

CAPÍTULO 1 Escolha do melhor grupo de contemporâneos para análises de permanência no rebanho com a base de dados do PMGRN-USP

INTRODUÇÃO

Os custos de reposição de novilhas e manutenção de vacas, em sistemas de produção de gado de corte, são elevados. Conseqüentemente, a característica *stayability* (ou probabilidade de permanência no rebanho) possui importância econômica e poderia ser incluída em índices de seleção com múltiplas características (Bittencourt, 2001; Formigoni, 2002 e Paneto *et al.*, 2002).

Por tratar-se de característica de limiar ou dicotômica, as metodologias e modelos usuais de avaliação genética dos bovinos de corte não são bem empregadas, cabendo aos pesquisadores buscar formas de análise mais apropriadas e que consigam mostrar a variabilidade genética da característica mais próxima do valor real, já que as metodologias de modelos lineares mistos, sob modelo animal, geralmente resultam em baixas estimativas de herdabilidade, levando-se à conclusão equivocada de que não há ganho genético

satisfatório na seleção direta para *stayability* (Martínez *et al.*, 2002; Mwansa *et al.* 2002).

Para a raça Nelore, no Brasil, existem poucos estudos sobre *stayability* (Paneto *et al.*, 2002; Silva *et al.*, 2003a; Silva *et al.*, 2003b), principalmente utilizando ferramentas Bayesianas para a estimação de componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos e para a predição de valores genéticos. O objetivo do presente estudo foi definir qual a melhor formação dos grupos de contemporâneos para a característica *stayability*, analisada sob perspectiva Bayesiana e com restrição ou não para Número Efetivo de Progênie, no Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore conduzido na Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, da Universidade de São Paulo (PMGRN-USP).

MATERIAL E MÉTODOS

O arquivo geral de dados, com vacas nascidas entre 1986 e 1996 em rebanhos participantes do PMGRN-USP (Lôbo *et al.*, 2002), continha 54727 registros de produção.

A característica *stayability* foi codificada com valor 1 para vacas com pelo menos três partos até os 76 meses de idade e valor 0 para as que tiveram menos de três partos. Definiu-se três partos, porque a vaca estaria pagando seus custos de cria/recrta (Formigoni, 2002), e 76 meses para que tivesse a chance de conseguir três partos,

sendo que, em média no PMGRN-USP, o primeiro parto ocorre com 32 meses de idade.

Foram gerados três arquivos distintos segundo a definição para grupo de contemporâneos (GC1= fazenda de nascimento da vaca + ano de nascimento da vaca; GC2= fazenda de nascimento da vaca + ano de nascimento da vaca + fazenda do primeiro parto; GC3= fazenda de nascimento da vaca + ano de nascimento da vaca + fazenda aos 2 anos de idade + fazenda aos 3 anos de idade + fazenda aos 4 anos de idade + fazenda aos 5 anos de idade + fazenda aos 6 anos de idade).

O primeiro GC é aquele geralmente mais usado, justamente por contemplar um maior número de animais. Quanto ao segundo grupo, pensou-se na transferência entre fazendas ou relações mercadológicas da fase de recria, quando a novilha pode ter o primeiro parto na fazenda compradora. O terceiro GC relaciona a característica com sua época de expressão.

A análise da consistência dos dados foi realizada por meio do programa SAS (*Statistical Analysis System*, 2000), em cada arquivo separadamente, e consideraram-se touros com pelo menos duas filhas dentro do mesmo grupo de contemporâneo (GC) e GCs com pelo menos dois touros diferentes. Além disso, foram eliminados grupos com médias 0 ou 1 para *stayability*, isto é, sem variabilidade dentro do grupo de contemporâneos. Um outro critério, adotado com o intuito de empregar mais rigor ao número de vacas por touro em

cada GC, foi tomar o Número Efetivo de Progenie (NEP) como maior ou igual a dois. Trata-se de uma proporção entre o número de filhas de um touro (NP), em relação ao número de filhas de outros touros do mesmo GC (NT)

$$NEP = (NP \times NT) / (NP + NT) \quad (1)$$

A Tabela 1 mostra o número de registros (REG), o número de grupos de contemporâneos (GC), número de pais e número de avôs maternos do touro (AVÔS), para os três arquivos gerados.

TABELA 1 - Número de registros (REG), número de grupos de contemporâneos (GC), número de touros e número de avôs maternos, após consistência dos dados para NEP

Arquivo	REG	GC	TOUROS	AVÔS
st76gc1.dat	24588	488	1214	395
st76gc2.dat	23790	475	1178	382
st76gc3.dat	24155	476	1195	386

Provavelmente, grupos com menos indivíduos (GC2 e GC3) apresentaram maior número de níveis com médias 0 ou 1 e, conseqüentemente, maiores exclusões de registros.

Três arquivos sem a restrição para NEP também foram preparados, para comparações entre as análises e resultados.

A Tabela 2 mostra o número de registros (REG), o número de grupos de contemporâneos (GC), número de pais e número de avôs maternos do touro (AVÔS), para os três arquivos gerados sem restrição para NEP.

