção pode ser uma importante estratégia para atingir maiores ganhos genéticos.

Os principais pontos que devem ser analisados para estabelecer uma característica como um critério de seleção são facilidade e precisão da mensuração e a idade para obtenção da medida. Buscam-se características mensuradas mais precocemente, que consigam imprimir maior intensidade de seleção e que sejam geneticamente correlacionadas com a característica de interesse.

Nesse contexto, o perímetro escrotal (PE) é uma das características mais utilizadas como critério de seleção para melhorar a eficiência reprodutiva em gado de corte, principalmente por ser de fácil e precoce mensuração e por apresentar magnitude de herdabilidade média a alta (Silva et al., 2011). Além disso, PE apresenta associação genética favorável com outras características reprodutivas.

A característica *stayability* (STAY), definida como a probabilidade da vaca parir pelo menos três vezes até 76 meses de idade, é tida como uma característica economicamente importante no sistema de produção. Essa característica tenta refletir o potencial de uma vaca retornar os custos de crescimento e manutenção por meio do número de bezerros que ela produz (Maiwashe et al., 2009). Por ser uma característica categórica, a pressuposição de normalidade exigida na análise clássica via metodologia linear é claramente violada (Gianola e Foulley, 1983). Assim, a Inferência Bayesiana torna-se uma ferramenta estatística flexível para ajustar a complexidade dos dados biológicos sob análise (Sorensen e Gianola, 2002).

Objetivou-se nesse estudo analisar metodologias para tratamento de dados censurados sob enfoque bayesiano e compará-las através da validação cruzada e analisar a influência das informações censuradas de idade ao primeiro parto nas estimativas de parâmetros genéticos. Além disso, estimar parâmetros genéticos para as características reprodutivas idade ao primeiro parto, *stayability* e perímetro escrotal aos 365 dias de idade a fim de sugerir critérios de seleção para eficiência reprodutiva em bovinos Nelore.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABIEC – Rebanho bovino brasileiro. Disponível em: <http://www.abiec.com.br/3_rebanho.asp>. Acesso em 15 março de 2017.

AZEVÊDO, D.M.M.R.; FILHO, R.M.; LÔBO, R.N.B.; et al. Desempenho reprodutivo de vacas nelore no norte e nordeste do brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 3, p. 988–996, 2006.

BRUMATTI, R.C.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; et al. Desenvolvimento de índice de seleção em gado corte sob o enfoque de um modelo bioeconômico. **Archivos de zootecnia**, v.60, p.205-213, 2011.

COSTA, R.B.; CAMARGO, G.M.F.; DIAZ, I.D.P.S.; et al. Genome-wide association study of reproductive traits in Nellore heifers using Bayesian inference. **Genetics Selection Evolution**. v.47, n.67, 2015.

DIAS, L.T.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeito da idade de exposição de novilhas à reprodução sobre estimativas de herdabilidade da idade ao primeiro parto em bovinos Nelore. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária Zootecnia**, v.56, n.3, p.370-373, 2004.

FORMIGONI, I.B.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, J.A.IV.; et al. Valores econômicos para habilidade de permanência e probabilidade de prenhez aos 14 meses em bovinos de corte. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.2, p.220-226, 2005.

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

HOU, Y.; MADSEN, P.; LABOURIAU, R.; et al. Genetic analysis of days from calving to first insemination and days open in Danish Holsteins using different models and censoring scenarios. **Journal of Dairy Science**. v.92, n.3, p.1229-1239, 2009.

JOHNSTON, D.J.; BUNTER, K.L. Days to calving in Angus cattle: genetic and environmental effects, and covariances with other traits. **Livestock Production Science**, v.45, p.13-22, 1996.

MAIWASHE, A.N.; BRADFIELD, M.J.; THERON, H.E.; et al. Analysis of stayability in South African Angus cattle using a threshold model. **South African Journal of Animal Science**. v.39, p.55–60, 2009.

SILVA, M.R.; PEDROSA, V.B.; SILVA, J.C.B.; et al. Testicular traits as selection criteria for young Nellore bulls. **Journal of Animal Science**. v.89, p.2061–2067, 2011.

SORENSEN, D.; GIANOLA, D. Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics. **Springer**, New York, 2002.

YOKOO, M.J.; MAGNABOSCO, C.U.; ROSA, G.J.M.; et al. Características reprodutivas e suas associações com outras características de importância econômica na raça Nelore. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecia**. v. 64, n. 1, p. 91-100, 2012.

Capítulo 1

Análises multicaracterísticas linear-limiar bayesianas para idade ao primeiro parto e *stayability* considerando informações censuradas

RESUMO: Objetivou-se analisar metodologias para tratamento de dados censurados sob enfoque bayesiano, compara-las através da validação cruzada e analisar a influência das informações censuradas de idade ao primeiro parto (IPP) nas estimativas de parâmetros genéticos para IPP e *stayability* (STAY). Os dados foram analisados utilizando quatro diferentes modelos: Modelo linear – limiar (MLL), Modelo linear – limiar – limiar (MLLL), Modelo de penalização - limiar (MPL) e Modelo de penalização modificado - limiar (MPML). Em geral, as médias *a posteriori* das estimativas de herdabilidades para IPP e STAY foram de baixa magnitude e variaram de 0,02 (MPL e MPML) a 0,07 (MLL) para IPP e de 0,09 (MLL, MPL e MPML) a 0,16 (MLLL) para STAY. As correlações genéticas estimadas entre as características IPP e STAY variaram de -0,23 a -0,51, sendo a correlação de maior magnitude observada no modelo MPML. O maior coeficiente de correção entre os valores genéticos preditos para a população de validação com e sem o fenótipo foi obtido no modelo MLL (0,89) e o menor no MPML (0,76). A inclusão de informações censuradas na análise de idade ao primeiro parto acarretou o aumento das variâncias residuais. As correlações genéticas entre as características analisadas não foram substancialmente influenciadas. Além disso, o modelo linear sem considerar censura dos dados obteve a melhor capacidade preditiva, sendo este o modelo recomendado para avaliação genética de idade ao primeiro parto.

Palavras chave: dados censurados, modelo de limiar, Nelore, validação cruzada

INTRODUÇÃO

As raças zebuínas são as mais utilizadas em regiões tropicais por sua maior adaptabilidade ao clima e resistência a parasitas quando comparadas com as raças taurinas. Entretanto, fêmeas zebuínas são mais tardias em relação ao início da vida reprodutiva, o que gera aumento do custo de produção (Costa et al., 2015).

Programas de melhoramento genético de gado corte são direcionados principalmente para melhoria das características de desempenho, entretanto, características reprodutivas têm se tornado alvo de seleção devido seu impacto econômico no sistema de produção (Formigoni et al., 2005). Dentre as características reprodutivas, *stayability* (STAY), probabilidade da vaca parir pelo menos três vezes até 76 meses de idade, é considerada uma característica economicamente relevante (Van Melis et al., 2007). STAY está diretamente associada à rentabilidade do sistema de produção, sendo que de acordo com Formigoni et al. (2005), ela está relacionada ao custo de aquisição de novilhas, de forma que quanto maior o gasto com reposição, maior é a sua relevância econômica. No entanto, esta característica é medida tardiamente, o que reduz o progresso genético por unidade de tempo. Além disso, ela é definida como categórica (sucesso ou fracasso), o que conduz a ausência de normalidade, e consequentemente à utilização de modelos mais complexos para avaliações genéticas (Cavani et al., 2015).

