

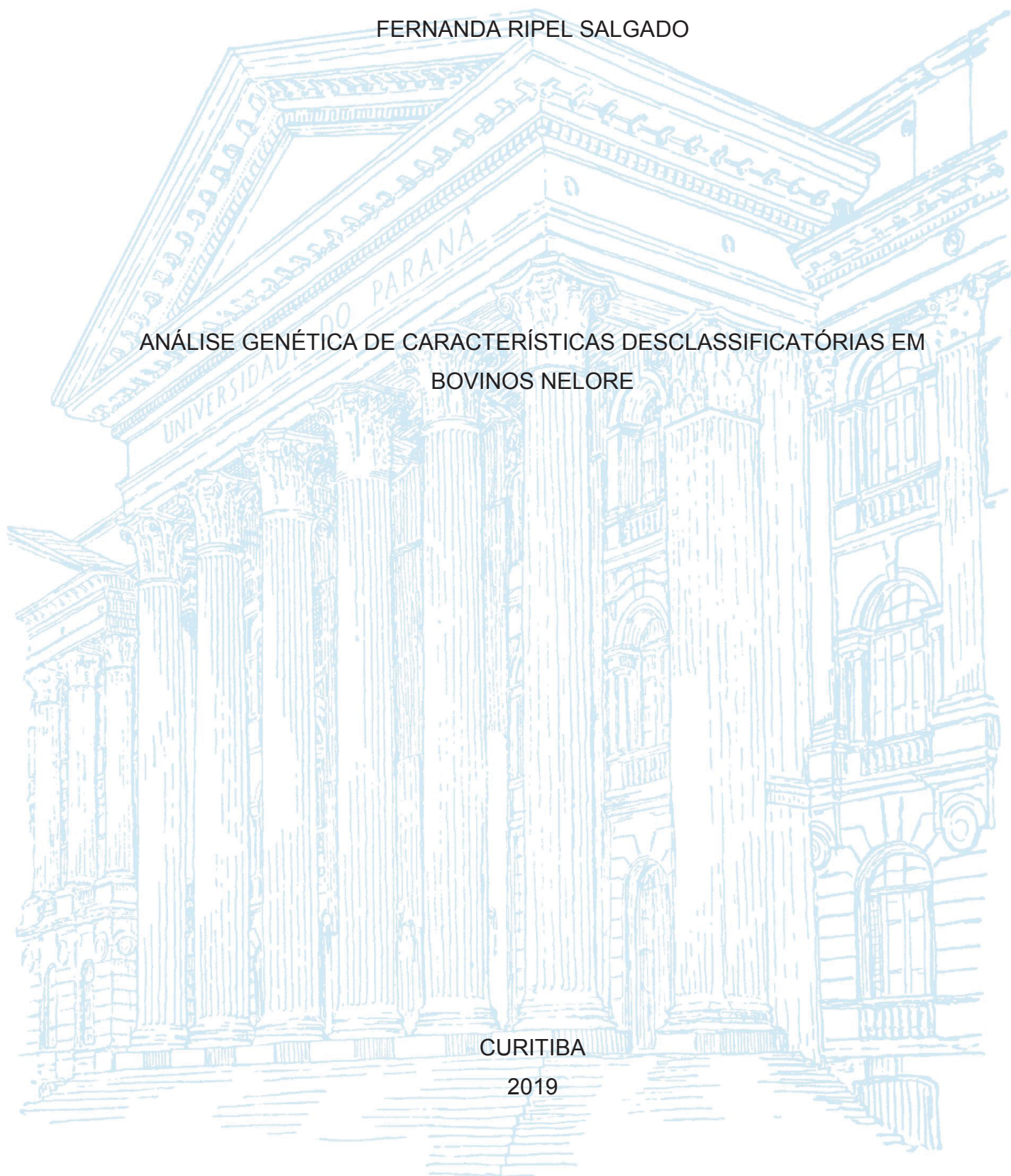
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

FERNANDA RIPEL SALGADO

ANÁLISE GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DESCLASSIFICATÓRIAS EM
BOVINOS NELORE

CURITIBA

2019



FERNANDA RIPEL SALGADO

ANÁLISE GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DESCLASSIFICATÓRIAS EM
BOVINOS NELORE

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Zootecnia.

Orientador(a): Prof(a). Dr(a). Laila Talarico Dias

Coorientador: Prof. Dr. Roberto Carvalheiro

CURITIBA

2019

FICHA CATALOGRÁFICA

SA164a Salgado, Fernanda Ripel
Análise genética de características desclassificadoras em
bovinos Nelore / Fernanda Ripel Salgado. - Curitiba, 2019.
56 p.: il.,

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Paraná.
Setor de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em
Zootecnia.

Orientadora: Laila Talarico Dias
Coorientador: Roberto Cavalheiro

1. Hereditariedade. 2. Linhagem (Genética). 3. Bovino -
Genética. 4. Bovino de corte - Raças. 5. Bovino de corte -
Reprodução. I. Dias, Laila Talarico (Orientadora). II. Cavalheiro,
Roberto (Coorientador). III. Título. IV. Universidade Federal do
Paraná.

CDU 636.2.082.2

TERMO DE APROVAÇÃO



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
SETOR SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO ZOOTECNIA -
40001016082P0

TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em ZOOTECNIA da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da dissertação de Mestrado de **FERNANDA RIPEL SALGADO** intitulada: **Análise genética de características desclassificadoras em bovinos Nelore**, após terem inquirido a aluna e realizado a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua Aprovação no rito de defesa.

A outorga do título de mestre está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

CURITIBA, 28 de Fevereiro de 2019.

LAILA TALARICO DIAS

Presidente da Banca Examinadora (UFPR)

MARSON BRUCK WARPECHOWSKI

Avaliador Interno (UFPR)

CRISTINA SANTOS SOTOMAIOR

Avaliador Externo (PUC/PR)

Com muito amor e gratidão,
dedico à minha mãe.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por me colocar sempre no melhor caminho, mesmo quando eu não vejo.

À minha mãe, que sempre foi meu porto seguro, minha base e força, por fazer de tudo para que eu pudesse chegar até aqui. Mãe, sem você nada seria possível, pois foi quem me ensinou a ser guerreira e batalhar pelo que desejo! Não há palavras para descrever minha gratidão e amor.

À minha orientadora Professora Laila Talarico Dias que sempre foi uma mãe desde a graduação até o mestrado. Obrigada pela atenção, paciência e dedicação e por estar sempre de portas abertas. É um exemplo e inspiração de profissional e pessoa. Dedico minha admiração, gratidão neste projeto.

Ao Professor Rodrigo de Almeida Teixeira por ver as soluções onde eu não enxergava e por estar sempre disponível a me ajudar a melhorar. Obrigada pelo carinho e auxílio de pai!

Ao meu Coorientador Professor Roberto Carvalheiro pela disponibilidade em fazer parte deste projeto.

À CRV Lagoa pela concessão dos dados e a equipe da empresa por estar sempre disponível para solucionar nossas dúvidas.

Aos meus amigos que tornaram essa trajetória mais fácil, me dando um ombro amigo para desabafar, me fazendo rir mesmo quando eu queria chorar, que me apoiaram, incentivaram, deram força e também foram parceiros daquela cervejinha gelada. Cada um do seu jeito, que esteve ao meu lado nos dias de sol e de chuva. Quem tem amigos tem tudo! E eu tenho tudo de melhor! Obrigada por acreditarem em mim, algumas vezes mais do que eu mesma, vocês são essenciais!

Ao Paulo, que em pouco tempo se tornou muito importante. Obrigada pela paciência, pelo apoio, por acreditar em mim e estar ao meu lado, por ser calma em meio à tempestade.

Ao GAMA, pelas risadas de alegria e desespero, pela generosidade ao dividirem o que sabem, pelos cafés e bolos, por esses 5 anos fazendo parte desta história, não apenas de estudo, mas de amizade também. Amauri, Bárbara, Bruno, Cláudia, Francisco, Gisele, Lorena, Rodrigo e Simone, que nossos caminhos sejam de sucesso e sempre se cruzem por esse mundo a fora.

Aos colegas da Pós-Graduação pela parceria nas aulas, churrascos e conversas soltas pelo corredor e especialmente a Carolina, que foi um pouco GAMA também nesse caminho.

À Professora Alda Monteiro por aceitar fazer parte da minha banca de qualificação, com seus excelentes apontamentos que me ajudaram a melhorar.

Ao Professor Marson Bruck Warpechowski e à Professora Cristina Santos Sotomaior por disponibilizarem seu tempo e contribuírem com meu crescimento profissional.

A todos que contribuíram de alguma forma ou mandaram energias positivas para que tudo ocorresse bem.

Minha eterna gratidão!

*“Comece fazendo o que é necessário, depois o que é possível e de repente
você estará fazendo o impossível.”*

São Francisco de Assis

*“O período de maior ganho em conhecimento e experiência é o período mais
difícil da vida de alguém.”*

Dalai Lama

*“A tarefa não é tanto ver aquilo que ninguém viu, mas pensar o que ninguém
ainda pensou sobre aquilo que todo mundo vê”*

Arthur Schopenhauer

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos para defeitos de aprumos (AP), boca (BO), chanfro (CH), umbigo (UM), despigmentação (DP), hérnia umbilical (HE), hipoplasia testicular (HT) e descaracterização racial (RA), considerando o efeito de linhagem paterna, em bovinos da raça Nelore. Os dados foram concedidos pelo programa de melhoramento genético PAINT®, pertencente à empresa CRV Lagoa e foram obtidos no momento da avaliação de sobreano. Estes defeitos são considerados desclassificatórios pelo programa, pois impedem o animal de receber certificado que comprova sua genética superior e que pode ser utilizado como reprodutor. As características desclassificatórias foram avaliadas de forma binária, atribuindo-se 1 para presença do defeito e 0 para ausência. As 15 linhagens foram formadas a partir dos bisavôs com maior número de descendentes com defeitos. Os parâmetros genéticos foram estimados por meio de inferência Bayesiana, sob modelo animal, através do programa THRGIBBS1F90, sendo uma análise bicaracterística para defeitos de aprumos e peso ao sobreano e unicaracterística para as demais características avaliadas. Observou-se que, aproximadamente, 9% dos animais avaliados apresentaram algum dos defeitos desclassificatórios, sendo aprumo o problema mais frequente. Proporcionalmente ao número de animais em cada linhagem, as linhagens que apresentaram maior e menor porcentagem de defeitos, corresponderam a 14,9% e 5,6%, respectivamente. As estimativas de herdabilidade para AP, BO, CH, DP, HE, HT, RA, UM e peso ao sobreano no arquivo sem linhagem e com linhagem, foram, respectivamente: 0,46, 0,26; 0,14, 0,26; 0,15, 0,27; 0,60, 0,67; 0,16, 0,49; 0,36, 0,15; 0,48, 0,36; 0,19, 0,57 e 0,29, 0,41. A correlação genética entre defeitos de aprumos e peso foi de 0,16, por ser uma correlação moderada e positiva, indica que o aumento de peso pode favorecer o aparecimento de problemas de aprumo. Todas as características apresentaram herdabilidades moderadas a altas, indicando que responderiam a seleção e que é possível diminuir a incidência destes problemas através da inclusão da informação genética destas características nos programas de acasalamentos dirigidos, em que animais que apresentam algum defeito ou que podem transmitir, não seriam acasalados e assim, diminuir o número de animais que deixam de receber o certificado que comprova sua superioridade genética, devido a defeitos que poderiam ter sido evitados.

Palavras-chave: Características desclassificatórias, correlação genética, herdabilidade, inferência Bayesiana, linhagem paterna.