TABELA 2 - Número de registros (REG), número de grupos de contemporâneos (GC), número de touros e número de avôs maternos, sem restrição dos dados para NEP

Arquivo	REG	GC	TOUROS	AVÔS
st76gc1sn.dat	28959	678	1682	480
st76gc2sn.dat	27865	663	1626	471
st76gc3sn.dat	28294	651	1655	473

Posteriormente, utilizou-se o MTGSAM *for threshold (Multiple-Trait Gibbs Sampler for Animal Models*, Van Tassell *et al.*, 1998), sob modelo unicaráter de touro-avô materno, para obtenção de componentes de (co)variância, estimativas de herdabilidade e soluções para cada touro (que originam as Diferenças Esperadas na Progenie – DEPs - na escala subjacente, como médias a posteriori). Adotou-se o modelo touro, após tentativas de convergência sob modelo animal, sem sucesso. Esta ocorrência é normal e possui outros relatos na literatura (Moreno *et al.*, 1997; Phocas & Laloë, 2003). Os métodos Bayesianos, basicamente, envolvem a resolução de integrais complicadas. A implementação das Cadeias de Markov ou MCMC (entre elas, a Amostragem de Gibbs) é uma solução para esse problema, embora possam surgir complicações com a convergência das cadeias, nem sempre possível de ocorrer, e geralmente solucionada sempre que a distribuição a posteriori aproxima-se da Normal (Blasco, 2001). Segundo Van Vleck (1993), o modelo de touro-avô materno do touro assegura predições mais acuradas dos valores genéticos, quando comparado ao modelo touro.

Duas implementações para o tamanho da cadeia de Gibbs (225 mil ou 550 mil), dois períodos de descarte amostral conservadores (25 mil e 50 mil) e dois procedimentos de tomada de amostra (a cada 1000 ou a cada 250 rodadas) foram testados para cada um dos seis arquivos. As análises das amostras foram realizadas por meio do programa desenvolvido por Van Kaam (1997) chamado GIBANAL, sob sistema operacional DOS.

O modelo de limiar usado relaciona a resposta observada na escala categórica com uma escala subjacente normal contínua (Silva *et al.*, 2003b). Assumindo que a escala subjacente tem distribuição normal:

$$U | \theta \sim N(W\theta, I\sigma_e^2), \text{ em que:} \quad (2)$$

U é o vetor da escala base de ordem r ; $\theta' = (b', a')$ é o vetor dos parâmetros de locação de ordem s com b (definidos sob um ponto de vista frequentista, como efeitos fixos), e a (como efeito aleatório); W é uma matriz de incidência conhecida de ordem r por s ; I é uma matriz de identidade de ordem r por r ; e σ_e^2 é a variância residual.

De acordo com o enfoque Bayesiano, será assumido que as prioris para os efeitos genéticos e os residuais seguem distribuições normais multivariadas:

$$p(a | \sigma_a^2) \sim N(0, A\sigma_a^2) \quad (3)$$

$$p(e | \sigma_e^2) \sim N(0, I\sigma_e^2), \text{ em que:} \quad (4)$$

A é a matriz de parentesco e σ_a^2 é a variância genética aditiva. No caso deste estudo, $\frac{1}{4}$ da σ_a^2 foi estimada pela variância de touro

(σ^2_s). Como σ^2_e não é estimável (Gianola & Foulley, 1983), um valor arbitrário deve ser então atribuído. Conforme sugerido por Silva *et al.* (2003b), atribuiu-se o valor 1.

Após a definição dos parâmetros do modelo, o encadeamento entre as duas escalas (categórica e contínua) pode ser estabelecido inequivocamente, com a contribuição da probabilidade de uma observação que cai na primeira categoria sendo proporcional a

$$P(y_v = 0 \mid t, \theta) = P(U_v < t \mid t, \theta) = \Phi((t - w'_v \theta) / \sigma_e), \text{ em que: } (5)$$

y_v , é a variável resposta para a v^{th} observação, tomando valores 0 ou 1 se a observação pertence a primeira ou segunda categoria, respectivamente; t é o valor do limiar que, por não ser estimável, será fixado um valor arbitrário; U_v é o valor da variável subjacente para a mencionada observação; Φ é a função de distribuição cumulativa de uma variável normal padrão; e w'_v é um vetor coluna de incidência que une θ a observação v^{th} . Por serem as observações condicionalmente independentes dado θ , a função de verossimilhança será definida pelo produto das contribuições de cada registro.

De acordo com a inferência Bayesiana, o produto da distribuição anterior pela função de verossimilhança é proporcional à distribuição posterior conjunta de θ e σ^2_s . Foram então obtidas as distribuições posteriores marginais dos parâmetros usando a amostragem de Gibbs (Gelfand & Smith, 1990).

Por tratar-se de análise unicaráter, as relações entre as variâncias estimadas sob modelo touro-avô materno foram: variância

genética aditiva considerada como $4\sigma^2s$, a variância ambiental como sendo igual à variância residual (no caso de modelo de limiar, fixa com valor 1), a variância fenotípica como a soma de $(\sigma^2s + \frac{1}{4} \sigma^2s)$ ao 1 e, conseqüentemente, a herdabilidade estimada sob modelo touro como sendo a porção herdável da variância total existente.

A matriz de parentesco continha 4180 touros, sendo 454 endogâmicos (Coeficiente de Endogamia médio igual a cinco por cento).

As soluções para cada touro foram transformadas pela função *probnorm* do SAS, resultando em DEPs desviadas do valor 0,50 (ou 50%).

A interpretação correta do valor genético é a probabilidade que o touro tem de deixar filhas que permaneçam mais tempo no rebanho.

Correlações entre classificações para DEP (*rank correlation* ou correlação de Spearman) e entre a DEP e a endogamia do touro foram obtidas pelo procedimento CORR opção *spearman* do SAS.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em média, a porcentagem de sucesso (valor 1) foi 37% nos arquivos estudados.