A idade ao primeiro parto (IPP) é a característica reprodutiva mais utilizada para avaliar a fertilidade em bovinos de corte (Boligon et al., 2010), por não exigir custos extras para sua obtenção e por estar relacionada com precocidade sexual (Dias et al., 2004). De acordo com Short et al. (1994), novilhas prenhes mais jovens geram retorno do investimento em menor tempo, prolongam a vida reprodutiva e aumentam o número de bezerros por vaca.

Contudo, a seleção direta para IPP não é simples por esta característica ser de baixa herdabilidade (Boligon et al., 2010; Boligon e Albuquerque, 2011). Além disso, é uma característica muito influenciada pelo manejo reprodutivo, uma vez que criadores podem pré determinar a idade ou o peso como condição para o início da vida reprodutiva.

Na análise de IPP são desconsiderados dados de animais que ainda não estão em reprodução, ou tem seus dados excluídos por erros de registro, ou por atraso na comunicação de parto no momento da avaliação genética, dados esses chamados de censurados. De acordo com Guo et al. (2001), a avaliação genética sem incorporar as informações censuradas pode conduzir a distorções na inferência e na classificação dos animais. Portanto, a utilização dessas

amostras usualmente viesadas podem mascarar a variabilidade genética entre animais, além da associação genética com outras características.

Apesar de serem pouco utilizados em programas de melhoramento no Brasil, diversos métodos foram propostos para tratamento de dados censurados. Johnston e Bunter (1996) propuseram o Método de Penalização que consiste em adicionar uma constante de 21 dias à última informação disponível para atribuir um valor para os indivíduos que falharam em obter o registro para a característica. Outra abordagem é o uso do modelo linear-limiar, que trata da inclusão de uma característica binária indicadora do estado de censura à característica idade ao primeiro parto (Donoghue et al., 2004).

Neste contexto, a Inferência Bayesiana apresenta-se como uma importante ferramenta estatística, pois possibilita a análise multicaracterística contemplando características discretas e/ou contínuas sob o enfoque das equações de modelos mistos (Sorensen e Gianola, 2002).

Diante do exposto, objetivou-se aplicar modelos para tratamento de dados censurados sob enfoque bayesiano e compará-los por meio da validação cruzada para a obtenção de parâmetros genéticos das características *stayability* e idade ao primeiro parto de fêmeas Nelore.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados reprodutivos de *stayability* (STAY) e idade ao primeiro parto (IPP) de fêmeas da raça Nelore nascidas entre 1991 e 2009 oriundas da região Centro-Oeste (Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Distrito Federal), além do arquivo de genealogia dos animais, armazenados no Serviço de Registro Genealógico das Raças Zebuínas da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ).

A característica STAY foi definida como a probabilidade da vaca parir pelo menos três vezes até 76 meses de idade (Ventura et al., 2016). Vacas que atingiram o critério receberam 1 como indicativo de sucesso e caso contrário, 0, indicando fracasso. Foram utilizados dados de comunicações de cobertura para que fosse atribuído fracasso somente à vacas que de fato tiveram oportunidade de ficar prenhes. IPP foi definida como o intervalo de dias entre o nascimento e a primeira parição das vacas.

Os grupos de contemporâneos (GC) foram definidos pela combinação das informações de rebanho, ano e estação de nascimento para ambas as características. A fim de melhorar a estrutura dos dados, GC com menos de três animais foram eliminados da análise. Registros de IPP acima ou abaixo de 3 desvios padrão da média do grupo de contemporâneos foram considerados como dados censurados, para STAY foram eliminados da análise GC com todos

os animais da mesma categoria (0 ou 1). Após análise de consistência, permaneceram para serem analisados 385.225 observações de STAY e 132.709 observações de IPP, em que 120.300 são informações não censuradas e 12.409 censuradas.

Os dados foram analisados utilizando 4 diferentes modelos, que estão descritos a seguir.

Modelo linear – limiar (MLL)

No modelo MLL foram analisados apenas dados de IPP não censurados e STAY utilizando modelo bicaracterístico, o qual pode ser representado da seguinte forma:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{l} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_y & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_l \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_y \\ \boldsymbol{\beta}_l \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_y & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_l \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_y \\ \mathbf{a}_l \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_y \\ \mathbf{e}_l \end{bmatrix},$$

em que \mathbf{y} é o vetor de observações de IPP; \mathbf{l} é o vetor na escala subjacente de observação de STAY; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos sistemáticos; \mathbf{a} é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; \mathbf{e} é o vetor de resíduos; e \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência relacionadas a $\boldsymbol{\beta}$ e \mathbf{a} , respectivamente.

Assumiu-se, *a priori*, que $\boldsymbol{\beta}$ segue distribuição uniforme $P(\boldsymbol{\beta}) \propto \text{constante}$; $\mathbf{a}|\boldsymbol{\Sigma}_a \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{A} \otimes \boldsymbol{\Sigma}_a)$, sendo \mathbf{A} é a matriz do numerador dos coeficientes de parentesco dos animais e $\boldsymbol{\Sigma}_a$ a matriz de (co)variâncias genéticas aditivas; e $\mathbf{e}|\boldsymbol{\Sigma}_e \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I} \otimes \boldsymbol{\Sigma}_e)$ em que \mathbf{I} e $\boldsymbol{\Sigma}_e$ são a matriz identidade e a matriz de (co)variâncias residuais, respectivamente. A distribuição Wishart Invertida foi definida *a priori* para $\boldsymbol{\Sigma}_a$ e $\boldsymbol{\Sigma}_e$.

De acordo com Van Melis et al. (2007) a resposta STAY pode ser modelada com a seguinte distribuição:

$$f(\mathbf{y}|\mathbf{l}) = \prod_{i=1}^n f(y_i|l_i) = \prod_{i=1}^n [(l_i < \tau)I(y_i = 0) + (l_i > \tau)I(y_i = 1)],$$

em que τ é o limiar que define as duas categorias de resposta.

Modelo linear – limiar – limiar (MLLL)

Uma análise tricaracterística foi realizada considerando como característica contínua os dados de IPP não censurados, um vetor binário indicador de censura em IPP e um vetor da característica STAY. De acordo com Huo et al. (2009), ao utilizar um vetor indicador do estado de censura como uma característica correlacionada melhora a acurácia das estimativas dos parâmetros genéticos e a predição dos valores genéticos dos animais. Este modelo pode ser representado da seguinte forma:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{lc} \\ \mathbf{ls} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_y & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_{lc} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{X}_{ls} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_y \\ \boldsymbol{\beta}_{lc} \\ \boldsymbol{\beta}_{ls} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_y & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_{lc} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{Z}_{ls} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_y \\ \mathbf{a}_{lc} \\ \mathbf{a}_{ls} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_y \\ \mathbf{e}_{lc} \\ \mathbf{e}_{ls} \end{bmatrix},$$

em que \mathbf{y} é o vetor de observações da característica IPP; \mathbf{lc} e \mathbf{ls} são vetores na escala subjacente de estado de censura e de observação de STAY, respectivamente. As matrizes \mathbf{X} e \mathbf{Z} , e os vetores $\boldsymbol{\beta}$, \mathbf{a} , já foram previamente definidos no modelo MLL.