ABSTRACT

The aim of this study was to estimate the genetic parameters for defects of legs (AP), mouth (BO), chamfer (CH), navel (UM), depigmentation (DP), umbilical hernia (HE), testicular hypoplasia (HT) and racial characterization (RA), considering the effect of paternal lineage, in Nelore cattle. The data were granted by the PAINT® breeding program belonging to the company CRV Lagoa and were obtained at the moment of the evaluation of the yearling. These defects are considered disqualifying by the program, since they prevent the animal from receiving a certificate that proves its superior genetics and that can be used as a breeder. The disqualifying characteristics were evaluated binary, assigning 1 for the presence of the defect and 0 for absence. The 15 lineages were formed from the great-grandparents with the highest number of descendants with defects. The genetic parameters were estimated by means of Bayesian inference, under animal model, through the program THRGIBBS1F90, being that a bicharacteristic analysis was performed for defects of legs and yearling weight and uncharacteristic for the other evaluated characteristics. It was observed that approximately 9% of the evaluated animals presented some of the disqualifying defects, being the problems of legs the most frequent defect. Proportionally to the number of animals in each lineage, the lines with the highest and lowest defects percentage corresponded to 14.9% and 5.6%, respectively. Heritabilities estimates for AP, BO, CH, DP, HE, HT, RA, UM and yearling weight in the non-lineage and lineage file were, respectively, 0.46, 0.26; 0.14, 0.26; 0.15, 0.27; 0.60, 0.67; 0.16, 0.49; 0.36, 0.15; 0.48, 0.36; 0.19, 0.57 and 0.29, 0.41. The genetic correlation between legs defects and yearling weight was 0.16, since it is a moderate and positive correlation, indicating that weight gain may favor the appearance of legs' problems. All characteristics showed moderate to high heritabilities, indicating that they would respond to selection and that it is possible to reduce the incidence of these problems by including the genetic information of these characteristics in directed mating programs, in which animals that are defective or transmit they would be mated and thus, to minimize the number of animals that lose certificate, proving their superior genetics, due to defects that could have been avoided.

Key words: Bayesian inference, declassifying traits, genetic correlation, heritability, sire lineages.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 Exemplos de defeitos de aprumos observados em bovinos Nelore.....	18
Figura 2 Escala de escores para a característica prepúcio/umbigo na raça Nelore..	20
Figura 3 Despigmentação em bovinos Nelore.....	23
Figura 4 Bragnatismo em bovino Nelore.	24
Figura 5 Bovino Nelore com hérnia umbilical.	25
Figura 6 Bovino Nelore com hipoplasia testicular unilateral total.	26
Figura 7 Animais da raça Nelore que apresentam chanfros com desvios.....	28

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Número de animais (N) avaliados ao sobreano, método de avaliação, estimativas de herdabilidade (h^2) para aprumos e correlações genéticas (rg) com peso corporal em bovinos da raça Nelore, conforme literatura.	19
Tabela 2. Número de animais (N), estimativas de herdabilidade (h^2) para umbigo e as correlações genéticas (rg) com peso corporal em bovinos de corte, conforme a raça, em diferentes trabalhos.	21
Tabela 3 Análise descritiva com número de animais (N), as médias e desvios-padrão (dp) dos dados de peso (em kg) e idade (em dias) ao sobreano de bovinos Nelore.	34
Tabela 4 Número de grupos de contemporâneos (NGC) utilizados para análise de cada característica avaliada.	34
Tabela 5 Análise descritiva com número de animais (N), as médias e desvios-padrão (dp) dos dados de peso (em kg) e idade (em dias) ao sobreano de bovinos Nelore.	35
Tabela 6 Número de grupos de contemporâneos (NGC) utilizados para análise de cada característica avaliada no banco de dados para estudo de linhagens.	35
Tabela 7 Número total de descendentes em cada linhagem e porcentagem de defeitos avaliados em bovinos Nelore.	36
Tabela 8 Número (N) e, respectiva porcentagem (%) de bovinos Nelore que apresentaram características desclassificadoras ao sobreano.	40
Tabela 9 Resumo da ANOVA dos efeitos ambientais sobre as características morfológicas de bovinos Nelore, avaliadas ao sobreano considerando ou não o efeito da linhagem.	42
Tabela 10 Estimativas das herdabilidades (h^2) e os intervalos de maior densidade a posteriori a 95% (HPD 95%) para características desclassificadoras em bovinos da raça Nelore ao sobreano.	43

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	13
1.1 OBJETIVO GERAL	14
2 REVISÃO DE LITERATURA	15
UMBIGO.....	19
DESPIGMENTAÇÃO	22
PROBLEMAS DE BOCA.....	23
HÉRNEA UMBILICAL	24
HIPOPLASIA TESTICULAR E CRIPTORQUIDISMO	25
CHANFRO E CARACTERIZAÇÃO RACIAL	27
MODELOS DE LIMIAR PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS CATEGÓRICAS.....	29
3 MATERIAL E MÉTODOS	33
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
5 CONCLUSÕES	47
6 CONSIDERAÇÕES FINAIS	48
REFERÊNCIAS.....	49

1 INTRODUÇÃO

A bovinocultura de corte é uma atividade realizada em todas as regiões do Brasil, sendo a Centro-Oeste a que apresenta maior produção, com 34% do rebanho, seguida das regiões Norte, Sudeste (22% e 18%, respectivamente) e, Nordeste e Sul com 13% do rebanho nacional (IBGE, 2017). Em 2017, foram exportadas 400 mil cabeças como bovinos vivos (boi em pé), principalmente para o Vietnã e a Indonésia (ABIEC, 2018), além de sêmen para países da América Central, Europa, Emirados Árabes e América do Sul, em que o Paraguai e a Bolívia são os principais compradores de genética brasileira (ASBIA, 2018).

Parte da genética exportada é proveniente de animais avaliados por programas de melhoramento genético de gado de corte no Brasil que realizam seleção, principalmente, para características de crescimento devido à importância econômica. Além de peso, características morfológicas avaliadas por meio de escores visuais têm sido usadas como critérios de seleção para estimar a composição de carcaça e precocidade, e identificar animais com biótipos economicamente eficientes (FARIA et al., 2007a, DUITAMA et al., 2015).

Outra preocupação recente dos programas de melhoramento refere-se as características morfofuncionais como: aprumos, pigmentação, caracterização racial, chanfro, boca, hérnea umbilical, hipoplasia testicular e umbigo. Nesta avaliação são observados defeitos que podem afetar o desempenho dos animais favorecendo o surgimento de dores, doenças e levar a morte em casos mais graves. Sendo assim, o uso frequente desses animais na reprodução poderá prejudicar a produção, pois se estas características apresentarem herdabilidade de moderada a alta serão transmitidas às gerações futuras.

Estas avaliações são realizadas no nascimento, na desmama e ao sobreano e nesta última etapa, são selecionados animais que podem receber o CEIP (Certificado Especial de Identificação e Produção), certificado que identifica os 20% indivíduos que foram bem avaliados em seus respectivos programas, apresentam valores genéticos superiores para características economicamente importantes e podem ser utilizados como reprodutores. Porém, antes de conceder o certificado, a avaliação de características morfofuncionais é realizada para que animais com defeitos não o recebam e com isso, perde-se a oportunidade de utilizar animais

geneticamente superiores, já que esta lista não pode ser refeita para incluir outros que estariam aptos a receber o certificado.

Por essa razão, identificar e selecionar precocemente animais que não apresentam defeitos é relevante para a pecuária de corte. No entanto, ainda são poucos os programas que realizam esta avaliação e, por essa razão, são escassos os artigos na literatura sobre a estimação de parâmetros genéticos para defeitos morfológicos em bovinos de corte, justificando, dessa forma, a importância de estimá-los e, posteriormente, utilizá-los como critérios de seleção (MARCONDES et al., 2005).

Além disso, identificar a importância do efeito da linhagem de touros sobre tais características, bem como as que apresentam maiores índices de defeitos é importante uma vez que, as linhagens têm forte influência sobre a decisão de escolha entre touros que serão usados na estação de monta. Estas informações poderão auxiliar os programas de acasalamento dirigido a identificar os melhores acasalamentos entre os animais, combinando valores genéticos e pedigree, para maximizar o ganho genético do rebanho e, ao adicionar informações sobre defeitos, minimizar a ocorrência destes nos rebanhos nacionais.

1.1 OBJETIVO GERAL

Estimar parâmetros genéticos para características morfológicas desclassificadoras avaliadas em bovinos da raça Nelore, considerando ou não o efeito da linhagem paterna.

2 REVISÃO DE LITERATURA

Os programas de melhoramento genético têm como objetivo explorar as diferenças genéticas entre os animais para aumentar o lucro do produtor (WENCESLAU et al., 2012). Por meio dos programas são realizadas as avaliações genéticas que informam as DEPs (Diferenças Esperadas na Progenie) do animal para cada característica de interesse, como peso e ganho de peso, indicando assim o potencial genético de cada reprodutor, informações publicadas em sumários de touros (CAMPIDELLI; JOSAHKIAN, 2012).

No Brasil, a avaliação genética começou a ser melhor difundida e utilizada pelos criadores após a publicação da portaria 267 do MAPA (1995) outorgar o CEIP (Certificado Especial de Identificação e Produção), que certifica os 20% de animais (machos e fêmeas) geneticamente superiores do ano, avaliados pelos programas de melhoramento genético. A compra de touros denominados “ceipados” garante ao criador que tais animais poderão transmitir à progênie características economicamente importantes, o que resultará em ganho genético para o rebanho.

Além disso, este certificado garante ao criador o transporte de animais pelo país com isenção de ICMS (Imposto sobre Circulação de Mercadorias e Serviços), imposto cobrado nas operações de venda de animais e sêmen e também financiamento de instituições financeiras públicas e privadas. Em 2017, segundo o relatório anual da ASBIA (Associação Brasileira de Inseminação Artificial), na raça Nelore os animais com CEIP representaram 19% do total de produção de sêmen, indicando que a procura por animais certificados no Brasil é grande.

Os programas de melhoramento têm realizado outra avaliação nos animais “candidatos ao CEIP” na qual as características raciais, aprumos, entre outras, são inspecionadas com objetivo de evitar que características indesejáveis possam ser transmitidas de uma geração para outra, porém estas não fazem parte da avaliação genética. Portanto, só os animais aprovados nesta etapa receberão a marca a fogo e o CEIP.

Embora as avaliações de características morfofuncionais possam auxiliar na seleção de reprodutores, não há informações genéticas sobre as mesmas, ou seja, ainda que o animal não apresente o defeito no momento da avaliação, não se sabe se sua progênie poderá apresentar o defeito e, diante de um cenário em que

produtores buscam animais superiores geneticamente, incluí-las na avaliação genética é importante.

A seleção favorece o aumento na frequência de genes favoráveis, por escolher os melhores indivíduos da geração atual para se tornarem os pais da próxima geração e a resposta do potencial da seleção depende da magnitude dos parâmetros genéticos, além da intensidade de seleção (LIMA et al., 1989) e, com a implementação de programas de melhoramento genético e uso de tecnologias reprodutivas, a contribuição genética de alguns reprodutores pode ser desigual e prolongada (FARIA et al., 2010), fixando tanto características desejáveis, quanto indesejáveis através do uso intensivo de reprodutores pertencentes a determinadas linhagens.

Segundo Magnabosco et al. (1997), o termo linhagem refere-se a um grupo de animais que apresentam maior grau de parentesco entre si, descendentes de um reprodutor ou reprodutriz. O parentesco indica que entre dois indivíduos há maior probabilidade de que tenham mais genes em comum do que outros quaisquer indivíduos da população (MARCONDES et al., 2007). De acordo com Oliveira et al. (2002) é possível que, durante o passar do tempo, os animais pertencentes a diferentes linhagens apresentem material genético distinto, mas com maior uniformidade com animais da mesma linhagem.

Para identificar linhagens que não apresentem problemas no que se refere às características morfofuncionais e incluí-las nas avaliações genéticas, é necessário primeiramente estimar parâmetros genéticos que indicarão se a característica responderá ou não à seleção, e se é possível obter ganhos genéticos através da seleção direta para uma característica (REIMANN et al., 2018).