Os resultados obtidos a partir dos arquivos com restrição para NEP encontram-se sumarizados nas Tabelas 3, 4 e 5. Observa-se baixa correlação serial entre as amostras (Tabela 3), mesmo nas análises que resultaram em 2000 amostras.

TABELA 3 - Número de observações (N), tamanho de cadeia de Gibbs (Gibbs), período de descarte amostral (Descarte amostral), tomada de amostra (Amostragem), número total de amostras (Total de amostras) e correlação serial entre amostras da variância de touro (vs), para os três grupos de contemporâneos (GC) estudados, sob restrição para NEP

GC	N	Gibbs	Descarte amostral	Amostragem	Total de amostras	Correlação serial (vs)
1	24588	225 mil	25 mil	1000	200	0,026
		550 mil	50 mil	1000	500	-0,053
		550 mil	50 mil	250	2000	0,134
2	23790	225 mil	25 mil	1000	200	-0,065
		550 mil	50 mil	1000	500	-0,200
		550 mil	50 mil	250	2000	0,123
3	24155	225 mil	25 mil	1000	200	-0,019
		550 mil	50 mil	1000	500	0,049
		550 mil	50 mil	250	2000	0,162

As estimativas dos componentes de variância do touro foram praticamente iguais quando comparadas dentro do mesmo GC e muito próximas entre os grupos (0,039; 0,034 e 0,036, respectivamente para as medianas dos grupos 1, 2 e 3 - Tabela 4).

Os valores das estimativas de herdabilidade foram, considerando-se a mediana das análises nos grupos 1, 2 e 3, respectivamente, $0,15 \pm 0,03$; $0,13 \pm 0,03$ e $0,14 \pm 0,03$.

TABELA 4 - Número total de amostras (Total de amostras), média (Me), moda (Mo), mediana (Med), valores mínimos (Min) e máximos (Max) da variância de touro (vs) e da herdabilidade de limiar (h^2t) para *stayability*, nos três grupos de contemporâneos (GC) estudados sob restrição para NEP

GC	Total de amostras	Variância de touro (vs)*					Herdabilidade (h^2t)**				
		Me	Mo	Med	Min	Max	Me	Mo	Med	Min	Max
1	200	3,95	3,97	3,95	2,00	6,50	15,03	15,06	15,06	7,80	24,00
	500	3,94	3,55	3,84	1,90	6,70	14,98	13,58	14,66	7,50	24,90
	2000	3,96	3,79	3,90	1,50	7,70	15,05	14,47	14,87	5,90	28,00
2	200	3,48	3,17	3,31	1,80	6,60	13,33	12,24	12,73	7,20	24,30
	500	3,47	3,41	3,41	1,50	6,20	13,29	13,09	13,10	5,90	23,00
	2000	3,48	3,24	3,40	1,40	6,50	13,32	12,47	13,03	5,50	24,00
3	200	3,66	3,53	3,58	1,60	6,70	13,98	13,55	13,71	6,40	24,70
	500	3,70	3,69	3,65	1,70	6,40	14,11	14,14	13,98	6,70	23,80
	2000	3,67	3,51	3,62	1,30	6,80	14,01	13,43	13,84	5,10	24,90

* valores multiplicados por 100; ** valores em porcentagem.

As regiões de credibilidade a 95%, tanto para a variância de touro quanto para a herdabilidade, foram mais semelhantes entre os grupos de contemporâneos 2 e 3 (Tabela 5).

TABELA 5 - Número total de amostras (Total de amostras) e Região de Credibilidade a 95% para variância de touro (vs) e para herdabilidade de limiar (h^2t), nos três grupos de contemporâneos (GC) estudados sob restrição para NEP

GC	Total de amostras	Região de Credibilidade a 95% para vs*	Região de Credibilidade a 95% para h^2t **
1	200	2,37 a 5,52	9,22 a 20,65
	500	2,46 a 5,75	9,54 a 21,46
	2000	2,42 a 5,82	9,41 a 21,70
2	200	2,28 a 5,21	8,88 a 19,56
	500	2,09 a 5,28	8,15 a 19,80
	2000	2,08 a 5,19	8,10 a 19,49
3	200	1,94 a 5,51	7,56 a 20,62
	500	2,26 a 5,60	8,81 a 20,93
	2000	2,20 a 5,47	8,56 a 20,48

* valores multiplicados por 100; ** valores em porcentagem.

Os resultados para os arquivos sem a restrição para NEP encontram-se nas Tabelas 6, 7 e 8. Baixas correlações seriais também puderam ser observadas em todas as análises (Tabela 6).

TABELA 6 - Número de observações (N), tamanho de cadeia de Gibbs (Gibbs), período de descarte amostral (Descarte amostral), tomada de amostra (Amostragem), número total de amostras (Total de amostras) e correlação serial para amostras da variância de touro (vs), para os três grupos de contemporâneos (GC) estudados, sem restrição para NEP

GC	N	Gibbs	Descarte amostral	Amostragem	Total de amostras	Correlação serial (vs)
1	28959	225 mil	25 mil	1000	200	0,013
		550 mil	50 mil	1000	500	0,001
		550 mil	50 mil	250	2000	0,075
2	27865	225 mil	25 mil	1000	200	-0,039
		550 mil	50 mil	1000	500	-0,041
		550 mil	50 mil	250	2000	0,114
3	28294	225 mil	25 mil	1000	200	-0,064
		550 mil	50 mil	1000	500	-0,015
		550 mil	50 mil	250	2000	0,101

As estimativas de herdabilidade foram ligeiramente superiores para todos os grupos ($0,16 \pm 0,03$; $0,15 \pm 0,03$ e $0,15 \pm 0,03$, respectivamente para as medianas dos grupos 1, 2 e 3 na Tabela 7), quando comparadas às análises dos arquivos com restrição para NEP (Tabela 4).