Modelo de penalização - limiar (MPL)

O modelo MPL é similar ao MLL, tratando-se também de uma análise bicaracterística incluindo IPP e STAY. Contudo, no MPL as informações de IPP censuradas receberam uma penalização de 21 dias adicionada ao maior valor de IPP não censurado observado dentro do grupo de contemporâneas (Johnston e Bunter, 1996), desta forma, o vetor de observações \mathbf{y} para IPP possui informações de fêmeas com dados censurados e não censurados.

Modelo de penalização modificado - limiar (MPML)

O modelo MPML é similar ao MPL, porém nesse modelo para as informações de IPP censuradas foram atribuídos o valor da média de IPP não censurado do grupo de contemporâneas.

Uma descrição completa dos dados é apresentada na tabela 1.

Tabela1. Estatísticas descritivas dos dados *stayability* (STAY) e de idade ao primeiro parto (IPP) considerando a censura.

Característica	Média	DP	Mín.	Máx.	% Sucesso
IPP não censurado (meses)	37,65	4,20	21,58	48,99	-
IPP com penalização (meses)	43,02	3,99	27,85	49,69	-
IPP com penalização modificada (meses)	37,60	3,48	24,64	48,70	-
STAY	-	-	0	1	26,29

DP: Desvio padrão; Mín: Mínimo; Máx: Máximo.

Foram considerados os efeitos sistemáticos de grupos de contemporâneos e classes de idades da mãe no momento do parto como covariáveis para IPP.

O *software* THRGIBBS1F90 (Misztal et al., 2014) foi utilizado para estimar os componentes de variância. Foram consideradas 600.000 iterações, sendo que as primeiras 150.000 iterações foram descartadas. A cada 10 iterações uma amostra foi mantida com o objetivo de eliminar as autocorrelações geradas na simulação. Assim, 45.000 amostras foram utilizadas para realizar as inferências *a posteriori*. A convergência foi verificada por meio dos

critérios de Geweke (Geweke, 1992) e Heidenberg e Welch (Heidenberg & Welch, 1983), ambos implementados no pacote boa (Smith, 2005) do software R (R Foundation for Statistical Computing, Viena, Áustria).

Comparação dos modelos

Para avaliar a capacidade preditiva de cada modelo, foram excluídos os dados dos 2.900 animais mais jovens (do último ano considerado) com informação fenotípica para IPP e com ambos os pais conhecidos (população de validação). Os dados de treinamento foram caracterizados por todas as informações fenotípicas disponíveis em cada modelo. Foram calculadas as correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos para os animais da população de validação com e sem as informações fenotípicas utilizando cada modelo. Além disso, as porcentagens de animais em comum selecionados nos diferentes percentis 1% e 10% melhores avaliados para IPP em cada método foram calculadas e comparadas.

RESULTADOS

A inclusão de informações censuradas para a característica idade ao primeiro parto foi analisada sob diferentes modelos para avaliação genética de fêmeas Nelore. As estimativas de componentes de variância e herdabilidades e seus respectivos intervalos de maior densidade *a posteriori* para IPP e STAY são descritas na Tabela 2.

Em geral, as médias *a posteriori* das estimativas de herdabilidade para IPP foram de baixa magnitude. A maior estimativa de herdabilidade para IPP foi observada no modelo MLL (0,07) em que foram utilizadas na análise apenas informações não censuradas, enquanto que os modelos MPL e MPML tiveram as menores médias *a posteriori* para as estimativas do mesmo parâmetro (0,02).

As estimativas de variâncias genéticas aditivas observadas para IPP nos modelos MPL e MPML foram bem próximas, assim como as obtidas nos modelos MLL e MLLL. O efeito da inclusão de informações censuradas de IPP foi mais pronunciado nas estimativas das variâncias residuais, uma vez que as mesmas foram superiores nos modelos MPL, MPML e MLLL se comparadas as estimadas utilizando o modelo MLL.

As médias *a posteriori* das estimativas de herdabilidades para STAY foram de baixa magnitude nos modelos MLL, MPL e MPML (0,09), entretanto a média para o mesmo parâmetro estimado no modelo MLLL foi superior (0,16).

Tabela2. Médias *a posteriori* e intervalos de maior densidade *a posteriori* (95%) das variâncias aditivas e residuais, herdabilidades e correlação genética para as características idade ao primeiro parto (IPP) e *stayability* (STAY) nos diferentes modelos.

Modelo	Característica	σ^2_a	σ^2_e	h^2	r_G
		0,19	2,65	0,07	
MLL	IPP	(0,15; 0,24)	(2,60; 2,69)	(0,05; 0,08)	-0,46
	STAY	(0,08; 0,12)	(1,00; 1,02)	(0,08; 0,10)	(-0,58; -0,34)
MPML	IPP	(0,08; 0,15)	(5,48; 5,60)	(0,01; 0,03)	-0,42
	STAY	(0,09; 0,12)	(1,00; 1,02)	(0,08; 0,10)	(-0,54; -0,28)
MPL	IPP	(0,07; 0,12)	(4,18; 4,27)	(0,02; 0,03)	-0,51
	STAY	(0,09; 0,12)	(1,00; 1,02)	(0,08; 0,10)	(-0,63; -0,39)
MLLL	IPP	(0,14; 0,19)	(2,97; 3,06)	(0,04; 0,06)	-0,22
	STAY	(0,10; 0,32)	(1,00; 1,02)	(0,09; 0,24)	(-0,35; -0,16)

MLL: Modelo linear – limiar; MPML: Modelo de penalização modificado – limiar; MPL: Modelo de penalização – limiar; MLLL: Modelo linear – limiar – limiar

As correlações genéticas estimadas entre as características IPP e STAY variaram de -0,22 a -0,51, sendo a correlação de maior magnitude observada no modelo MPL.

A capacidade preditiva de cada modelo foi verificada por meio da abordagem de validação cruzada em que foram obtidas as correlações entre os valores genéticos preditos para a população de validação com e sem o fenótipo, além disso, foram analisados os mesmos valores por meio da análise regressão, em que obtiveram-se os coeficientes de regressão e o coeficiente de determinação da regressão (Tabela 3). A maior correlação foi obtida no modelo MLL (0,89) e a menor no MPML (0,76). O coeficiente de regressão mais próximo da unidade foi observado no MLL e nesse modelo observou-se também o maior coeficiente de determinação.

Tabela 3. Correlação e erro padrão da correlação (entre parênteses), coeficiente de regressão (β_1) e coeficiente de determinação (R^2) entre os valores genéticos preditos com e sem fenótipo da população de validação.