Além disso, a seleção de reprodutores pode ser realizada antes da avaliação de CEIP, pois antes de receberem o certificado, os animais candidatos passam por uma última avaliação e os que apresentam problemas que não foram verificados em outras avaliações, não o recebem. No entanto, o ranking não é refeito e os animais que não apresentam defeito e que foram classificados após os 20% não poderão receber o CEIP. Por essa razão, a identificação precoce de animais que apresentam algum defeito desclassificatório é importante, pois tornará o uso de animais “ceipados” mais eficiente.

Para utilizar uma característica como critério de seleção é importante entender o impacto na produção e porque se deseja fixar uma característica ou

retirá-la. As características morfofuncionais como: aprumos, umbigo, despigmentação, problemas de boca, hérnia umbilical, hipoplasia testicular, chanfro e caracterização racial podem causar prejuízos econômicos.

APRUMOS

O sistema de produção a pasto é o mais comumente utilizado no Brasil, sendo assim, o animal apresenta maior necessidade de deslocamento para buscar alimento. Isso justifica a demanda por aprumos adequados, pois assim o animal poderá caminhar e se alimentar e, conseqüentemente, expressar seu potencial genético para crescimento. Além disso, tanto os animais de central de inseminação, como os de fazenda devem apresentar bons aprumos, pois machos com bons aprumos conseguem realizar a monta e as fêmeas podem suportar o peso dos reprodutores. Por essa razão, a avaliação de aprumos está relacionada ao período de permanência no rebanho, o que influencia na produtividade e longevidade (JOSAHKIAN et al., 2003).

Os aprumos são avaliados através das proporções, direções, angulações, articulações, observando a estrutura de ossos, tendões e ligamentos dos membros anteriores e posteriores (KOURY FILHO et al., 2015). Pelo método EPMURAS® (avaliação visual das características Estrutura Corporal, Precocidade, Musculosidade, Umbigo, Padrão Racial, Aprumos e Sexualidade), o escore de aprumos é pontuado de 1 a 4 e outros métodos de avaliação visual utilizam escores de 1 a 5, as notas baixas indicam problemas de aprumos e as notas altas indicam aprumos adequados. A avaliação pode ser realizada por avaliadores da fazenda ou técnicos treinados do programa.

Outro método de avaliação utiliza o sistema binário (0 ou 1), em que o avaliador apenas informa se o animal apresenta problema de aprumo (1), mas sem especificar qual seria, ou seja, embora a avaliação seja baseada em detalhes como angulações e articulações, este detalhamento se perde quando informa-se somente que o animal apresenta defeito. A avaliação é feita de frente, observando irregularidades posturais como, aprumos cambotas (Figura 1a), quando a distância entre os joelhos é grande, aprumos cambaios (Figura 1b), quando a distância entre os joelhos é pequena. Na avaliação lateral é observado, por exemplo, se as pernas são excessivamente curvas (Figura 1c) ou retas e angulação dos cascos (Figura 1d).

Figura 1 Exemplos de defeitos de aprumos observados em bovinos Nelore.



Figura 1a Aprumos cambotas



Figura 1b Aprumos cambaios

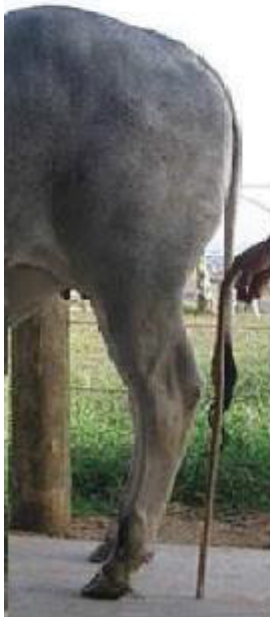


Figura 1c Pernas excessivamente curvas



Figura 1d Achinelamento das unhas

Fonte: (1b: CRV Lagoa, 2017);(1a,1c,1d: Marega, 2014).

Apesar da frequente avaliação e utilização de escores para aprumos nos programas de melhoramento, há poucos estudos relacionados às estimativas de herdabilidade para que se possa inferir se as diferenças entre os animais são genéticas ou ambientais e assim, identificar como diminuir a incidência deste defeito.

Por exemplo, o uso de acasalamento dirigido, ao selecionar animais sem problemas, evitaria problemas de aprumos na progênie (Tabela 1).

Tabela 1. Número de animais (N) avaliados ao sobreano, método de avaliação, estimativas de herdabilidade (h^2) para aprumos e correlações genéticas (rg) com peso corporal em bovinos da raça Nelore, conforme literatura.

Autor (ano)	N	Avaliação	h^2	rg
Lima et al. (1989)	364	Escore	0,37	-
Koury Filho et al. (2002)	17.168	Escore	0,40	0,33
Vargas et al. (2017)	300.000	Binária	0,18	0,04
		Escore	0,39	0,39

Pela Tabela 1 é possível notar estimativas altas de herdabilidades que indicam variabilidade genética na população e, desta forma, a característica responderia à seleção direta.

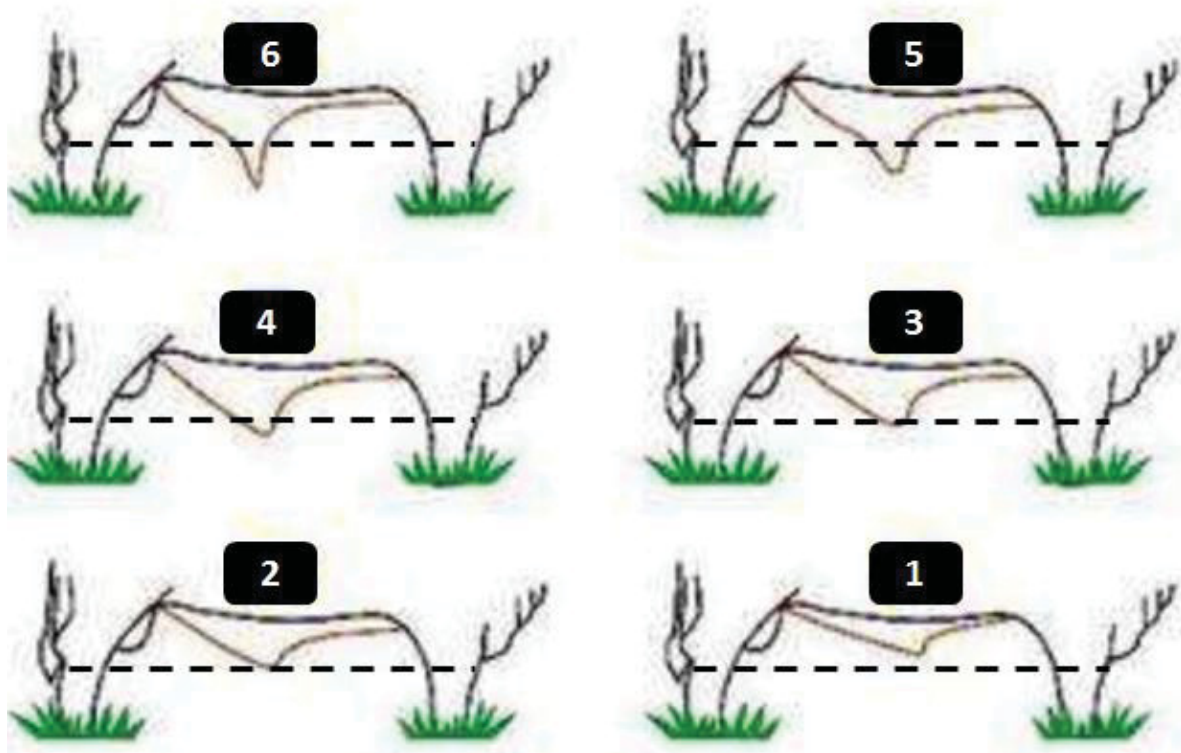
As correlações positivas com peso sugerem que a seleção para peso poderá levar a resposta indireta indesejável para aprumos ou seja, a seleção para animais de pesos elevados favorece o aparecimento de problemas de aprumos.

UMBIGO

Em relação ao umbigo, a avaliação refere-se ao tamanho e posicionamento da prega umbilical, considerando bainha e prepúcio nos machos (ELER et al., 1996), sendo que, é considerado defeito quando ultrapassa a linha do jarrete (Figura 2). Esta é uma característica importante, visto que animais com umbigos pendulosos são mais susceptíveis a traumas e infecções pelo contato com a pastagem, comprometendo a reprodução (HUEB & JOSAHKIAN, 2013; BOLIGON et al., 2016). Nas fêmeas, o tamanho do umbigo não tem valor funcional, porém tem sido usado como indicativo do tamanho do prepúcio de seus filhos (BIGNARDI et al., 2011).

O prolapso prepucial é comum em touros de corte e está relacionada a fatores hereditários, infecciosos e de ambiente. Entre os fatores hereditários estão o tamanho e a pendulosidade do umbigo, o tamanho do orifício prepucial e a ausência de músculos retratores (VIU et al., 2002).

Figura 2 Escala de escores para a característica prepúcio/umbigo na raça Nelore.



Escores: 1 = umbigo muito curto; 2, 3 e 4 = escores ideais; 5 e 6 = umbigos muito grandes e/ou pendulosos. Fonte: Adaptado de Brazilcomz – Zootecnia Tropical, 2012.

A avaliação pode ser realizada por meio de escores, variando de 1 a 5 ou 1 a 6, como na Figura 2. Neste sistema de avaliação, deseja-se animais com escores 2, 3 e até 4, por não serem umbigos muito curtos como o escore 1 e nem muito grandes e/ou pendulosos (distantes da região ventral) como nos escores 5 e 6, pois podem comprometer a funcionalidade do animal a campo (BRAZILCOMZ, 2012). Na avaliação binária, é indicado pelo avaliador se o umbigo é de tamanho desejável (0) ou se é de tamanho indesejável (1), quando muito curto ou muito penduloso, porém, perde-se os graus que o sistema por escore fornece.

Na Tabela 2 estão apresentados parâmetros genéticos para característica umbigo, de acordo diferentes trabalhos publicados.

Tabela 2. Número de animais (N), estimativas de herdabilidade (h^2) para umbigo e as correlações genéticas (r_g) com peso corporal em bovinos de corte, conforme a raça, em diferentes trabalhos.

Autor (Ano)	Raça	N	h^2		r_g
			desmama	sobreano	
Lima et al. (1989)	Nelore	364	-	0,70	-
Koury Filho et al. (2003)	Nelore	11.310	0,29	-	-0,05
Barichello et al. (2010)	Canchim	9.111	0,27	-	0,22
Bignardi et al. (2011)	Nelore	135.440	0,14	0,26	0,33 desmama 0,06 sobreano
Araújo et al. (2010)	Angus- Nelore	39.676	0,20	-	0,06
Araújo et al. (2012)	Brangus	6.789	-	0,32	0,005
Lima et al. (2013)	Nelore	21.032	-	0,36	0,32
Campos et al. (2018)	Hereford Braford	127.539	-	0,42	0,16

Pela Tabela 2, é possível notar coeficientes de herdabilidade moderados e altos, o que indica possibilidade de identificar animais geneticamente superiores, ou seja, que apresentam tamanho de umbigo adequado. Atualmente, os sumários apresentam a DEP (Diferença Esperada na Progenie) para esta característica, que compara o mérito genético entre os animais avaliados e prediz a habilidade de transmissão para a progênie. A DEP auxilia na escolha de touros que podem ser usados em acasalamentos dirigidos corretivos, por exemplo, ou de forma a evitar a disseminação de problemas com umbigo.