TABELA 7 - Número total de amostras (Total de amostras), média (Me), moda (Mo), mediana (Med), valores mínimos (Min) e máximos (Max) da variância de touro (vs) e da herdabilidade de limiar (h^2t) para *stayability*, nos três grupos de contemporâneos (GC) estudados sem restrição para NEP

GC	Total de amostras	Variância de touro (vs)*					Herdabilidade (h^2t)**				
		Me	Mo	Med	Min	Max	Me	Mo	Med	Min	Max
1	200	4,18	4,11	4,16	2,00	6,70	15,84	15,68	15,81	7,90	24,70
	500	4,25	4,25	4,19	2,10	7,30	16,11	16,15	15,94	8,20	26,60
	2000	4,24	4,10	4,17	1,60	8,70	16,07	15,59	15,84	6,30	31,30
2	200	3,95	3,90	3,92	2,10	6,20	15,04	14,87	14,97	8,20	23,10
	500	3,91	3,65	3,85	1,50	6,40	14,87	14,01	14,67	5,70	23,90
	2000	3,97	3,42	3,92	1,80	7,50	15,11	13,11	14,96	7,10	27,60
3	200	4,06	4,15	4,06	1,60	7,10	15,43	15,79	15,45	6,10	26,00
	500	4,09	4,35	4,06	1,90	6,60	15,52	16,47	15,45	7,40	24,30
	2000	4,09	3,86	4,00	1,80	7,70	15,54	14,73	15,23	7,00	28,00

* valores multiplicados por 100; ** valores em porcentagem.

As regiões de credibilidade a 95% foram muito semelhantes entre as análises (Tabela 8).

TABELA 8 - Número total de amostras (Total de amostras) e Região de Credibilidade a 95% para variância de touro (vs) e para herdabilidade de limiar (h^2t), nos três grupos de contemporâneos (GC) estudados sem restrição para NEP

GC	Total de amostras	Região de Credibilidade a 95% para vs*	Região de Credibilidade a 95% para h^2t **
1	200	2,48 a 5,86	9,62 a 21,85
	500	2,70 a 6,26	10,45 a 23,22
	2000	2,66 a 6,12	10,31 a 22,74
2	200	2,50 a 5,31	9,71 a 19,93
	500	2,44 a 5,60	9,48 a 20,92
	2000	2,50 a 5,69	9,70 a 21,26
3	200	2,32 a 6,27	9,03 a 23,27
	500	2,48 a 5,89	9,63 a 21,94
	2000	2,55 a 6,04	9,89 a 22,48

* valores multiplicados por 100; ** valores em porcentagem.

Fazendo-se comparações entre os arquivos com ou sem restrição para NEP, percebe-se pequenas diferenças quanto às estimativas de herdabilidade, porém as regiões de credibilidade tiveram limites superiores maiores nas estimativas de herdabilidade obtidas com os arquivos sem restrição, indicando que a estimativa real da herdabilidade poderia ser um valor ligeiramente maior se obtida a partir do arquivo sem restrição para NEP.

Ainda com o objetivo de estudar diferentes implementações sobre a característica de probabilidade de permanência no rebanho, testou-se a implementação de Silva *et al.* (2003b): 2203000/3000/4000 (respectivamente, tamanho de cadeia de Gibbs, período de descarte amostral e tomada de amostra). A análise levou 18 dias e resultou em variância de touro igual a $0,04 \pm 0,01$ e herdabilidade de $0,16 \pm 0,03$, praticamente os mesmo valores obtidos

na implementação 225000/25000/1000 para o arquivo sem restrição para NEP, o qual leva cerca de dois dias em processamento.

Os valores das estimativas de herdabilidade, obtidas por Silva *et al.* (2003b) foram semelhantes ($0,21 \pm 0,02$) aos deste estudo, ainda que se adotou o modelo touro, o qual em situações de maior pressão de seleção sobre os machos costuma subestimar a herdabilidade (Visscher & Thompson, 1990). No entanto, Silva *et al.* (2003b) definiram a habilidade de permanência como a probabilidade de uma vaca parir, no rebanho, na idade de seis anos ou depois desta idade, dado que ela teve uma parição em data anterior. O estabelecimento de definição semelhante, na base de dados do PMGRN-USP não se faz possível, principalmente em relação às diferenças existentes no manejo reprodutivo das cerca de 200 fazendas participantes.

Os gráficos com as distribuições posteriores foram montados a partir das saídas do GIBANAL, as quais fornecem as densidades marginais posteriores para o componente de touro (Figuras 1 a 3). A localização da moda (ou valor de maior ocorrência) variou entre as análises, ocorrendo distribuições bi ou até tri-modais acentuadas nas implementações com tamanho de cadeia igual a 550 mil (Figuras 2 e 3).