Modelo	Correlação	β_1	R^2
MLL	0,89 (0,01)	1,006	0,9671
MPL	0,77 (0,00)	0,986	0,8482
MPML	0,76 (0,01)	1,013	0,8185
MLLL	0,81 (0,01)	1,008	0,8255

MLL: Modelo linear – limiar; MPL: Modelo de penalização – limiar; MPML: Modelo de penalização modificado – limiar; MLLL: Modelo linear – limiar – limiar

Na Tabela 4 são apresentados os percentuais de animais em comum selecionados nos diferentes modelos a partir dos valores genéticos preditos, considerando os percentis 1 e 10% dos melhores animais para IPP. A concordância entre os modelos analisados de animais em comum selecionados para o percentil 1% variou de 13,14 (MPL e MLLL) a 65,63% (MLL e MLLL), um aumento na porcentagem de concordância foi observado para os 10% dos melhores animais se comparada ao percentil 1%, variando de 42,14 (MPL e MLLL) a 76,58% (MLL e MLLL). Em ambos os percentis as menores concordâncias foram observadas ente os modelos MPL e MLLL e as maiores entre MLL e MLLL.

Tabela 4. Porcentagem de animais em comum selecionados entre os modelos para o 1% (acima da diagonal) e 10% (abaixo da diagonal) dos melhores animais avaliados para IPP

Modelo	MLL	MPL	MPML	MLLL
MLL	–	18,14	50,63	65,63
MPL	49,93	–	36,34	13,14
MPML	66,92	68,48	–	36,63
MLLL	76,58	42,14	57,37	–

MLL: Modelo linear – limiar; MPL: Modelo de penalização – limiar; MPML: Modelo de penalização modificado – limiar; MLLL: Modelo linear – limiar – limiar

DISCUSSÃO

Analisou-se, no presente estudo, o efeito da inclusão de informações censuradas de IPP na estimação de parâmetros genéticos utilizando quatro diferentes modelos, em análises multicaracterísticas com STAY.

Em geral, a inclusão das informações censuradas de IPP levaram a superestimação das variâncias residuais se comparadas as obtidas em MLL, o qual continha apenas informações

não censuradas. Donoghue et al. (2004) ao analisarem dados simulados em diferentes cenários de censura de observações de dias para o parto de fêmeas Angus, observaram tendência de incremento da variância residual passando de 415,7 para 440,0 com aumento de 12 para 20% de informações censuradas na análise utilizando o modelo de penalização.

De acordo com Hou et al. (2009), a superestimação das variâncias residuais em modelos que consideram a censura pode ser atribuída principalmente as informações com valores excedentes aos limites superiores. O modelo MPML corrobora esta afirmativa, uma vez que nesse modelo as informações censuradas receberam o valor da média de cada respectivo grupo de contemporâneos, e mesmo assim foi observada a superestimação da variância em questão.

Maiores médias *a posteriori* para a variância genética aditiva e para a herdabilidade e menor para variância residual obtida em MLL se comparada às estimadas em MPL são concordantes com os resultados obtidos por Garcia et al. (2016). A média *a posteriori* da estimativa de herdabilidade para IPP no modelo MLL foi bem próxima a obtida por Pereira et al. (2011) (0,08), entretanto, Garcia et al. (2016) obtiveram estimativas de herdabilidades superiores para os modelos linear, de penalização e linear-limiar (0,18, 0,12 e 0,17, respectivamente) se comparadas com as do presente estudo.

As herdabilidades estimadas para cada modelo foram de baixa magnitude, indicando reduzido ganho por seleção. Podem ser observados na Tabela 1 altas médias fenotípicas para IPP, o que indica que há pouca seleção para precocidade ou que existe forte influência de manejo nessa raça. O manejo de estação de monta influencia substancialmente a captura de variabilidade genética para precocidade de fêmeas, principalmente para as primeiras fêmeas nascidas na estação de nascimento que são comparadas com as últimas contemporâneas com um prejuízo de até 90 dias. Outro fato importante que se deve levar em conta ao se desafiar as novilhas é a definição da época mais apropriada para a entrada em reprodução dessas fêmeas, visto que envolve uma série de particularidades, especialmente ambientais (Yokoo et al., 2012).

As médias *a posteriori* das estimativas de herdabilidade para STAY obtidas neste estudo nos diferentes modelos em análise conjunta com IPP foram de baixa magnitude. Herdabilidades de maiores magnitudes (0,19 e 0,22) na raça Nelore foram reportadas por Eler et al. (2014) e Silva et al. (2006), respectivamente. Van Melis et al. (2007) recomendam a seleção para STAY, contudo, sugerem atenção no uso deste critério para não haver grande aumento no intervalo de geração, visto que trata-se de uma característica medida tardiamente.

A inclusão de informações censuradas na análise não influenciou substancialmente as correlações genéticas entre IPP e STAY, exceto para MLLL. Estimativa, de maior magnitude

foi reportada por Eler et al. (2014) (-0,60) para a raça Nelore, entretanto, ambos os trabalhos utilizaram uma amostra menos numerosa se comparada a utilizada no presente trabalho. Os resultados obtidos sugerem que a seleção para redução da idade ao primeiro parto não resultaria em significativas respostas correlacionadas na probabilidade da vaca parir pelo menos três vezes até 76 meses de idade.

As correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos dos indivíduos da população de validação com e sem fenótipos utilizando os modelos linear (MLL), com penalização (MPL), não penalizado (MPML) e linear-limiar (MLLL) foram de alta magnitude. Os coeficientes de regressão obtidos regredindo os valores genéticos preditos da população de validação com fenótipo em função dos valores preditos da mesma população excluindo os fenótipos foram todos próximos da unidade, com coeficientes de determinação de magnitude elevada. Logo, capacidade preditiva de todos os modelos analisados foram satisfatórias, entretanto, nos modelos em que as informações censuradas foram consideradas houve ligeira redução das correlações, coeficientes de regressão e coeficientes de determinação.

A porcentagem de animais em comum selecionados evidenciou elevada reordenação dos animais ao se utilizar diferentes modelos, principalmente entre os 1% dos melhores animais avaliados para IPP. Logo, a escolha da metodologia pode ter grande efeito na identificação dos melhores animais nessa população.

Malhado et al. (2013) sugerem o uso de metodologias para utilização de informações censuradas para idade ao primeiro parto em situações em que os dados são comprometidos, entretanto, o presente estudo indica cautela no uso das metodologias de tratamentos de censura a ser incorporada nas análises.

CONCLUSÕES

As correlações genéticas entre as características analisadas não foram substancialmente influenciadas pela inclusão das informações censuradas. Além disso, o modelo linear sem considerar censura dos dados obteve a melhor capacidade preditiva, sendo este o modelo recomendado para avaliação genética de idade ao primeiro parto.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z.; et al. Study of relations among age at first calving, average weight gains and weights from weaning to maturity in Nelore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.746-751, 2010.

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Genetic parameters and relationships of heifer pregnancy and age at first calving with weight gain, yearling and mature weight in Nelore cattle. **Livestock Science**, v.141, p.12–16, 2011.

CAVANI, L.; GARCIA, D.A.; CARREÑO, L.O.D.; et al. Estimates of genetic parameters for reproductive traits in Brahman cattle breed. **Journal of Animal Science**, v.93, p.3287-3291, 2015.