Em relação às correlações genéticas com características de desempenho ponderal, Koury Filho et al. (2003) concluíram que a seleção para diminuir umbigo não interferiria de forma significativa na seleção para peso à desmama, caso a seleção fosse realizada prioritariamente para umbigo. Bignardi et al. (2011) estimaram correlação genética moderada e positiva com peso a desmama (0,33) e concluíram que ao promover aumento de peso por meio da seleção, o tamanho do umbigo também poderá aumentar, o que seria indesejável, porém ao sobreano, essas características seriam independentes geneticamente. Devido a essas

diferenças encontradas é importante estimar correlações genéticas entre essas características para melhor compreender a relação entre elas.

DESPIGMENTAÇÃO

Para que o animal receba registro genealógico na Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ, 2013), associação responsável pela raça Nelore, a despigmentação excessiva desclassifica o animal para o registro, pois além de manter o padrão racial, esta característica é importante para evitar o desenvolvimento de doenças de pele. Na raça Nelore, a despigmentação ocorre principalmente na ponta da cauda (Figura 3a) e mucosas, como também “placas” no corpo.

Segundo Batista (2012), animais com pouca ou falta de pigmentação são mais susceptíveis ao aparecimento de problemas de pele devido a prolongada exposição à radiação solar, tais como o melanoma maligno ou melanocarcinoma, carcinoma escamoso da vulva, carcinoma escamoso da pele e o carcinoma escamoso periocular de bovinos (Figura 3b). O carcinoma caracteriza-se por um tumor que, em casos mais graves, pode produzir metástases e disseminar para outros órgãos (CARDOSO et al., 2016). Estas doenças resultam em perdas econômicas devido aos tratamentos, condenação de carcaça e ainda, perdas indiretas em fertilidade e produtividade (REIMANN et al., 2018).

A despigmentação pode ser avaliada de forma binária, quando o indivíduo apresenta (1) ou não despigmentação (0) ou por meio de escore com notas de 1 a 3, sendo nota 3 para animais que apresentam despigmentação aparente.

Figura 3 Despigmentação em bovinos Nelore.



Figura 3a (Esquerda): Bovino Nelore com despigmentação na ponta da cauda. Figura 3b (Direita): Bovino Nelore com carcinoma periocular.

Fonte: CRV Lagoa, 2017.

Lima et al. (1989) avaliaram a pelagem (cor dos pelos e pigmentação da pele) de machos da raça Nelore, utilizando notas de 1 a 9 e estimaram herdabilidade de 0,53. De acordo com Koury Filho et al. (2002), o coeficiente de herdabilidade para despigmentação em animais da raça Nelore foi de 0,47. Nos dois trabalhos os autores concluíram que a despigmentação não tem relação importante com as características de produção, ou seja, a seleção para desenvolvimento ponderal não prejudica a pigmentação. Reimann et al. (2018) estudaram pigmentação ocular de animais das raças Braford e Hereford e estimaram herdabilidade de 0,46, concluindo que é possível obter ganhos genéticos selecionando esta característica.

PROBLEMAS DE BOCA

Anomalias de mandíbula podem ser observadas em diversas espécies e foram descritas, principalmente em estudos veterinários com caprinos e ovinos. Prognatismo é uma das anomalias mais relatadas na literatura, sendo caracterizada pelo alongamento da mandíbula ou da maxila; outra anomalia é o bragnatismo ou retrognatismo (Figura 4) que é caracterizado pelo encurtamento da mandíbula ou da maxila. Há ainda o agnatismo, ausência da mandíbula, com baixa incidência e incompatível com a vida (MAGALHÃES et al., 2008).

Figura 4 Bragnatismo em bovino Nelore.



Fonte: CRV Lagoa, 2017.

Pela Figura 4, é possível inferir que em função da dificuldade para apreensão e mastigação dos alimentos, o desempenho do animal pode ser afetado devido a deficiências alimentares e que pode levar a morte (ROCHA, 2003). As anomalias são manifestadas ao nascimento, devido à genética ou ação de agentes ambientais relacionados à saúde materna e/ou no desenvolvimento fetal (MORAES, 1990; MAGALHÃES et al., 2008). A avaliação de boca não é feita através de escores, mas de forma binária, se o animal apresenta ou não algum problema de boca, sem distinção de qual problema foi observado.

Apesar de ser uma anomalia recorrente em diversas espécies, não há estudos sobre os parâmetros genéticos desta característica para bovinos de corte, o que justifica a importância dessa informação, não só para melhor orientar o descarte de animais, mas para que se possa minimizar a ocorrência deste defeito dos rebanhos.

HÉRNEA UMBILICAL

É caracterizada pela protusão de conteúdo abdominal que ocorre através da abertura congênita ou adquirida, do anel inguinal (Figura 5), que compromete o desenvolvimento dos animais. Pode estar associada a outras onfalopatias e manejo inadequado (STEENHOLDT & HERNANDEZ, 2004; SILVA et al., 2012), além da ocorrência de partos gemelares ou antecipados (HERRMANN et al., 2001).

Figura 5 Bovino Nelore com hérnia umbilical.



Fonte: CRV Lagoa, 2017.

A avaliação da hérnia umbilical é realizada através da observação da presença ou não e, dentre as consequências deste defeito, destaca-se a perda de peso, predisposição a infecções sistêmicas e possibilidade de óbito, além de desvalorização comercial do animal e prejuízos econômicos ao produtor (RABELO et al., 2005).

Herrmann et al. (2001) estimaram herdabilidade de 0,36 para animais germânicos Fleckvieh, uma linhagem de dupla aptidão da raça Simental, e concluíram que provavelmente há mais de um gene envolvido na expressão desta característica e que a incidência poderia ser reduzida com a identificação precoce e seleção.

HIPOPLASIA TESTICULAR E CRIPTORQUIDISMO

A fertilidade do touro é avaliada através de exame andrológico que identifica o potencial fértil do touro e algum problema na qualidade do sêmen, formato e tamanho dos testículos, entre outros aspectos (PASTORE et al., 2009).

Diversas patologias testiculares que afetam a fertilidade dos touros podem ter causas de origem genética, congênita ou adquirida (BICUDO et al., 2007). Uma dessas patologias é o criptorquidismo que ocorre quando os testículos não descem

para a bolsa escrotal. Os animais podem apresentar libido, porém quando for bilateral, não apresenta sêmen e, quando afeta somente um dos testículos, pode apresentar sêmen normal (SILVA et al., 1993).

Outra patologia é a hipoplasia testicular (Figura 6) que está entre os principais distúrbios em bovinos e caracteriza-se pelo desenvolvimento deficiente do testículo, que pode ser uni ou bilateral, parcial ou total (GLEDHILL, 1973; STEFFEN, 1997).

Figura 6 Bovino Nelore com hipoplasia testicular unilateral total.



Fonte: CRV Lagoa, 2017.

Os casos de hipoplasia unilateral parcial são identificados pela diminuição de 1,5 a 2,0 cm em um dos testículos, hipoplasia bilateral parcial caracteriza-se pela redução de tamanho de ambos os testículos, e assim, circunferência escrotal reduzida e quando há grande diferença de tamanho entre os testículos é identificada a hipoplasia unilateral total, os touros nestas condições apresentam habilidade de cobertura normal, porém a vida reprodutiva pode ser menor em relação a touros sem hipoplasia (BICUDO et al., 2007). Já a hipoplasia bilateral total, a mensuração é mais fácil, pois ambos os testículos são pequenos e no ejaculado não há espermatozoides (STEFFEN, 1997, BICUDO et al., 2007; NEVES et al., 2019).

A identificação da hipoplasia pode ser feita visualmente através de exame físico em touros a partir de 7 meses de idade (STEFFEN, 1997), o que é importante para a seleção precoce de reprodutores.

Silva et al. (1993) suspeitavam de que a origem para estas patologias fosse genética e que estes animais não deveriam ser usados na reprodução, pois mesmo quando férteis, poderiam ter filhos inférteis. No mesmo trabalho, os autores sugeriram que mesmo sem um exame andrológico completo é possível identificar animais que apresentem alguma anomalia na avaliação de perímetro escrotal ao sobreano e, em casos mais graves, já na desmama verifica-se irregularidade nos testículos e, a partir de uma avaliação precoce, deve-se desconsiderar esses animais para reprodução.

Em trabalho com bovinos Nelore, Neves et al. (2019) verificaram 4,61% dos animais com hipoplasia testicular e estimaram herdabilidade de 0,16, concluindo que de acordo com magnitude a característica deve responder a seleção. Os autores também estimaram correlação genética negativa de -0,53 com a circunferência escrotal, característica utilizada para indicar a capacidade de produção de espermatozoides e concluíram que animais com menores perímetros escrotais têm maior probabilidade de apresentarem hipoplasia, pois apresentam perímetro menor devido ao desenvolvimento incompleto do epitélio germinativo, responsável pela produção de sêmen.

CHANFRO E CARACTERIZAÇÃO RACIAL

Embora a seleção da raça Nelore seja realizada prioritariamente para características produtivas e funcionais, as raciais também são avaliadas para que não haja descaracterização do rebanho. Preservar o padrão da raça é importante para que sejam criados animais equilibrados, harmoniosos e funcionais, e assim aumentar a frequência dessas características no rebanho (ROSA et al., 2003).

A avaliação do chanfro considera a ocorrência ou não de problemas como: desvios, acarneamento ou comprimento excessivo e estreito, além de estar relacionado com a identificação da masculinidade e feminilidade dos animais (Figura 7). O animal que apresente algum destes defeitos é desclassificado para receber registro na associação (ABCZ, 2013).

Figura 7 Animais da raça Nelore que apresentam chanfros com desvios.



Fonte: CRV Lagoa, 2017.

Na Figura 7 é possível notar animais com desvios de chanfro e na terceira imagem, um desvio grave que pode afetar a formação do maxilar, porém a avaliação é somente binária e não há escores que indiquem níveis de problemas de chanfro.

No caso da caracterização racial, a avaliação ocorre com base no padrão racial do Nelore através de escore de 1 a 5, sendo as notas 1 e 2 para animais que apresentam pouca caracterização racial e 5 para os que estão de acordo com padrão racial preconizado. Na avaliação binária, o avaliador reporta se há desconformidade de alguma das características avaliadas em relação ao padrão, sem informar qual. O animal pode apresentar chifre excessivamente longo, orelhas muito pesadas, barbela reduzida, garupa caída, entre outras características avaliadas, porém, não se sabe qual descaracterização racial é mais comum, pois é apenas reportado que há despadrão.

Na literatura são escassas as informações sobre parâmetros genéticos para estas características. Gutiérrez e Goyache (2002) analisaram as características raciais de animais da raça Asturiana de Los Valles, raça francesa que apresenta a característica de musculatura dupla, e estimaram herdabilidade de 0,33 e concluíram que as características raciais, considerando todas as características avaliadas, seriam um bom indicativo para alcançar a padronização da raça. Para a raça Nelore, Lima et al. (2013) estimaram herdabilidade de 0,15 para caracterização racial, e concluíram que essas características apresentarão baixa resposta a seleção. Mais estudos são necessários, porém, mesmo que a herdabilidade seja considerada baixa, ainda é uma característica importante para o rebanho e que deve ser considerada na escolha de animais.

As características descritas são ditas como qualitativas ou de limiar, pois possuem categorias ordenadas, como os escores, ou distribuição binária, por exemplo, se o animal está prenhe ou vazia, presença ou ausência de algum defeito. Essas características não se alteram ou tem pouca alteração ao longo da vida, e o meio ambiente não tem efeito sobre ela, assim sendo, o fenótipo é uma boa indicação do genótipo. Diferente das características quantitativas, como por exemplo peso ao sobreano, que são descritas por valores numéricos, com distribuição normal e a expressão da característica sofre mais com a influência do meio ambiente (CAMPIDELLI; JOSAHKIAN, 2012).

Para que possam ser incluídas nas avaliações genéticas e utilizadas como critérios de seleção, e assim seleção precoce de animais, é preciso estimar parâmetros genéticos para avaliar a possibilidade de resposta favorável à seleção (KOURY FILHO et al., 2010, HUEB & JOSAHKIAN, 2013).