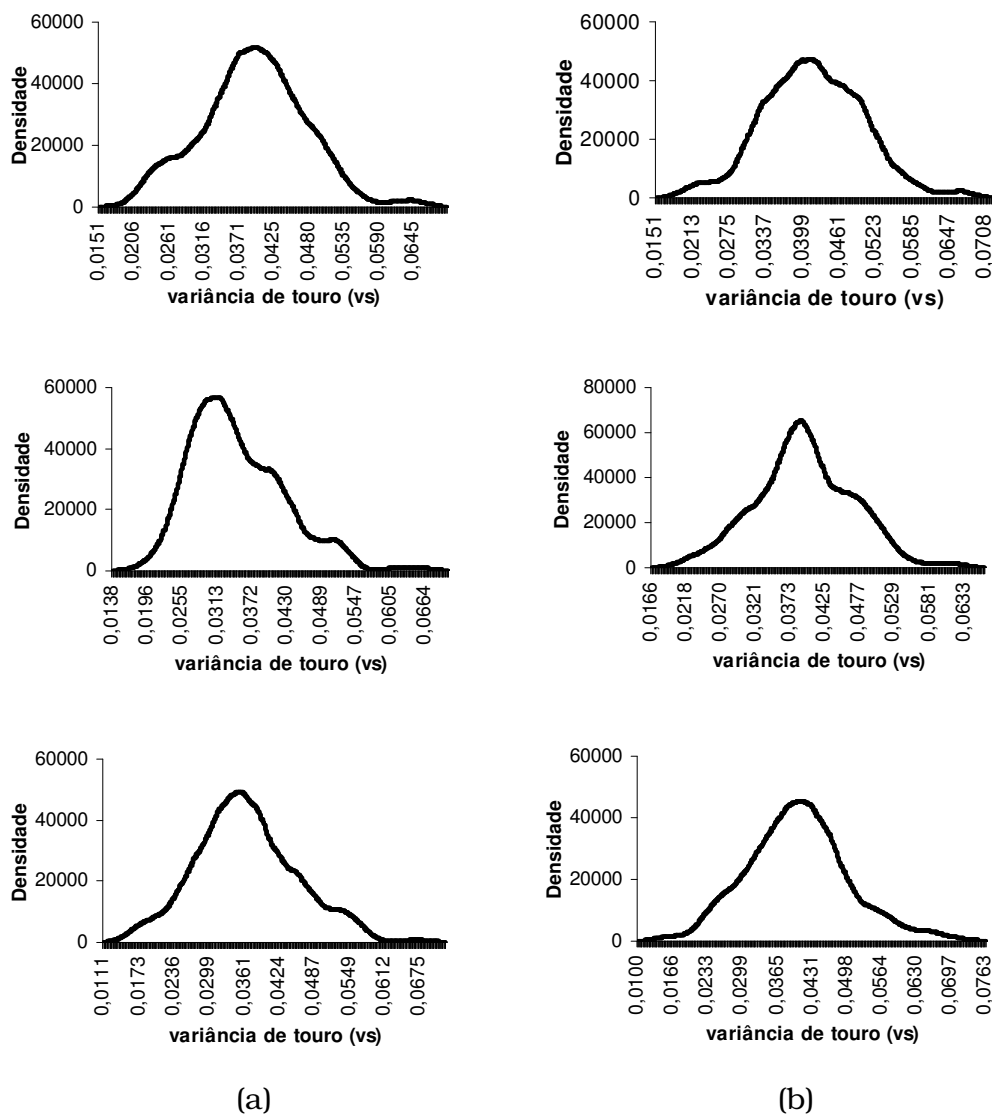


FIGURA 1 - Distribuições posteriores da variância de touro, para os grupos de contemporâneos 1, 2 e 3, respectivamente para arquivos com restrição (a) para Número Efetivo de Progênie (NEP) e sem restrição (b). Tamanho de cadeia 225 mil, descarte amostral de 25 mil e tomada de amostra a cada 1000 rodadas