COSTA, R.B.; CAMARGO, G.M.F.; DIAZ, I.D.P.S.; et al. Genome-wide association study of reproductive traits in Nelore heifers using Bayesian inference. **Genetics Selection Evolution**. v.47, n.67, 2015.

DIAS, L.T.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeito da idade de exposição de novilhas à reprodução sobre estimativas de herdabilidade da idade ao primeiro parto em bovinos Nelore. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária Zootecnia**, v.56, n.3, p.370-373, 2004.

DONOGHUE, K.A.; REKAYA, R.; BERTRAND, J.K. Comparison of methods for handling censored records in beef fertility data: Simulation study. **Journal of Animal Science**. v.82, n.2, p.351-356, 2004.

ELER, J.P.; BIGNARDI, A.B.; FERRAZ, J.B.S.; et al. Genetic relationships among traits related to reproduction and growth of Nelore females. **Theriogenology**, v.82, p.708-714, 2014.

FORMIGONI, I.B.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, J.A.IV.; et al. Valores econômicos para habilidade de permanência e probabilidade de prenhez aos 14 meses em bovinos de corte. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.2, p.220-226, 2005.

GARCIA, D.A.; ROSA, G.J.; VALENTE B.D.; et al. Comparison of models for the genetic evaluation of reproductive traits with censored data in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.94, n.6, p.2297- 306, 2016.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M. (Ed.). **Bayesian Statistics 4**. Oxford: Oxford University Press, 1992. p.169-193.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, p.1109-1144, 1983.

GUO, S-F.; GIANOLA, D.; REKAYA, R.; et al. Bayesian analysis of lifetime performance and prolificacy in Landrace sows using a linear mixed model with censoring. **Livestock Production Science**. v.72, p.243–252, 2001.

HOU, Y.; MADSEN, P.; LABOURIAU, R.; et al. Genetic analysis of days from calving to first insemination and days open in Danish Holsteins using different models and censoring scenarios. **Journal of Dairy Science**. v.92, p.1229-39, 2009.

JOHNSTON, D.J.; BUNTER, K.L. Days to calving in Angus cattle: genetic and environmental effects, and covariances with other traits. **Livestock Production Science**, v.45, p.13-22, 1996.

MALHADO, C.H.M.; MALHADO, A.C.M.; MATINS FILHO, R.; et al. Age at first calving of Nelore cattle in the semi-arid region of northeastern Brazil using linear, threshold, censored and penalty models. **Livestock Science**, v.154, p 28–33. 2013.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENÇO, D.; et al. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Athens: University of Georgia, 2014.

PEREIRA, M.C.; YOKOO, M.J.; BIGNARDI, A.B.; et al. Altura da garupa e sua associação com características reprodutivas e de crescimento na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.613-620, 2011.

SILVA, J.A.IV.; FORMIGONI, I.B.; ELER, J.P.; et al. Genetic relationship among stayability, scrotal circumference and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock science**, v.99, p.51-59, 2006.

SMITH, B.J. **Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1 user's manual**. 2005. 43p. Disponível em: <<http://www.public-health.uiowa.edu/boa/boa.pdf>>. Acesso em: 10 jul. 2016.

SHORT, R.E.; STAIGMILLER, R.B.; BELLOWS, R.A.; et al. Breeding heifers at one year of age: biological and economic considerations. In: FIELDS, M.J.; SAND, R.S. (Ed.). **Factors affecting calf crop**. Boca Raton: CRC Press, p.55-68, 1994.

SORENSEN, D.; GIANOLA, D. Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics. **Springer**, New York, 2002.

VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P.; OLIVEIRA, H.N.; et al. Study of stayability in Nelore cows using a threshold model. **Journal of Animal Science**, v.85, p.1780-1786, 2007.

VENTURA, H.T.; PEREIRA, M.A.; COSTA, E.V.; et al. **Sumário de touros 2016: Avaliação nacional de touros das raças zebuínas Brahman, Gir, Guzerá, Indubrasil, Nelore, Sindi e Tabapuã**: maio 2016. Uberaba: ABCZ, 2016.

YOKOO, M.J.; MAGNABOSCO, C.U.; ROSA, G.J.M.; et al. Características reprodutivas e suas associações com outras características de importância econômica na raça

Nelore. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v. 64, n. 1, p. 91-100, 2012.

Capítulo 2

Análises multicaracterísticas Bayesianas para escolha de critério de seleção para eficiência reprodutiva em bovinos Nelore

RESUMO: Objetivou-se estimar parâmetros genéticos para as características reprodutivas idade ao primeiro parto (IPP), *stayability* (STAY) e perímetro escrotal aos 365 dias de idade (PE365) a fim de sugerir critérios de seleção para eficiência reprodutiva em bovinos Nelore. Os componentes de (co)variâncias foram estimados por meio da Inferência Bayesiana via modelo animal bicaracterístico. Também foram calculadas as eficiências relativas da seleção indireta (ERS) entre as características analisadas. As estimativas (médias *a posteriori*) das herdabilidades foram de 0,29, 0,08 e 0,09 para PE365, IPP e STAY, respectivamente. A característica PE365 apresentou correlações genéticas favoráveis com IPP e STAY (-0,45 e 0,12, respectivamente), assim como a correlação entre IPP e STAY(-0,32). A seleção indireta mostrou-se mais eficiente que a direta para IPP (ERS = 1,87) quando selecionou-se para PE365. Com base nas herdabilidades e nas correlações genéticas estimadas para as características estudadas, pode-se concluir que o perímetro escrotal aos 365 dias de idade apresentou-se como potencial critério de seleção para desempenho reprodutivo de bovinos da raça Nelore.

Palavras chave: modelo de limiar, parâmetros genéticos, seleção indireta, Zebuínos

INTRODUÇÃO

Estudos econômicos indicam que as características relacionadas a fertilidade estão entre as mais importantes em sistemas de produção de gado de corte (Krupa et al., 2005; Brumatti et al., 2011). Devido a relevância econômica, essas características têm se tornado objeto de estudo de várias pesquisas na área de melhoramento genético animal (Eler et al., 2004; Silva et al., 2005; Van Melis et al., 2010; Boligon e Albuquerque, 2011; Cavani et al., 2015).

A característica perímetro escrotal tem sido utilizada como critério de seleção em programas de melhoramento com o objetivo de obter ganhos genéticos para precocidade sexual tanto em machos quanto em fêmeas (Silva et al., 2011). Isto porque os mecanismos fisiológicos reprodutivos são similares em ambos os sexos (Toelle e Robison, 1985).