Identificar qual método é mais adequado para analisar o conjunto de dados é relevante, pois diferentes métodos de análise podem levar a estimativas distintas para um mesmo parâmetro (MARCELINO & IEMMA, 2000). Para as características que relacionam sucesso e fracasso, as análises devem ser realizadas por meio de modelos que levam em consideração a distribuição da variável no banco de dados.

MODELOS DE LIMIAR PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS CATEGÓRICAS

A eficiência da seleção para características de interesse depende de estimativas acuradas de parâmetros genéticos, bem como dos valores genéticos dos indivíduos candidatos a reprodutores. As acurácias das estimativas dependem do número de informações, do modelo estatístico e do método de estimação utilizado (BARBOSA et al., 2008).

O método de Máxima Verossimilhança Restrita – REML (PATTERSON & THOMPSON, 1971) é o mais utilizado nos programas de melhoramento, devido a facilidade de aplicação (FARIA et al., 2007a) e seu uso foi intensificado pela disponibilidade de programas computacionais como o DFREML (MEYER, 1988; 1998) e MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995). A inferência frequentista considera os parâmetros como valores fixos e desconhecidos e gera um valor estimado e um intervalo de confiança, podendo gerar distribuições apenas se o experimento for repetido inúmeras vezes (FARIA et al., 2007b).

Porém, modelos lineares para a análise de dados categóricos ignoram a distribuição descontínua e o procedimento segue como se os dados fossem contínuos, não sendo indicados as características categóricas ou binárias (SOUSA et al., 2000; MARCONDES et al., 2005; FERREIRA, 2008), pois podem gerar estimativas não confiáveis dos parâmetros genéticos e, conseqüentemente, conclusões equivocadas sobre o ganho genético das características sob seleção (FARIA et al., 2007a).

Características categóricas podem ser analisadas sob modelo de limiar, caracterizado por assumir uma distribuição normal através de variáveis contínuas não observáveis em uma escala subjacente, para fenótipo expresso de forma categórica (GIANOLA, 1982; FALCONER, 1989; FERREIRA, 2008). Os valores na escala observável estão ligados à escala subjacente por meio de pontos de limiar, limites de uma determinada expressão fenotípica (SOUSA et al., 2000). Assim, o modelo de limiar pode proporcionar estimativas mais adequadas e maior habilidade em detectar a variabilidade genética do que os modelos lineares e assim proporcionar melhor identificação dos animais com valores genéticos superiores (VAN TASSEL et al., 1998; SILVA et al., 2003).

Misztal et al. (2002) desenvolveram o software BLUPF90thr que utiliza a Máxima Verossimilhança Restrita sob modelo de limiar para estimar adequadamente parâmetros genéticos para dados categóricos. Em 2006, Tsuruta & Miztal desenvolveram o software THRGIBBS1F90, que aplica a estatística bayesiana para características categóricas em modelos lineares e de limiar.

A inferência bayesiana atribui distribuições *a priori* aos parâmetros para estimação e combina com a função de verossimilhança, por meio do Teorema de Bayes, originando a distribuição *a posteriori* usada para calcular estimativas mais precisas (YOKOO et al., 2013; OLIVEIRA et al., 2015). A distribuição *a priori* tem maior importância quando a quantidade de dados é pequena (RESENDE, 2000) e pode ser com base em considerações teóricas ou de análises obtidas em outros experimentos e a função de verossimilhança é a função densidade de probabilidade das observações.

Por meio dos métodos de amostragem da Cadeia de Markov em Monte Carlo (MCMC) é possível utilizar a inferência bayesiana, sendo a Amostragem de Gibbs (GEMAN & GEMAN, 1984) o método mais utilizado. O método baseia-se em simulações iterativas até convergir numa distribuição estacionária que, através do

algoritmo de Gibbs, tem como objetivo obter valores esperados para cada parâmetro desconhecido e assim chegar às distribuições *a posteriori*, a partir das quais são obtidas as estimativas dos parâmetros genéticos (FARIA et al., 2007b). Segundo Van Tassel et al. (1995), o uso da amostragem de Gibbs permite a análise conjunta de dados maiores do que a metodologia REML e propicia estimativas acuradas dos parâmetros e dos intervalos de credibilidade da estimativa. O MCMC necessita de dois pontos: do período de *burn-in*, espaço necessário para a cadeia chegar à distribuição estacionária, é o período de aquecimento e ocorre fora da distribuição real dos parâmetros, por isso deve ser descartado, e também do *thin*, intervalo de utilização amostral, que serve para diminuir a dependência entre as observações ao longo da cadeia (VAN TASSEL; VAN VLECK, 1995; GAZZINELLI, 2013). Após estes dois pontos é que se obtém a quantidade real de ciclos gerados e que está relacionado com a convergência das distribuições posteriores.

Após gerar a Cadeia de Markov em Monte Carlo é necessário diagnosticar sua convergência e para isso existe o método de Geweke (1992) que divide a cadeia em duas partes e testa se os valores da primeira parte são iguais em média aos valores da segunda parte. Por ser uma distribuição estacionária, espera-se que a média de ambas as partes sejam iguais. Outro critério que pode ser utilizado é o diagnóstico de Heidelberger e Welch (1983) que avalia se a cadeia atingiu a estacionaridade e se o tamanho é suficiente para estimar a média da cadeia com precisão. Quando não atinge a estacionaridade, descarta-se 10% das iterações iniciais e repete-se o teste e assim é repetido no máximo cinco vezes e, na sexta vez considera-se falha de estacionaridade e indica que é necessário um número maior de iterações. Quando não há falha, a parte descartada é considerada o tamanho do *burn-in* (GAZZINELLI, 2013).

Na literatura trabalhos mostram a diferença entre os métodos REML e Bayesiana para estimação de parâmetros. Nogueira et al. (2003) simularam dados de ganho de peso diário de 20 bovinos de corte e concluíram que a bayesiana é um método de fácil aplicação e a estatística descritiva das distribuições foi facilmente obtida e, por ser mais completa para cada parâmetro e considerar a incerteza sobre eles, foi mais adequada para analisar o ranqueamento dos animais. Carneiro Junior et al. (2007) simularam dados de populações pequenas e grandes para avaliar o efeito dos diferentes tipos de heterogeneidade de variâncias e compararam os métodos, concluíram que o conhecimento das informações *a priori* conduzem a

melhores estimativas de componentes de variância, principalmente em populações pequenas, porém na ausência desta informação, ambos os métodos apresentam resultados semelhantes. Faria et al. (2008) estimaram componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos de características de crescimento e reprodução de bovinos Nelore e concluíram que a abordagem bayesiana apresentou vantagens, como a obtenção dos desvios-padrão e intervalo de confiança para os parâmetros e também de densidades marginais posteriores, que são mais informativas do que os resultados obtidos pela análise frequentista. Madureira et al. (2009) estudaram componentes de variância e predição de valores genéticos para pesos aos 365 dias de idade nas raças Simental, Nelore e Canchim e os métodos apresentaram estimativas similares, porém concluíram que a bayesiana fornece uma descrição mais detalhada dos parâmetros e permite incorporar informações *a priori*, o que resulta em uma análise mais precisa.

Para características categóricas, Ferreira (2008) realizou revisão bibliográfica sobre avaliação genética e verificou que o modelo de limiar foi o mais adequado por considerar a natureza dos dados, estimou parâmetros genéticos mais precisamente e os valores genéticos foram preditos com maior acurácia. Jeyaruban et al. (2012), ao estudarem escores para aprumos de bovinos da raça Angus, concluíram que modelos de limiar foram mais adequados por não analisar a característica como linear e as estimativas de herdabilidade mais altas na análise de limiar do que linear, podem levar a uma melhor identificação e seleção de animais geneticamente superiores.

A metodologia bayesiana parece ser uma alternativa vantajosa por permitir obter densidades posteriores dos parâmetros, além de poder ser utilizada independentemente do tamanho do banco de dados, em modelos complexos e por não exigir conhecimento prévio da distribuição inicial da variável (CAMPOS, 2013).

É evidente a importância de evitar que estes defeitos sejam transmitidos nos rebanhos e por isso, devem ser realizados mais trabalhos para estimar os parâmetros genéticos com metodologias adequadas aos bancos de dados, para que sirvam de base de comparação e assim conduzir meios mais eficientes de minimizar a incidência destas características desclassificadoras.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de sobreano de machos e fêmeas, nascidos entre 1994 e 2017, pertencentes ao banco de dados do programa de melhoramento genético de bovinos de corte PAINT® (Programa de Avaliação e Identificação de Novos Touros), da CRV Lagoa, empresa situada em Sertãozinho, São Paulo, cujas 207 fazendas participantes estão localizadas nas regiões Nordeste, Norte, Sudeste e Centro Oeste do Brasil.

Os animais foram pesados ao sobreano entre 340 e 670 dias de idade (faixa de idade exigida pelo programa para avaliação de sobreano), agrupados de acordo com o mês de nascimento e sexo e avaliados pelos técnicos do programa pelo método visual de forma binária para presença (1) ou não (0) de problemas em aprumos (AP), boca (BO), chanfro (CH), umbigo (UM), despigmentação (DP), descaracterização racial (RA), hérnia umbilical (HE) e hipoplasia testicular (HT – avaliado somente em machos). O mesmo animal poderia apresentar até dois defeitos.

Estes defeitos são considerados desclassificatórios pelo programa, pois animais que apresentam defeitos nas avaliações de desmama e sobreano, mesmo tendo superioridade genética, são desconsiderados como possíveis candidatos a receber o CEIP (Certificado Especial de Identificação e Produção). Após isso, os 20% animais melhores avaliados no sobreano, entram na listagem para receber o CEIP. No entanto, é realizada uma avaliação das características morfofuncionais e os que apresentarem defeitos, são desclassificados, não recebem o certificado e a marca de fogo do programa.

ANÁLISE SEM LINHAGEM

A edição de dados foi realizada através do software SAS 9.4 (SAS Institute, 2014), na qual foram retirados animais com peso ao sobreano abaixo de 100kg ou acima de 600kg, resultando em um arquivo com 250.935 animais. As médias de idade e peso encontram-se na Tabela 3.

Tabela 3 Análise descritiva com número de animais (N), as médias e desvios-padrão (dp) dos dados de peso (em kg) e idade (em dias) ao sobreano de bovinos Nelore.

	N	Peso ± dp	Idade ± dp
Fêmea	124.076	267,52± 44,28	530,20 ± 57,66
Macho	126.859	305,19 ± 54,23	526,09 ± 56,16
Total	250.935	286,56 ± 53,02	528,13 ± 56,94

Os grupos de contemporâneos foram formados pelas variáveis: ano e estação de nascimento, sexo, sendo que, foram excluídos grupos com menos de 6 animais, e também, aqueles grupos formados apenas por animais sem defeitos. Na Tabela 4 estão informados quantos grupos de contemporâneos foram formados por característica avaliada.

Tabela 4 Número de grupos de contemporâneos (NGC) utilizados para análise de cada característica avaliada.

	AP	BO	CH	DP	HE	HT	RA	UM
NGC	118	100	115	113	55	71	121	121

AP = problemas de aprumos; BO = problemas de boca; CH = problemas de chanfro; DP = despigmentação; HE = hérnia umbilical; HT = hipoplasia testicular; RA = caracterização racial; UM = umbigo.

Para estudar os efeitos ambientais que influenciam as características desclassificadoras, foi realizada a análise de variância pelo procedimento GLIMMIX do SAS 9.4 (SAS Institute, 2014) e, a partir dos resultados, foram incluídos nos modelos para a análise genética os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e região e, somente na análise de aprumo também foi considerado o efeito linear e quadrático de peso ao sobreano como covariável.