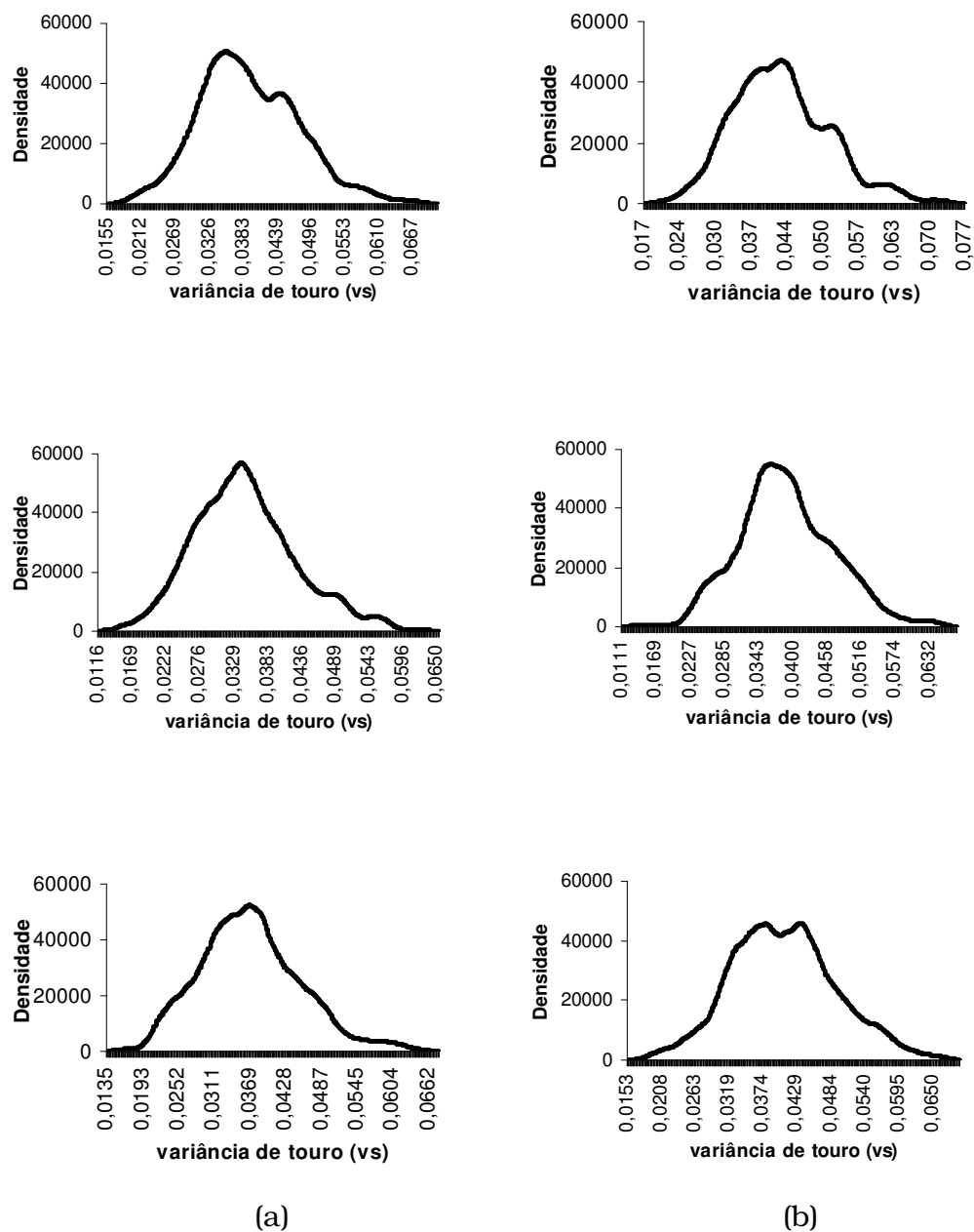


FIGURA 2 - Distribuições posteriores da variância de touro para os grupos de contemporâneos 1, 2 e 3, respectivamente, para arquivos com restrição (a) para Número Efetivo de Progênie (NEP) e sem restrição (b). Tamanho de cadeia 550 mil, descarte amostral de 50 mil e tomada de amostra a cada 1000 rodadas