Idade ao primeiro parto (IPP) e *stayability* (STAY) estão entre as características, medidas diretamente nas fêmeas, mais utilizadas como critério de seleção (Eler et al., 2014). STAY é uma característica economicamente relevante (Formigoni et al., 2005), a qual está diretamente associada a rentabilidade do sistema de produção por sua relação com os custos específicos de produção (Van Melis et al., 2007). Segundo Formigoni et al. (2005), STAY está relacionada ao custo de aquisição de novilhas, conseqüentemente quanto maior o gasto com reposição, maior é a relevância econômica da seleção para longevidade produtiva. Entretanto, esta característica é medida tardiamente, o que reduz o ganho genético por unidade de tempo. Além disso, ela é definida como categórica (sucesso ou fracasso), o que conduz à ausência de normalidade, e conseqüentemente requer a utilização de modelos mais complexos para as avaliações genéticas (Cavani et al., 2015). Neste contexto, a Inferência Bayesiana apresenta-se como uma relevante ferramenta estatística, pois possibilita tratar características discretas sob o enfoque das equações de modelos mistos, inclusive em análises multicaracterísticas contemplando outras características discretas e/ou contínuas.

Uma das dificuldades de estabelecer critérios de seleção para performance reprodutiva é encontrar características de fácil e precisa mensuração, que sejam medidas mais precocemente e sejam geneticamente relacionadas com outras características de interesse (Johnston e Bunter, 1996). A estimação dos componentes de (co)variância é fundamental para análise e identificação de características reprodutivas a serem utilizadas como critério de seleção por possibilitar o conhecimento da herdabilidade e o entendimento das possíveis associações genéticas entre as diferentes características consideradas.

Diante do exposto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) para as características reprodutivas idade ao primeiro parto (IPP),

stayability (STAY) e perímetro escrotal aos 365 dias (PE365) na raça Nelore via Inferência Bayesiana com a finalidade de sugerir critérios de seleção para eficiência reprodutiva.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados da raça Nelore provenientes do Serviço de Registro Genealógico das Raças Zebuínas da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) oriundos da região Centro-Oeste (Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Distrito Federal). Foi utilizada uma matriz de parentesco até a quarta geração totalizando 924.393 animais.

Foram analisados 66.986 registros de perímetro escrotal aos 365 dias de idade (PE365), 374.665 registros de idade ao primeiro parto (IPP) e 385.225 registros de *stayability* (STAY). A STAY foi definida como sucesso (categoria 1) se a fêmea tiver pelo menos três partos até 76 meses de idade; caso contrário foi considerada como fracasso (categoria 0) (Ventura et al, 2016). Foi atribuído fracasso somente à fêmeas que realmente tiveram oportunidade de ficar prenhes, para isso, foram utilizadas informações de comunicações de cobertura. As estatísticas descritivas dos dados são apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1. Estatística descritiva dos dados de perímetro escrotal aos 365 dias de idade (PE365), idade ao primeiro parto (IPP) e *stayability* (STAY) em bovinos Nelore.

Característica	N	Média	DP	Mínimo	Máximo	% Sucesso*
IPP (meses)	374.665	38,11	5,22	21,08	48,99	-
PE365 (cm)	66.986	20,75	2,57	11,71	32,69	-
STAY (%)	385.225	-	-	0,00	1,00	26,29

*Sucesso: fêmeas com pelo menos três partos até 76 meses de idade

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados a partir da combinação dos efeitos de rebanho, ano e estação de nascimento para IPP e STAY. Para PE365 além de rebanho, ano e estação de nascimento, foi também utilizada a data da mensuração e o regime alimentar na composição do GC. Com o objetivo de melhorar a estrutura dos dados, as seguintes avaliações de consistência foram realizadas: eliminação de *outliers*, ou seja, animais com mensurações acima ou abaixo de 3 desvios padrão em relação à média do GC para IPP e PE365 foram excluídos da análise; manutenção de somente GC com mínimo de três animais para IPP e PE365; para STAY exclusão de GC com menos de três animais ou com todos os indivíduos na mesma categoria (0 ou 1).

Os componentes de (co)variâncias foram estimados por meio de Inferência Bayesiana via modelo animal bicaracterístico linear para as características PE365 e IPP. O modelo em questão pode ser descrito da seguinte forma:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e},$$

em que: \mathbf{y} é o vetor de observações (PE365 e IPP); $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos sistemáticos de grupo de contemporâneos; \mathbf{a} é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; \mathbf{e} é o vetor de resíduos; e \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência relacionadas a $\boldsymbol{\beta}$ e \mathbf{a} , respectivamente.

Assumiu-se, *a priori*, que $\boldsymbol{\beta}$ segue distribuição uniforme $P(\boldsymbol{\beta}) \propto \text{constante}$; $\mathbf{a}|\boldsymbol{\Sigma}_a \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{A} \otimes \boldsymbol{\Sigma}_a)$, sendo \mathbf{A} é a matriz do numerador dos coeficientes de parentesco dos animais e $\boldsymbol{\Sigma}_a$ a matriz de (co)variâncias genéticas aditivas; e $\mathbf{e}|\boldsymbol{\Sigma}_e \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I} \otimes \boldsymbol{\Sigma}_e)$ em que \mathbf{I} e $\boldsymbol{\Sigma}_e$ são a matriz identidade e a matriz de (co)variâncias residuais, respectivamente. A distribuição Wishart Invertida foi adotada como *priori* para $\boldsymbol{\Sigma}_a$ e $\boldsymbol{\Sigma}_e$.

Para estimar os componentes de (co)variâncias para as características PE365 e STAY e para IPP e STAY foi utilizado modelo bicaracterístico linear-limiar, de forma que o limiar diz respeito a característica binária STAY. Este modelo pode ser representado da seguinte forma:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{l} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_y & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_l \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_y \\ \boldsymbol{\beta}_l \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_y & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_l \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_y \\ \mathbf{a}_l \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_y \\ \mathbf{e}_l \end{bmatrix},$$

em que \mathbf{y} é o vetor de observações da característica linear (PE365 ou IPP); \mathbf{l} é o vetor de observações da característica de limiar (STAY) na escala subjacente com distribuição normal contínua. As matrizes \mathbf{X} e \mathbf{Z} , e os vetores $\boldsymbol{\beta}$, \mathbf{a} , já foram previamente definidos no modelo bicaracterístico linear, de forma que as mesmas pressuposições a respeito das distribuições de \mathbf{a} e \mathbf{e} também foram preservadas.

Foram considerados os efeitos sistemáticos de grupos de contemporâneos e as covariáveis incluídas no modelo foram classe de idade da mãe ao parto para a característica IPP; idade do indivíduo no momento da medição (efeitos linear e quadrático) para PE365.

Foram utilizados os *softwares* GIBBS3F90 e THRGIBBS1F90 (Misztal et al., 2014) para ajustar os modelos multicaracterísticos linear e linear-limiar, respectivamente. Nestes ajustes foram consideradas 300.000 iterações, sendo que as primeiras 150.000 iterações foram descartadas como período de *burn-in*. A cada 10 iterações (*thin*), uma amostra foi mantida com o objetivo de eliminar as autocorrelações geradas na simulação. Assim, 15.000 amostras foram utilizadas para realizar as inferências *a posteriori*. A convergência foi verificada por meio dos critérios de Geweke (Geweke, 1992) e Heidenberg e Welch (Heidenberg e Welch, 1983), ambos

implementados no pacote boa (Smith, 2005) do software R (R Foundation for Statistical Computing, Viena, Áustria).