O modelo completo pode ser representado por:

$$Y_{ijk} = GC_i + região_j + peso_k + peso_k^2 + e_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} = vetor das observações para aprumo, boca, chanfro, despigmentação, hérnia umbilical, hipoplasia testicular, raça e umbigo (os efeitos linear e quadrático de peso ao sobreano foram considerados somente na análise de aprumo);

GC_i = efeito do i-ésimo grupo contemporâneo (ano e estação de nascimento e sexo);

- Região_j = efeito da j-ésima região (Centro Oeste, Norte, Nordeste e Sudeste);
 Peso_k = efeito linear do k-ésimo peso ao sobreano;
 Peso²_k = efeito quadrático do l-ésimo peso ao sobreano;
 e_{ijk} = erro aleatório associado a cada observação.

ANÁLISE COM LINHAGEM

A edição de dados foi realizada através do software SAS 9.4 (SAS Institute, 2014), na qual foram retirados animais com peso ao sobreano abaixo de 100kg ou acima de 600kg. Além disso, foram desconsiderados touros com menos de 100 filhos e os reprodutores múltiplos (RM), onde são utilizados no manejo reprodutivo, vários touros para um lote de fêmeas e não há controle de qual touro é realmente o pai do produto, resultando em um arquivo com 75.798 animais. As médias de idade e peso encontram-se na Tabela 5.

Tabela 5 Análise descritiva com número de animais (N), as médias e desvios-padrão (dp) dos dados de peso (em kg) e idade (em dias) ao sobreano de bovinos Nelore.

	N	Peso ± dp	Idade ± dp
Fêmea	37.988	272,89 ± 42,20	540,46 ± 54,94
Macho	37.810	310,87 ± 51,83	537,08 ± 53,45
Total	75.798	291,84 ± 50,92	538,77 ± 54,23

Os grupos de contemporâneos foram formados pelas variáveis: ano e estação de nascimento, sexo, sendo que, foram excluídos grupos com menos de 6 animais, e também, aqueles grupos formados apenas por animais sem defeitos. Na Tabela 6 estão informados quantos grupos de contemporâneos foram formados por característica avaliada.

Tabela 6 Número de grupos de contemporâneos (NGC) utilizados para análise de cada característica avaliada no banco de dados para estudo de linhagens.

	AP	BO	CH	DP	HE	HT	RA	UM
NGC	113	97	115	111	45	70	113	113

AP = problemas de aprumos; BO = problemas de boca; CH = problemas de chanfro; DP = despigmentação; HE = hérnia umbilical; HT = hipoplasia testicular; RA = caracterização racial; UM = umbigo.

Para a formação das linhagens, inicialmente foram identificados os avôs e bisavôs, pois o arquivo continha apenas a informação de pai. A partir disso, foi calculada a frequência de defeitos por bisavô e assim selecionar os 15 com maior número de descendentes com defeitos. Esses 15 bisavôs foram considerados os genearcas das linhagens e os animais que tivessem o touro A como pai, vô ou bisavô foram incluídos na linhagem 1, os animais que tivessem o touro B como pai, vô ou bisavô, foram incluídos na linhagem 2 e assim sucessivamente até a linhagem 15. O número de animais por linhagem encontra-se na Tabela 7.

Tabela 7 Número total de descendentes em cada linhagem e porcentagem de defeitos avaliados em bovinos Nelore.

LINHAGEM	Total de animais	AP ¹	BO ¹	CH ¹	DP ¹	HE ¹	HT ¹	RA ¹	UM ¹	Total defeitos ²
1	7.262	25,2%	6,7%	23,5%	20,9%	0,1%	10,5%	9,8%	3,2%	12,2%
2	9.440	28,6%	2,7%	24,4%	10,6%	0,5%	12,1%	10,6%	10,6%	8,2%
3	6.768	27,0%	3,5%	14,3%	39,5%	0,1%	9,2%	4,2%	2,1%	11,4%
4	7.080	29,3%	5,6%	18,3%	5,6%	0,5%	19,1%	14,6%	7,2%	8,9%
5	6.219	14,2%	9,8%	21,1%	9,2%	0,2%	11,8%	15,6%	18,2%	9,4%
6	3.805	4,0%	3,1%	9,6%	12,6%	0,2%	13,8%	19,7%	37,0%	13,7%
7	5.562	15,7%	8,6%	16,6%	2,4%	0,2%	22,0%	12,4%	22,0%	8,1%
8	7.615	46,5%	2,6%	13,8%	3,0%	0,5%	20,6%	10,0%	3,0%	5,6%
9	3.037	23,8%	3,5%	18,4%	30,0%	0,2%	11,3%	11,6%	1,2%	14,0%
10	3.676	8,0%	2,4%	24,5%	18,4%	0,5%	6,4%	16,5%	23,3%	11,5%
11	3.729	16,0%	7,3%	42,9%	2,2%	1,2%	11,1%	9,2%	10,2%	11,1%
12	4.944	25,2%	2,8%	21,2%	4,4%	1,2%	15,6%	18,7%	10,9%	6,5%
13	2.415	8,4%	5,0%	28,0%	6,5%	0,4%	11,5%	18,8%	21,5%	10,8%
14	1.477	10,9%	1,8%	12,3%	9,5%	2,7%	7,7%	22,7%	32,3%	14,9%
15	2.769	14,0%	5,1%	21,0%	8,9%	0,9%	12,1%	21,0%	16,8%	7,7%
Total	75.798	21,4%	4,9%	20,5%	14,1%	0,5%	13,0%	12,9%	12,7%	9,7%

¹ = porcentagem do problema em relação ao total de defeitos na linhagem; ² = porcentagem de defeitos por total de animais na linhagem; AP = aprumos; BO = problemas de boca; CH = problemas de chanfro; DP = despigmentação; HE = hérnia umbilical; HT = hipoplasia testicular; RA = caracterização racial; UM = umbigo.

Para estudar os efeitos ambientais que influenciam as características desclassificadoras, foi realizada a análise de variância pelo procedimento GLIMMIX do SAS 9.4 (SAS Institute, 2014) e, a partir dos resultados, foram incluídos nos modelos para a análise genética os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, região, linhagem e, somente na análise de aprumo também foi considerado o efeito linear e quadrático de peso ao sobreano como covariável.

O modelo pode ser representado por:

$$Y_{ijkl} = GC_i + região_j + linhagem_k + peso_l + peso_l^2 + e_{ijkl}$$

Em que:

- Y_{ijkl} = vetor das observações para aprumo, boca, chanfro, despigmentação, hérnia umbilical, hipoplasia testicular, raça e umbigo (os efeitos linear e quadrático de peso ao sobreano foram considerados somente na análise de aprumo);
- GC_i = efeito do i-ésimo grupo contemporâneo (ano e estação de nascimento e sexo);
- Região_j = efeito da j-ésima região (Centro Oeste, Norte, Nordeste e Sudeste);
- Linhagem_k = efeito da k-ésima linhagem;
- Peso_l = efeito linear do l-ésimo peso ao sobreano;
- Peso_l² = efeito quadrático do m-ésimo peso ao sobreano;
- e_{ijkl} = erro aleatório associado a cada observação.

Para ambas as análises, incluindo ou não o efeito de linhagem, os parâmetros genéticos foram estimados por meio de análise bayesiana bicaracterística sob modelo animal linear-limiar para aprumo e peso ao sobreano e análises unicaracterísticas sob modelo de limiar para boca, chanfro, despigmentação, caracterização racial, hérnia umbilical, hipoplasia testicular e umbigo, em que não foram considerados os efeitos de peso ao sobreano.

O modelo geral pode ser representado por:

$$Y = X\beta + Za + e$$

Em que:

- Y = vetor das observações de cada característica;
- β = vetor dos efeitos fixos;
- a = vetor do efeito genético aditivo dos animais;
- e = vetor de efeitos residuais;
- X e Z = matrizes de incidência de cada efeito associadas a: β e a , respectivamente.

As pressuposições do modelo podem ser descritas por:

$$E \begin{bmatrix} y_i \\ a_i \\ e_i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta_i \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

A matriz de covariâncias genéticas aditivas entre as características:

$$V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Em que:

- A = numerador da matriz de parentesco entre os animais;
 I = matriz de incidência;
 σ_a^2 e σ_e^2 = variâncias dos efeitos aleatórios a e e, respectivamente.

Através do procedimento PROC CORR do SAS 9.4 (SAS Institute, 2014) foi realizada a análise de correlação de Spearman entre as características desclassificadoras e de aprumo com peso ao sobreano.

O modelo de limiar utilizado relaciona a resposta observada na escala categórica com uma escala subjacente normal contínua, admitindo-se que a escala subjacente tem distribuição normal (SILVA et al., 2003):

$$U | q \sim N(Wq, I\sigma_e^2)$$

Em que:

- U = vetor da escala subjacente de ordem r (r é o número de animais);
 $q' = (b', a')$ = vetor dos parâmetros de ordem s (s é o número de efeitos no modelo);
 W = matriz de incidência conhecida de ordem r por s;
 I = matriz identidade de ordem r por r;
 σ_e^2 = variância residual.

Os limiares das observações podem ser definidos como:

$$\begin{aligned} \{y_i = 0 \text{ se } l_i \leq t_i; \\ y_i = 1 \text{ se } l_i > t_i\}; \end{aligned}$$

Em que:

- y_i = escore para o i-ésimo animal;

t_i = corresponde ao limiar que define, na escala subjacente, as categorias exclusivas das características (0 ou 1);

Como a variância residual (σ_e^2) não é estimável (GIANOLA E FOULLEY, 1983), para modelos binários é fixado em 1 (SORENSEN & GIANOLA, 2002; SILVA et al., 2003).

As análises foram realizadas por meio do processo iterativo da amostragem de Gibbs utilizando o software THRGIBBSF90 (TSURUTA & MISZTAL, 2006), que permite o estudo das características categóricas. Foram originadas cadeias amostrais (cadeias de Gibbs) com comprimento de 150.000 ciclos, com descarte inicial (*burn-in*) de 5.000 amostras e um intervalo de armazenamento (*thin*) de 10 amostras. O período de descarte e o intervalo de amostragem foram estabelecidos empiricamente considerando a capacidade computacional disponível. As estimativas a posteriori foram obtidas com a utilização do software POSTGIBBSF90 (MISZTAL et al., 2014). E a convergência foi verificada com base no critério proposto por Geweke (1992) e Heidelberger & Welch (1983) por meio do pacote BOA (Bayesian Output Analysis – SMITH, 2007) disponível no software estatístico R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 8 apresenta o número de animais que apresentaram características desclassificadoras nos bancos de dados para análise com e sem o efeito da linhagem paterna.

Tabela 8 Número (N) e, respectiva porcentagem (%) de bovinos Nelore que apresentaram características desclassificadoras ao sobreano.

	SEM LINHAGEM		COM LINHAGEM	
	N	%	N	%
AP	4.772	1,9%	1.569	2,1%
BO	1.174	0,5%	357	0,5%
CH	4.314	1,7%	1501	2,0%
DP	2.825	1,1%	1035	1,4%
HE	142	0,1%	35	0,0%
HT	3.165	1,3%	950	1,3%
RA	3.428	1,4%	947	1,2%
UM	3.329	1,3%	926	1,2%
Total	23.149	9,2%	7.320	9,7%

% = porcentagem de animais com problemas em relação ao total de animais do arquivo (sem linhagem = 250.935 e com linhagem = 75.798); AP = aprumos; BO = problemas de boca; CH = problemas de chanfro; DP = despigmentação; HE = hérnia umbilical; HT = hipoplasia testicular; RA = caracterização racial; UM = umbigo.

Pela Tabela 8, pode-se notar que na análise de linhagem, 9,7% dos 75.798 animais do arquivo e na análise sem considerar a linhagem, a porcentagem de animais com defeito foi de 9,2% (referente aos 250.935 animais do arquivo sem linhagem). Esta diferença se deve ao fato de que para a formação das linhagens, foram escolhidos os bisavôs com mais descendentes com defeitos e por isso, o arquivo resultou em uma porcentagem maior. A presença de animais com defeitos, que pode resultar em queda produtiva ou reprodutiva dos rebanhos e assim perdas econômicas.