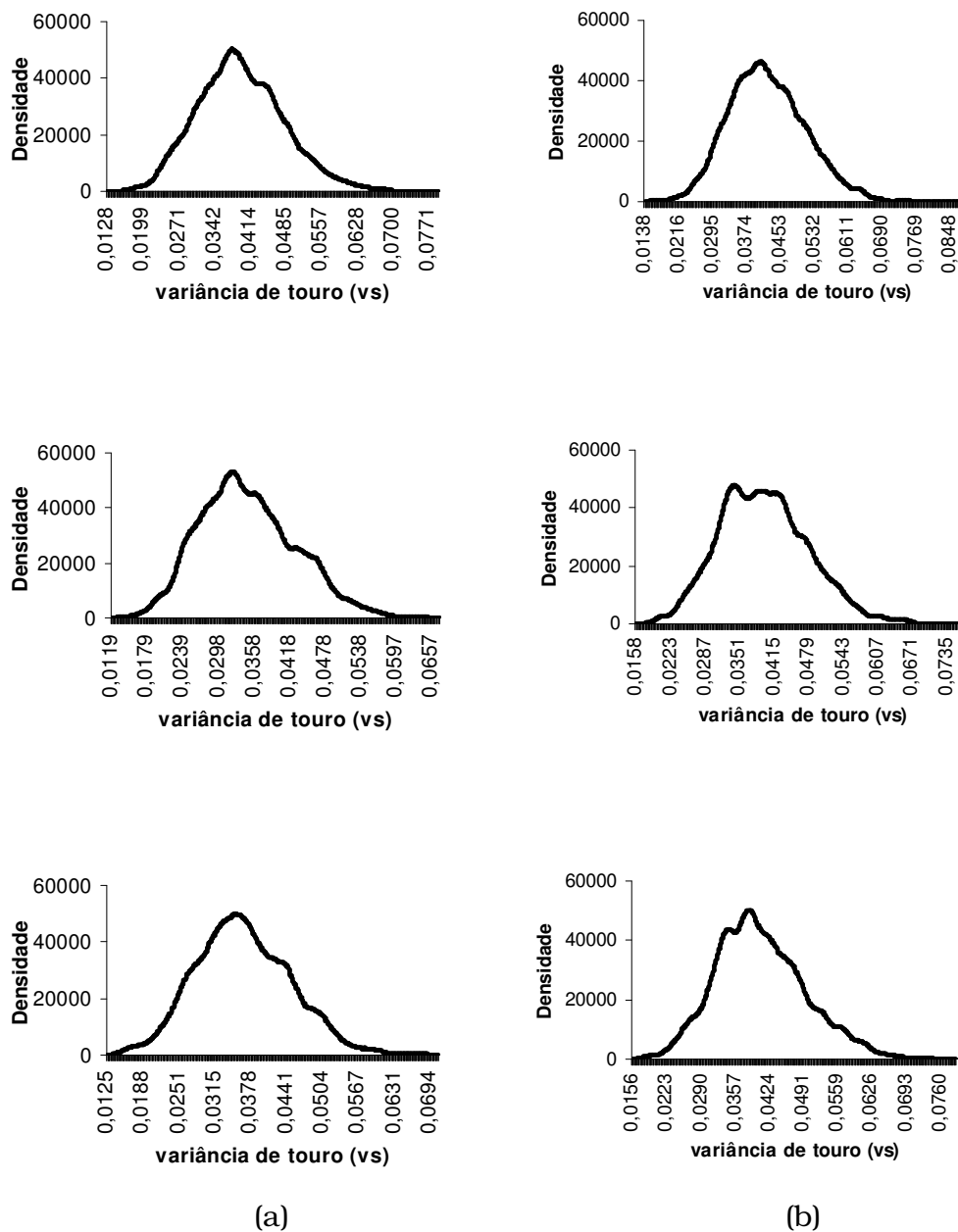


FIGURA 3 - Distribuições posteriores da variância de touro para os grupos de contemporâneos 1, 2 e 3, respectivamente, para arquivos com restrição (a) para Número Efetivo de Progênie (NEP) e sem restrição (b). Tamanho de cadeia 550 mil, descarte amostral de 50 mil e tomada de amostra a cada 250 rodadas

As Tabelas 9 e 10 mostram, respectivamente, as Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) e as correlações entre classificações (*rank*) nas análises dos arquivos com restrição para NEP.

TABELA 9 - Média, desvio-padrão, mínimo e máximo das DEPs (Diferenças Esperadas na Progênie) de 4180 touros avaliados (arquivos com restrição para NEP) segundo diferentes implementações nos arquivos sob restrição para NEP*

	Média	Desvio-padrão	Mínimo (%)	Máximo (%)
GC1 (225)	0,5005	0,0209	35,48	62,54
GC1 (550)	0,5005	0,0210	35,41	62,52
GC1 (550_2)	0,5007	0,0211	35,39	62,59
GC2 (225)	0,5006	0,0196	34,16	61,51
GC2 (550)	0,5006	0,0195	34,20	61,47
GC2 (550_2)	0,5007	0,0194	34,26	61,46
GC3 (225)	0,5014	0,0198	36,35	62,20
GC3 (550)	0,5015	0,0198	36,37	62,27
GC3 (550_2)	0,5015	0,0198	36,40	62,22

* Implementação 225 (225 mil/25 mil/1000), 550 (550 mil/50 mil/1000) e 550_2 (550 mil/50 mil/250).

As maiores correlações de *rank* foram observadas intra-GC (Tabela 10), concluindo-se que a implementação não altera significativamente a classificação dos touros. Quando foram realizadas comparações entre GCs, alterações de até 14% na classificação dos reprodutores puderam ser observadas [GC1 (550) x GC2 (550_2), Tabela 10]. O pior touro foi sempre o pior em todas as análises, porém o melhor foi coincidente somente nas análises para os GCs 1 e 3.

TABELA 10 - Correlações entre classificações dos touros obtidas para os arquivos com restrição para NEP

	GC1 (225)	GC1 (550)	GC1 (550_2)	GC2 (225)	GC2 (550)	GC2 (550_2)	GC3 (225)	GC3 (550)	GC3 (550_2)
GC1 (225)		0,978	0,979	0,867	0,862	0,861	0,885	0,884	0,888
GC1 (550)			0,977	0,864	0,865	0,859	0,885	0,887	0,885
GC1 (550_2)				0,863	0,863	0,862	0,887	0,886	0,886
GC2 (225)					0,977	0,977	0,916	0,915	0,915
GC2 (550)						0,977	0,916	0,917	0,915
GC2 (550_2)							0,913	0,913	0,914
GC3 (225)								0,977	0,977
GC3 (550)									0,976
GC3 (550_2)									

Os 454 touros endogâmicos não apresentaram relação entre o coeficiente de endogamia e a classificação pelas DEPs, para todas as análises dos grupos 2 e 3 ($P > 0,05$). No entanto, foram estatisticamente significativas ($P < 0,05$) e iguais a 0,11 para o grupo 2. Ou seja, haveria correspondência de *ranking* para 11% dos touros sendo que as maiores DEPs seriam de touros com maior coeficiente de endogamia e, da mesma maneira, as menores seriam de touros menos endogâmicos. Devido à baixa magnitude da correlação, nenhuma conclusão pode ser tirada a partir deste valor.

Quando as mesmas correlações de *rank* foram aplicadas sobre os 42 melhores touros (TOP 1%), observaram-se valores iguais a 100% e sobre os 42 piores touros observaram-se altos valores (acima de 99,9%). Portanto, as alterações de *rank* percebidas na análise anterior ocorreram nos touros com DEPs intermediárias para *stayability*.

Nas análises que utilizaram arquivos sem restrição para NEP foram preditas DEPs com maiores magnitudes (por exemplo, para o grupo de contemporâneos 1, a DEP mínima foi 35,5 por cento – Tabela 9 e linha um – contra 37,3 por cento – Tabela 11 e linha um) e apresentaram correlações de *rank* acima de 99% (intra-GC) e acima de 90% entre os diferentes grupos.

Assim, como anteriormente mencionado, não houve correlação de *rank* entre as DEPs e o coeficiente de endogamia, para os 454 touros endogâmicos considerados.