A eficiência relativa da seleção indireta (ERS) foi calculada pela seguinte expressão:

$$ERS = \frac{\Delta G_{YX}}{\Delta G_Y} = \frac{i_X h_X}{i_Y h_Y} |r_{g_{YX}}|$$

em que ΔG_{YX} é o ganho genético esperado em Y quando a seleção é praticada em X; ΔG_Y é o ganho genético esperado pela seleção diretamente em Y; h_X e h_Y são as raízes quadradas das herdabilidades estimadas para as características X e Y, respectivamente; i_X e i_Y são as intensidades de seleção aplicadas nas características X e Y, respectivamente; $r_{g_{YX}}$ é a correlação genética entre as características Y e X. Para PE365 considerou-se seleção de 10% ($i = 1,75$) dos machos e para as demais características 50% ($i = 0,80$) das fêmeas.

RESULTADOS

Os critérios de Geweke e Heidenberg & Welch indicaram que o número total de iterações, o número de iterações iniciais descartadas e o número de amostras MCMC (Markov Chain - Monte Carlo) mantidas foram suficientes para atingir a convergência para todos os parâmetros estimados.

As estimativas de variâncias genéticas e residuais e seus respectivos intervalos de maior densidade *a posteriori* são descritas na Tabela 2. Na Tabela 3 são apresentadas as herdabilidades, correlações genéticas e fenotípicas e seus respectivos intervalos de maior densidade *a posteriori*. Em geral, as médias *a posteriori* das estimativas de herdabilidades foram de baixa a moderada magnitude. A maior estimativa de herdabilidade foi observada para PE365 0,29 (0,27; 0,31), enquanto que IPP e STAY tiveram herdabilidades de menor magnitude 0,08 (0,07; 0,08) e 0,09 (0,08; 0,10), respectivamente.

Tabela 2. Médias *a posteriori* e intervalo de maior densidade *a posteriori* (95%) das variâncias aditivas e residuais para as características perímetro escrotal aos 365 dias de idade (PE365), idade ao primeiro parto (IPP) e *stayability* (STAY).

Característica	σ_a^2	σ_e^2
PE365	1,58 (1,46; 1,71)	3,89 (3,80; 3,99)
IPP	2,23 (2,04; 2,43)	26,45 (26,21; 26,65)
STAY	0,21 (0,19; 0,22)	2,05 (2,04; 2,06)

As médias *a posteriori* das correlações genéticas entre as características analisadas variaram de baixa a média magnitude, entretanto, os intervalos de maior densidade *a posteriori* evidenciam que zero não está contido nos 95% dos valores gerados para esse parâmetro obtido entre as diferentes características. A característica PE365 apresentou correlações genéticas favoráveis com ambas as características, assim como a correlação entre IPP e STAY. A correlação genética de maior magnitude foi observada entre as características PE365 e IPP (-0,45).

As eficiências relativas da seleção indireta (ERS) entre as características estudadas e seus respectivos os intervalos de maior densidade *a posteriori* são apresentadas na Tabela 4. A seleção indireta mostrou-se mais eficiente que a direta somente para seleção em PE365 e resposta em IPP (ERS = 1,87).

Tabela 3. Médias *a posteriori* e intervalo de maior densidade *a posteriori* (95%) das herdabilidades (diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) para as características perímetro escrotal aos 365 dias de idade (PE365), idade ao primeiro parto (IPP) e *stayability* (STAY) na raça Nelore.

	PE365	IPP	STAY
PE365	0,29 (0,27; 0,31)	-0,45 (-0,56; -0,33)	0,12 (0,04; 0,22)
IPP	-0,06 (-0,08; -0,04)	0,08 (0,07; 0,08)	-0,32 (-0,40; -0,25)
STAY	0,02 (0,00; 0,04)	-0,17 (-0,18; -0,17)	0,09 (0,08; 0,10)

Tabela 4. Eficiências relativas da seleção indireta e intervalos de maior densidade *a posteriori* (95%) entre as características perímetro escrotal aos 365 dias de idade (PE365), idade ao primeiro parto (IPP) e *stayability* (STAY) na raça Nelore.

Característica selecionada	Resposta correlacionada		
	PE365	IPP	STAY
PE365	-	1,87 (1,39; 2,35)	0,47 (0,35; 0,53)
IPP	0,11 (0,08; 0,14)	-	0,30 (0,23; 0,37)
STAY	0,03 (0,01; 0,05)	0,34 (0,27; 0,44)	-

DISCUSSÃO

A média *a posteriori* da estimativa de herdabilidade observada para PE365 (0,29) foi inferior aos reportados por Araujo Neto et al. (2011) (0,52) e Yokoo et al. (2007) (0,45) e superior ao observado por Boligon et al. (2007) (0,25), sendo que todos esses autores também trabalharam com a raça Nelore, entretanto, utilizaram uma amostra de tamanho bastante reduzido se comparada a do presente trabalho. A estimativa obtida no presente estudo indica que a resposta à seleção para PE365 seria satisfatória. Adicionalmente, Araujo Neto et al. (2011) enfatizaram que PE365 apresenta herdabilidade próxima aquelas observadas para a mesma característica medida aos 450 e 550 dias, sendo este aspecto relevante uma vez que a característica pode ser avaliada mais precocemente nos animais.

Para IPP, a média *a posteriori* da herdabilidade (0,08) foi próxima aos valores obtidos por Boligon e Albuquerque (2011) (0,10) e Pereira et al. (2011) (0,08). De acordo com Pereira et al. (2001), o fato das fêmeas serem expostas a reprodução mais tardiamente resulta em difícil detecção de diferenças genéticas, uma vez que as fêmeas já estariam fisiologicamente mais preparadas para o início da vida reprodutiva. Essa afirmativa pode se respaldar nos resultados obtidos por Johnston et al. (2010) que ao trabalharem com dias entre final do período de parição (coincidindo com o início do acasalamento) e a primeira ovulação em vacas Brahman com idade de 3, 4 e 5 anos observaram estimativas de herdabilidade de 0,52, 0,20 e 0,24, respectivamente.

A média *a posteriori* da estimativa de herdabilidade obtida neste estudo para STAY (0,09) indica baixa variabilidade genética para esta característica. Herdabilidades de maiores magnitudes (0,19 e 0,22) na raça Nelore foram reportadas por Silva et al. (2006) e Eler et al. (2014), respectivamente, contudo, as estimativas foram realizadas utilizando amostras de dimensões reduzidas se comparadas a do presente trabalho.

Correlações genéticas favoráveis entre PE365 e STAY (0,12) e entre PE365 e IPP (-0,32) foram observadas neste estudo. Estes resultados são desejáveis uma vez que ao selecionar machos com maior perímetro escrotal, o que também é indicativo de precocidade sexual, haverá como resposta correlacionada a redução da idade ao primeiro parto e maior STAY, ou seja, fêmeas precoces e que permanecem produtivas por mais tempo no rebanho.