Destes animais avaliados ao sobreano, aqueles que apresentaram defeitos e aqueles geneticamente inferiores, não podem ser “candidatos ao CEIP”. Além disso, na avaliação anterior de desmama, já houve desclassificação de animais pelos mesmos motivos, ou seja, o número de animais que podem ser vendidos como reprodutores é menor. Os animais que se tornaram candidatos, ainda passarão por

uma nova avaliação, podendo ocorrer mais desclassificações, porém, um animal que estaria logo em seguida na listagem e não apresenta nenhum defeito, não pode receber o CEIP, porque a listagem não é refeita, ou seja, a avaliação neste momento impede que animais que poderiam contribuir geneticamente recebam o certificado.

Dentre as características avaliadas, problemas de aprumo foram mais observados, somando aproximadamente, 2% do total de animais em ambos os arquivos. Hérnia umbilical é o defeito menos frequente, como pode estar associado a manejo inadequado (STEENHOLDT & HERNANDEZ, 2004; SILVA et al., 2012) e também partos gemelares ou antecipados (HERRMANN et al., 2001), este defeito pode ser mais frequente na avaliação de desmama.

A inclusão do efeito de linhagem pode auxiliar na melhor identificação da variação genética para estas características dentro da população estudada e as magnitudes das herdabilidades indicam que estas características estão sendo transmitidas as progênes e de forma intensificada pelo uso de touros pertencentes a estas linhagens. Marcondes et al. (2007) analisaram o efeito da linhagem sobre a probabilidade de permanência de vacas em rebanhos da raça Nelore e concluíram que a família tem influência sobre a característica e que há contribuição dos genes dos genearcas da raça considerados, além disso, a identificação das linhagens e das diferenças entre elas é importante para direcionar os acasalamentos, evitando a endogamia, pois diminui a variabilidade genética e alcançando maiores progressos genéticos nas características.

Por isso, com o estudo de linhagens é possível identificar se há influência sobre os defeitos e, se houver, qual a contribuição destes genearcas e utilizar estas informações para direcionar acasalamentos e diminuir a incidência destes problemas.

A linhagem 8 apresentou 5,6%, a menor porcentagem de problemas, enquanto que a linhagem 14 apresentou 14,9% de animais com problemas (Tabela 7). A linhagem 14 é a que possui menor número de animais, indicando que os animais desta linhagem podem transmitir mais defeitos do que de outras linhagens.

Na Tabela 9 está o resumo da análise de variância, obtida pelo procedimento Glimmix, para avaliar a importância dos efeitos ambientais sobre as características estudadas.

Tabela 9 Resumo da ANOVA dos efeitos ambientais sobre as características morfológicas de bovinos Nelore, avaliadas ao sobreano considerando ou não o efeito da linhagem.

Sem linhagem								
	AP	BO	CH	DP	HE	HT	RA	U
GC	**	**	**	**	**	**	**	**
Região	**	**	**	**	**	**	**	**
Peso	**	**	**	ns	ns	ns	**	ns
Peso ²	**	ns	**	*	ns	ns	**	ns
Com linhagem								
	AP	BO	CH	DP	HE	HT	RA	U
GC	**	**	**	**	**	**	**	**
Região	**	**	**	**	**	**	**	**
Linhagem	**	**	**	**	*	**	**	**
Peso	**	**	**	ns	ns	*	**	ns
Peso ²	**	ns	**	ns	ns	ns	*	ns

GC = grupo de contemporâneos; AP = problemas de aprumos; BO = problemas de boca; CH = problemas de chanfro; DP = despigmentação; HE = hérnia umbilical; HT = hipoplasia testicular; RA = descaracterização racial; UM = problemas de umbigo.

De acordo com a Tabela 9 é possível verificar que os efeitos de grupo de contemporâneos e região foram significativos para todas as características, independentemente de considerar ou não o efeito de linhagem. Embora o peso corporal tenha sido significativo para algumas características, este foi considerado apenas no modelo para aprumo, pois a influência do peso corporal em características como chanfro e caracterização racial não tem sentido biológico.

As estimativas das herdabilidades para as características desclassificatórias estão apresentadas na Tabela 10.

Tabela 10 Estimativas das herdabilidades (h^2) e os intervalos de maior densidade a posteriori a 95% (HPD 95%) para características desclassificadoras em bovinos da raça Nelore ao sobreano.

	Sem linhagem		Com linhagem	
	h^2	HPD (95%)	h^2	HPD (95%)
Peso	0,46	0,45 - 0,48	0,41	0,37 - 0,40
AP	0,15	0,12 - 0,18	0,26	0,21 - 0,30
BO	0,14	0,08 - 0,21	0,26	0,13 - 0,27
CH	0,16	0,12 - 0,20	0,27	0,17 - 0,25
DP	0,60	0,54 - 0,65	0,67	0,59 - 0,72
HE	0,36	0,28 - 0,45	0,49	0,33 - 0,59
HT	0,19	0,13 - 0,24	0,15	0,08 - 0,16
UM	0,48	0,41 - 0,53	0,36	0,44 - 0,59
RA	0,29	0,24 - 0,34	0,57	0,39 - 0,52

AP = aprumos; BO = problemas de boca; CH = problemas de chanfro; DP = despigmentação; HE = hérnia umbilical; HT = hipoplasia testicular; RA = caracterização racial; UM = umbigo.

Para problemas de boca os valores de herdabilidade foram baixos e não há na literatura trabalhos para comparação, porém tais estimativas indicam que há maior influência ambiental do que genética. Entretanto, se houvesse distinção entre os defeitos observados, como por exemplo, se fosse identificado o tipo de defeito: prognatismo ou bragnatismo, seria possível compreender melhor a variabilidade genética para esta característica e obter estimativas que indiquem adequadamente animais que não transmitam o defeito. Apesar disso, a não utilização de reprodutores que apresentem problemas de boca pode auxiliar a diminuir o aparecimento deste defeito nos rebanhos.

A herdabilidade de 0,36 para hérnia umbilical foi a mesma encontrada por Herrmann et al. (2001) em animais da raça Simental. Porém, Herrmann et al. avaliaram 53.105 animais e neste estudo, foram utilizadas 142 informações, um número muito baixo que pode não identificar a variabilidade da característica.

Para hipoplasia testicular, os valores estimados de 0,19 e 0,15 foram próximos ao encontrado por Neves et al. (2019) que estimaram 0,16 em avaliação binária em bovinos Nelore e concluíram que a característica responderia a seleção e, ao encontrarem uma correlação negativa de -0,53 com circunferência escrotal, afirmam que esta medida poderia ser um indicativo de animais com hipoplasia testicular.

Lima et al. (1989) avaliaram comprimento de chanfro em machos da raça Nelore, além de marrafa e orelha e estimaram herdabilidades próximas de zero e concluíram que este resultado poderia ser explicado pela uniformidade do rebanho em estudo, que apresenta um padrão racial. Observa-se que, apesar dos produtores buscarem animais mais produtivos, a padronização de raça ainda é importante. Por isso, os valores estimados de herdabilidade para chanfro de 0,16 e 0,27 e de caracterização racial de 0,29 sem linhagem e 0,57 com linhagem, magnitudes moderada e alta, indicam que é possível selecionar animais através das características raciais, o que é realizado por produtores de animais de pista, que visam atender à todos os quesitos do padrão racial. Lima et al. (2013) estimaram herdabilidade de 0,15 para esta característica e concluíram que a resposta a seleção é baixa. Porém, os autores avaliaram 21.032 machos de uma prova de ganho de peso e, em forma de score, o que pode explicar a diferença entre os valores estimados.

A estimativa de herdabilidade para despigmentação foi alta, ou seja, o fator genético influencia mais do que o ambiental e por isso, selecionar animais que não apresentem despigmentação será eficiente para diminuir a transmissão deste defeito. Lima et al. (1989) e Koury Filho et al. (2002) ao estudarem pigmentação da pele e pelagem em bovinos Nelore e Reimann et al. (2018) ao estudarem pigmentação na área dos olhos de bovinos das raças Hereford e Braford, também estimaram herdabilidades altas, 0,53, 0,47 e 0,46, respectivamente, e concluíram que é possível obter ganhos genéticos ao selecionar contra despigmentação.

As estimativas de herdabilidade para umbigo foram de alta magnitude; 0,48 e 0,36 sem e com linhagem, respectivamente. Na literatura as estimativas variam de 0,06 a 0,70 (Lima et al., 1989; Viu et al., 2002; Bignardi et al., 2011; Araújo et al., 2012; Lima et al., 2013; Campos et al., 2018). As diferenças no número de animais avaliados, raças de corte, manejo e metodologias de avaliação podem justificar a grande variação na magnitude das estimativas, mas mesmo os autores que estimaram valores baixos, afirmam ser possível ganhos genéticos.

Para aprumos, quando o efeito da linhagem não foi incluído no modelo, a herdabilidade foi similar a estimada por Vargas et al. (2017) que relataram valor de 0,18, vale ressaltar que no referido artigo a característica foi avaliada de forma binária. Entretanto, valores superiores foram estimados por Lima et al. (1989) e Koury Filho et al. (2002), que obtiveram herdabilidades de 0,37 e 0,40,

respectivamente, mas em ambos os trabalhos a característica foi avaliada por meio de escores. Vargas et al. (2017) estimaram a herdabilidade para aprumo considerando avaliação por meio de escore e encontraram valor de 0,39. Os autores concluíram que quando a avaliação binária a variabilidade genética diminui o que resulta menor herdabilidade.

Em ambas as análises, as estimativas de herdabilidade para peso ao sobreano foram de alta magnitude, 0,46 no arquivo sem linhagem e de 0,41 no arquivo em que a linhagem foi incluída no modelo. Os resultados obtidos estão em concordância com outros estudos com bovinos Nelore ao sobreano 0,33 (BOLIGON et al., 2010), 0,35 (RIBEIRO et al., 2018), 0,37 (Koury Filho et al., 2010), 0,44 (CYRILLO et al., 2002; YOKOO et al., 2010) e as diferenças entre os valores podem ser explicadas devido a populações, ambientes e metodologias diferentes, porém todas apresentam herdabilidades moderadas a altas, que corrobora a seleção direta feita para esta característica ao longo do melhoramento bovino de corte.

A correlação genética entre aprumo e peso ao sobreano foi baixa, positiva e desfavorável no arquivo sem linhagem ($0,16 \pm 0,05$) e com linhagem ($0,15 \pm 0,05$), indicando que a seleção para o aumento de peso poderá resultar no aparecimento de problemas de aprumo. Esta correlação foi menor do que os valores estimados na literatura de 0,33 e 0,39 (Koury Filho et al., 2002; Vargas et al., 2017), segundo os autores, a seleção para pesos elevados, implicam no aumento de problemas de aprumos, corroborando o resultado obtido no presente trabalho.

As correlações fenotípicas entre as características foram próximas da nulidade nos arquivos com e sem linhagem, o que indica que não há relação entre as mesmas.

De forma geral, as estimativas para as características desclassificadoras variaram de moderadas a altas, sugerindo que são transmissíveis de uma geração para outra e que a identificação e seleção de reprodutores geneticamente superiores seriam possíveis. A partir da identificação de reprodutores portadores será possível evitar o acasalamento entre animais que possam transmitir características indesejáveis à progênie.

Para tanto, os programas de acasalamento dirigido seriam uma solução para diminuir a incidência destes defeitos nos rebanhos. Estes programas utilizam as informações do próprio animal e do pedigree para indicar os acasalamentos que promoveriam maiores ganhos genéticos, podendo ser acasalamentos entre os

animais com maiores valores genéticos para atingir o objetivo ou acasalamento entre o melhor e o pior animal para a característica. Ao incluir as informações de defeitos, é possível evitar acasalamentos entre animais que apresentem defeitos ou que a linhagem apresente probabilidade de transmissão.