TABELA 11 - Média, desvio-padrão, mínimo e máximo das DEPs (Diferenças Esperadas na Progenie) de 4180 touros avaliados (arquivos com restrição para NEP) segundo diferentes implementações nos arquivos sem restrição para NEP*

	Média	Desvio-padrão	Mínimo (%)	Máximo (%)
GC1sn (225)	0,5022	0,0238	37,29	63,64
GC1sn (550)	0,5024	0,0238	37,36	63,65
GC1sn (550_2)	0,5025	0,0238	37,40	63,69
GC2sn (225)	0,5010	0,0231	35,01	61,70
GC2sn (550)	0,5012	0,0230	35,03	61,64
GC2sn (550_2)	0,5013	0,0231	35,00	61,72
GC3sn (225)	0,5009	0,0223	36,58	62,53
GC3sn (550)	0,5010	0,0224	36,54	62,55
GC3sn (550_2)	0,5008	0,0225	36,47	62,53

* Implementação 225 (225 mil/25 mil/1000), 550 (550 mil/50 mil/1000) e 550_2 (550 mil/50 mil/250).

As correlações de *rank* variaram entre 76 e 80%, ou seja, há alterações nas posições dos touros comparando-se as análises dos arquivos com e sem restrição para NEP.

CONCLUSÕES

Devido à grande importância econômica da característica, ao valor da estimativa de herdabilidade e à existência de variabilidade entre touros, a permanência no rebanho pode ser recomendada como critério de seleção para a raça Nelore.

A implementação empregada nas análises Bayesianas não altera as estimativas de herdabilidade ou a predição e classificação das DEPs dos touros para a característica. No entanto, o tratamento dos dados, submetendo-os ou não à restrição para o Número Efetivo de Progenie (NEP) e o grupo de contemporâneos considerado influenciam o posicionamento do touro quanto à probabilidade de permanência de suas filhas no rebanho.

O emprego da implementação 225 mil/25 mil/1000, nos arquivos sem restrição para NEP e com o grupo de contemporâneos ao nascimento (grupo 1) é indicado para a base de dados do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore, dada a maior facilidade de formação do GC, a velocidade de processamento das análises e a alta correlação de *rank* com as outras implementações.

IMPLICAÇÕES

Os resultados obtidos neste capítulo geraram as DEPs (*Dstay*) publicadas no Sumário de Touros, Matrizes e Animais Jovens do PMGRN-USP, fornecendo mais uma ferramenta para os criadores da raça.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BITTENCOURT, T. C. C. Estimativa de ponderadores econômicos para características de importância econômica em gado de corte, usando equações de lucro. 2001. 59p. Tese Doutorado – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. *J. Anim. Sci.*, v. 79, p. 2023-2046, 2001.

FORMIGONI, I. B. Estimativa de valores econômicos para características componentes de índices de seleção em bovinos de corte. 2002. 77p. Dissertação Mestrado – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.

GELFAND, A. E.; SMITH, A. F. M. Sampling based approaches to calculating marginal densities. *J. Am. Stat. Assoc.*, v. 85, p. 398-409, 1990.

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

LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N.; MAGNABOSCO, C. de U.; FREITAS, M. A. R.; BERGMANN, J. A. G. Avaliação genética de animais jovens, touros e matrizes. Ribeirão Preto, USP/ FMRP/ GEMAC/ Departamento de Genética, 2002. 76p.

MARTÍNEZ, G. E.; KOCH, R. M.; CUNDIFF, L. V. *et al.* Genetic parameters and genetic trends for stayability in Hereford cows. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier – França. Anais... Montpellier: França, 2002. Seção 2, Comunicação 02-32 (CD-ROM).

MORENO, C.; SORENSEN, D.; GARCIA-CORTÉS, L. A.; VARONA, L.; ALTARRIBA, J. On biased inferences about variance components in the binary threshold model. *Genet. Sel. Evol.*, v. 29, p. 145-160, 1997.

MWANSA, P. B.; CREWS, D. H. Jr.; WILTON, J. W.; KEMP, R. A. Multiple trait selection for maternal productivity in beef cattle. *J. Anim. Breed. Genet.*, v. 119, p. 391-399, 2002.

PANETO, J. C. C.; SILVA, J. A. II V.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Expected response to selection on stayability and its economic weight in a population of Nelore cattle in Brazil. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier – França. Anais... Montpellier: França, 2002. Seção 2, Comunicação 02-67 (CD-ROM).

PHOCAS, F.; LALOË, D. Evaluation models and genetic parameters for calving difficulty in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, v. 81, p. 933-938, 2003.

SILVA, J. A. II V.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; GOLDEN, B. L.; OLIVEIRA, H. N. Heritability estimate for stayability in Nelore cows. *Livest. Prod. Sci.*, v. 79, n. 1, p. 97-101, 2003a.

SILVA, J. A. II V.; ELER, J. P.; OLIVEIRA, H. N.; FERRAZ, J. B. S. Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore. *Rev. Soc. Bras. Zoot.*, 2003b (no prelo).

VAN KAAM, J. B. C. H. M. GIBANAL: Analyzing program for Markov Chain Monte Carlo sequences version 2.3, 1997.

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. *J. Anim. Sci.*, v. 76, p. 2048-2061, 1998.

VAN VLECK, L. D. Relationships from sires and maternal grandsires of males. In: Selection index and introduction to mixed model methods for genetic improvement of animals, the green book. CRC Press, Boca Raton-USA, p. 298, 1993.

VISSCHER, P. M.; THOMPSON, R. REML estimates of parameters for fat yield in pedigree herds in the UK using an individual animal model: male and female heritability estimates. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 4, 1990, Edinburgh – Scotland. Anais... Edinburgh: Scotland, 1990, v. XIV, p. 233.