O resultado observado para correlação genética entre IPP e STAY era esperado, uma vez que matrizes mais precoces apresentam maior probabilidade de parirem pelo menos três vezes até os 76 meses de idade. Correlação genética de maior magnitude entre as características IPP e STAY foi reportada por Eler et al. (2014) (-0,60) para a raça Nelore. No trabalho em

questão os autores consideraram 72 meses para a definição da característica STAY. Uma limitação da característica STAY é que animais que pariram três vezes até 76 meses de idade e animais que pariram mais de três vezes até a mesma idade são incluídos na mesma classe, não beneficiando portanto, as fêmeas mais prolíficas.

As eficiências relativas da seleção indireta mostraram que a seleção para qualquer uma das características ocasionaria mudanças favoráveis nas outras. Contudo, essas mudanças seriam, em geral, menores que o ganho genético direto, com exceção da seleção em PE365 e resposta correlacionada em IPP. Este resultado é explicado pela maior intensidade de seleção que pode ser praticada em PE365 e também por esta característica apresentar maior herdabilidade quando comparada a IPP. Outra vantagem da seleção em PE365 para eficiência reprodutiva é que, de acordo com Toelle e Robison (1985), intervalos de geração podem ser menores em machos em relação a fêmeas, e conseqüentemente maiores ganhos genéticos por unidade de tempo podem ser obtidos.

CONCLUSÃO

Com base nas herdabilidades e nas correlações genéticas estimadas para as características estudadas, pode-se concluir que o perímetro escrotal aos 365 dias de idade apresentou-se como potencial critério de seleção para desempenho reprodutivo da raça Nelore.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO NETO, F.R.; LÔBO, R.B.; MOTA, M.D.S.; et al. Genetic parameter estimates and response to selection for weight and testicular traits in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.10, p.3127-3140, 2011.

BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p. 565-571, 2007.

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Genetic parameters and relationships of heifer pregnancy and age at first calving with weight gain, yearling and mature weight in Nelore cattle. **Livestock Science**, v.141, p.12-16, 2011.

BRUMATTI, R.C.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; FORMIGONNI, I.B. Desenvolvimento de índice de seleção em gado corte sob o enfoque de um modelo bioeconômico. **Archivos de Zootecnia**, v.60, p.205-213, 2011.

CAVANI, L.; GARCIA, D.A.; CARREÑO, L.O.D.; et al. Estimates of genetic parameters for reproductive traits in Brahman cattle breed. **Journal of Animal Science**, v.93, p.3287-3291, 2015.

ELER, J.P.; SILVA, J.A.IV.; EVANS, J.L.; et al. Additive genetic relationships between heifer pregnancy and scrotal circumference in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.2519-2527, 2004.

ELER, J.P.; BIGNARDI, A.B.; FERRAZ, J.B.S.; et al. Genetic relationships among traits related to reproduction and growth of Nelore females. **Theriogenology**, v.82, p.708-714, 2014.

FORMIGONI, I.B.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, J.A.IV.; et al. Valores econômicos para habilidade de permanência e probabilidade de prenhez aos 14 meses em bovinos de corte. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, p.220-226, 2005.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M. (Ed.). **Bayesian Statistics 4**. Oxford: Oxford University Press, 1992.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, p.1109-1144, 1983.

JOHNSTON, D.J.; BUNTER, K.L. Days to calving in Angus cattle: genetic and environmental effects, and covariances with other traits. **Livestock Production Science**, v.45, p.13-22, 1996.

JOHNSTON, D.J.; BARWICK, S.A.; CORBET, N.J.; et al. 2010 Understanding the genetics of lactation anoestrus in Brahman beef cattle to enhance genetic evaluation of female reproductive traits. CD-ROM communication 0923. In: Proceedings of the 9th World Congress on genetics applied to livestock production, Leipzig, Germany.

KRUPA, E.; WOLFOVA, M.; PESKOVICOVA, D.; et al. Economic values of traits for Slovakian Pied cattle under different marketing strategies. **Czech Journal Animal Science**, v.50, p.483-492, 2005.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENÇO, D.; et al. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Athens: University of Georgia, 2014.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Análise genética de algumas características reprodutivas e suas relações com o desempenho ponderal na raça Nelore. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, p.720-727, 2001.

PEREIRA, M.C.; YOKOO, M.J.; BIGNARDI, A.B.; et al. Altura da garupa e sua associação com características reprodutivas e de crescimento na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.613-620, 2011.

SILVA, J.A.IV.; DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G. Estudo genético da precocidade sexual de novilhas em um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.1568-1572, 2005.

SILVA, J.A.IV.; FORMIGONI, I.B.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Genetic relationship among stayability, scrotal circumference and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock Science**, v.99, p.51-59, 2006.

SILVA, M.R.; PEDROSA, V.B.; SILVA, J.C.B.; ELER, J.P.; GUIMARÃES, J.D.; ALBUQUERQUE, L.G. Testicular traits as selection criteria for young Nelore bulls. **Journal of Animal Science**, v.89, p.2061-2067, 2011.

SMITH, B.J. **Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1 user's manual**. 2005. 43p. Disponível em: <<http://www.public-health.uiowa.edu/boa/boa.pdf>>. Acesso em: 10 jul. 2016.

TOELLE, V.D.; ROBISON, O.W. Estimates of genetic correlations between testicular measurements and female reproductive traits in cattle. **Journal of Animal Science**, v.60, p.89-100, 1985.

VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P.; OLIVEIRA, H.N.; ROSA, G.J.; SILVA, J.A.IV.; FERRAZ, J.B.S.; PEREIRA, E. Study of stayability in Nelore cows using a threshold model. **Journal of Animal Science**, v.85, p.1780-1786, 2007.

VAN MELIS, M.H.; OLIVEIRA, H.N.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; CASELLAS, J.; VARONA, L. Additive genetic relationship of longevity with fertility and production traits in Nelore cattle based on bivariate models. **Genetics and Molecular Research**, v.9, p.176-187, 2010.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co) variance component inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.

VENTURA, H.T.; PEREIRA, M.A.; COSTA, E.V.; et al. **Sumário de touros 2016: Avaliação nacional de touros das raças zebuínas Brahman, Gir, Guzerá, Indubrasil, Nelore, Sindi e Tabapuã**: maio 2016. Uberaba: ABCZ, 2016.

YOKOO, M.J.I.; ALBUQUERQUE, L.G.; LÔBO, R.B.; et al. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.1761-1768, 2007.

CONCLUSÕES GERAIS

O modelo linear sem informações censuradas é o recomendado para avaliação genética de idade ao primeiro parto.

Recomenda-se cautela na incorporação de informações censuradas nas avaliações genéticas para idade ao primeiro parto de fêmeas Nelore. A incorporação destas informações acarretou superestimação das variâncias residuais, além disso, observou-se acentuado reordenamento em função do modelo utilizado para lidar com a censura.

Os componentes de variância estimados para *stayability* e idade ao primeiro parto não foram substancialmente influenciados pela inclusão de informações censuradas de idade ao primeiro parto.

O perímetro escrotal aos 365 dias de idade apesou-se como potencial critério de seleção para desempenho reprodutivo de fêmeas na raça Nelore, por além de apresentar moderada estimativa de herdabilidade, apresenta associação genética favorável com importantes características como idade ao primeiro parto e *stayability* e possibilita maior intensidade de seleção e redução de intervalos de geração.