Outra questão importante refere-se a informação adequada, mais detalhada das características desclassificadoras, porque no arquivo de dados embora constasse a identificação do defeito observado, não havia a discriminação do mesmo, pois dentro de uma característica desclassificatória pode haver níveis de um problema ou especificidades que não são contempladas. Por exemplo: Para a característica aprumo, o animal pode ser classificado como: cambaio, acampado, com problema de casco, entre outros. Entretanto, quando a informação não contempla tais diferenças, e apenas reporta se o indivíduo apresenta ou não problema de aprumo (0 ou 1), não é possível avaliar adequadamente a característica, tampouco a incidência de determinado defeito na população estudada.

5 CONCLUSÕES

As herdabilidades estimadas indicam possibilidade de seleção direta para as características avaliadas e que através da inclusão da informação genética destas características nos programas de acasalamentos dirigidos é possível diminuir a incidência dos defeitos estudados nos planteis.

A correlação genética entre aprumo e peso ao sobreano foi positiva e desfavorável, ou seja, a seleção para peso pode aumentar o aparecimento de problemas de aprumos, em função da ação de genes de efeito pleiotrópico.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

As características desclassificadoras influenciam negativamente o desenvolvimento e/ou a reprodução de bovinos de corte e por isso, a identificação de reprodutores portadores deve ocorrer precocemente para evitar a disseminação de características indesejáveis nos rebanhos.

O estudo de linhagem poderá auxiliar na identificação de famílias que têm sido amplamente utilizadas, mas que transmitem características indesejáveis e com isso, diminuir a incidência das mesmas. Além disso, a identificação precoce, aumentará o número animais com certificado CEIP (Certificado Especial de Identificação e Produção), pois exclui a necessidade de reavaliar os 20% superiores para defeitos antes de emitir o certificado, já que animais geneticamente predispostos a transmitir defeitos não foram utilizados como reprodutores.

A coleta de dados a campo no que se refere as características morfológicas deve ser realizada e melhor detalhada para que futuros estudos sejam realizados.

REFERÊNCIAS

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES ZEBU (ABCZ). Regulamento do Serviço de Registro Genealógico das Raças Zebuínas, 34p., 2013.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE (ABIEC). Perfil da pecuária no Brasil, 48p., 2018.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INSEMINAÇÃO ARTIFICIAL (ASBIA). Index ASBIA 2017, 37p., 2018.

ARAÚJO, R. O. D., RORATO, P. R. N., WEBER, T., EVERLING, D. M., LOPES, J. S., DORNELLES, M. D. A. Genetic parameters and phenotypic and genetic trends for weight at weaning and visual scores during this phase estimated for Angus-Nellore crossbred young bulls. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 11, p. 2398-2408, 2010.

ARAÚJO, R.O de; MARCONDES, C.R.; EVERLING, D.M.; WEBER, T.; LOPES, J.S.; GARNERO, A.V.; GUNSKI, R.J.; RORATO, P.R.N. Abordagem bayesiana multivariada para características de crescimento, fertilidade e escores visuais de rebanhos da raça Brangus. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.8, p.1077-1086, 2012.

BARBOSA, L.; LOPES, P. S.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J.; TORRES, R. A.; COSTA, A. R. C.; PIRES, A. V.; SANTANA JUNIOR, M. L. Comparação entre modelos para estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho em suínos da raça Large White. **Revista Ceres**, v. 55, n. 1, 2008.

BARICHELLO, F.; ALENCAR, M.M.; TORRES JÚNIOR, R.A.A.; SILVA, L.O.C. Herdabilidade e correlações quanto a peso, perímetro escrotal e escores visuais à desmama, em bovinos Canchim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.6, p. 563-570, 2010.

BATISTA, A.A.F.M.L. **Pele e pelame de bovinos e bubalinos como fatores de adaptação ao clima tropical**. 2012. 62 f. Dissertação (Mestrado em Produção Animal – Instituto de Zootecnia), Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, 2012.

BICUDO, S.D.; SIQUEIRA, J.B.; MEIRA, C. Patologia do sistema reprodutor de touros. **Biológico**, v.69, n.2, p.43-48, 2007.

BIGNARDI, A.B.; GORDO, D.G.M.; ALBUQUERQUE, L.G.; SESANA, J.C. Parâmetros genéticos de escore visual do umbigo em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.63, n.4, p.941-947, 2011.

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; Van VLECK, L.D. **A set of programs to obtain estimates of variance and covariances [DRAFT]**. Lincoln: Department of Agriculture/Agricultural Research Service, 1995. 120p

BOLIGON, A. A.; SILVA, J. A. V.; SESANA, R. C.; SESANA, J. C.; JUNQUEIRA, J. B.; ALBUQUERQUE, L. G. D. Estimation of genetic parameters for body weights, scrotal circumference, and testicular volume measured at different ages in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 88, n. 4, p. 1215-1219, 2010.

BOLIGON, A. A.; VARGAS, L.; SILVEIRA, D. D.; ROSO, V. M.; CAMPOS, G. S.; VAZ, R. Z.; SOUZA, F. R. P. Genetic models for breed quality and navel development scores and its associations with growth traits in beef cattle. **Tropical Animal Health and Production**, v. 48, n. 8, p. 1679-1684, 2016.

BRASILCOMZ – Zootecnia Tropical. Disponível em: <http://www.brasilcomz.com>. Acesso em: 9 de abril de 2019.

CAMPIDELLI, A. M.; JOSAHKIAN, L. A. A importância das avaliações fenotípicas para o melhoramento genético animal. **Cadernos de Pós-Graduação da FAZU**, v. 2, 2012.

CAMPOS, B. M. **Análise genética e comparação de modelos por inferência bayesiana e frequentista em características de crescimento de bovinos da raça Tabapuã do estado da Bahia**. 2013. 84 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, Brazil, 2013.

CAMPOS, G. S.; REIMANN, F. A.; SCHIMDT, P. I.; CARDOSO, L. L.; SOLLERO, B. P.; BRACCINI, J.; YOKOO, M. J.; BOLIGON, A. A.; CARDOSO, F. F. Threshold and linear models for genetic evaluation of visual scores in Hereford and Braford cattle. **Animal Production Science**, 2018.

CARDOSO, F. F.; REIMANN, F. A.; YOKOO, M. J.; GOMES, C. C. G.; SOLLERO, B. P.; CARDOSO, L. L.; ROSO, V. M.; BRITO, F. V.; CAETANO, A. R. **Avaliação genômica para características de adaptação e caracterização racial de touros Hereford e Braford**. Bagé, RS: Embrapa Pecuária Sul, 2016. 95p. (Embrapa Pecuária Sul. Documentos, 151).

CARNEIRO JUNIOR, J. M.; ASSIS, G. M. L.; EUCLYDES, R. F.; TORRES, R. A.; LOPES, P. S. Estimação de componentes de variância utilizando-se inferência Bayesiana e frequentista em dados simulados sob heterogeneidade de variâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.36, n.5, p.1539-1548, 2007.

CRV LAGOA. Comunicação pessoal, em 15 de maio de 2017, recebida por correio eletrônico.

CYRILLO, J. N. S. G., RAZOOK, A. G., MERCADANTE, M. E. Z., FIGUEIREDO, L. A., RUGGIERI, A. C. Genetic changes to selection for yearling weight and correlated responses on body measurements in Nelore cattle. In: **WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION**. 2002. p. 02-83.

DUITAMA, L.O; FONSECA, R.; BERTIPAGLIA, T.; MACHADO, C.H.; SOARES FILHO, C.V. Estimação de parâmetro genéticos para escores visuais e características de desenvolvimento ponderal na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.67, n.4, p.1111-1118, 2015.

ELER, J. P.; FERRAZ, J. B.; SILVA, P. R. Parâmetros genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 48, n. 2, p. 203-13, 1996.

FALCONER, D.S. **Introduction to Quantitative Genetics**. 3.ed. New York: Longman Scientific and Technical. 1989.

FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; LOS REYES, A. D.; Saueressig, M. G.; Lôbo, R. B. **Utilização de escores visuais de características morfológicas de bovinos nelore como ferramenta para o melhoramento genético animal**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007a. 40p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 177).

FARIA, C. U. de; MAGNABOSCO, C. de U.; REYES, A. de los; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F. Inferência bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, v. 8, n. 1, p. 75–86, jan./mar. 2007b.

FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G., REYES, A.; BEZERRA, L. A. F.; LOBO, R. B. Abordagem bayesiana e freqüentista em análise genética tricaráter para crescimento e reprodução de bovinos Nelore. **Ciência Animal Brasileira**, v.9, n.3, p.598-607, 2008.

FARIA, L. C.; QUEIROZ, S. A.; VOZZI, P. A.; LÔBO, R. B.; MAGNABOSCO, C.U.; OLIVEIRA, J. A. Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectada por meio de análise de pedigree. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 10, p. 1133-1140, 2010.

FERREIRA, W. J. Avaliação genética de animais para características categóricas—uma revisão. **Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia da UNIPAR**, v. 11, n. 2, 2008.

GAZINELLI, R. M. **Inferência Bayesiana na análise de dados de experimentos planejados**. 2013. 90 f. Monografia (Bacharelado em Estatística) - Universidade de Brasília, Brasília, 2013.

GEMAN, S.; GEMAN, D. Stochastic relaxation, Gibbs distributions, and the Bayesian restoration of images. **IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence**, n. 6, p. 721-741, 1984.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculations of posterior moments. **Bayesian statistics**, v. 4, p. 641-649, 1992.

GIANOLA, Daniel. Theory and Analysis of Threshold Characters 1. **Journal of Animal Science**, v. 54, n. 5, p. 1079-1096, 1982.

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

GLEDHILL, BL. Inherited disorders causing infertility in the bull. **Journal of the American Veterinary Medical Association**, v. 162, n. 11, p. 979-982, 1973.

GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. Estimation of genetic parameters of type traits in Asturiana de los Valles beef cattle breed. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 119, n. 2, p. 93-100, 2002.

HEIDELBERGER, P. & WELCH, P. D. Simulation Run Length Control in the Presence of an Initial Transient, **Operations Research**, v. 31, p. 1109–1144, 1983.

HERRMANN, R., UTZ, J., ROSENBERGER, E., DOLL, K., & DISTL, O. Risk factors for congenital umbilical hernia in German Fleckvieh. **The Veterinary Journal**, v. 162, n. 3, p. 233-240, 2001.

HUEB, C.C.; JOSAHKIAN, L.A. Avaliação visual pelo método EPMURAS. **Cadernos de Pós-Graduação da FAZU**, v.3, 2013.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Pesquisa Pecuária Municipal**. Disponível em: <https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/84/ppm_2017_v45_br_informatiin.pdf> Acesso em: 17 out. 2018.

JEYARUBAN, G.; TIER, B.; JOHNSTON, D.; GRASER, H. Genetic analysis of feet and leg traits of Australian Angus cattle using linear and threshold models. **Animal Production Science**, v. 52, n. 1, p. 1-10, 2012.

JOSAHKIAN, L.A.; MACHADO, C.H.C.; KOURY FILHO, W. Programa de melhoramento genético das raças zebuínas – Manual de operação. Uberaba, MG: **ABCZ**, 98 p., 2003.

KOURY FILHO, W.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; MEISTER, N.C.; PINEDA, N. Estimativas de herdabilidades e correlações genéticas entre escores de avaliações visuais e características de desenvolvimento ponderal em uma população da raça Nelore. In: IV SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2002, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande, MS, Brasil.

KOURY FILHO, W.; JUBILEU, J.S.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; PEREIRA, E.; CARDOSO, E.P. Parâmetros genéticos para escores de umbigo e características de produção em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.55, n.5, p.594-598, 2003.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; FORNI, S.; SILVA, J.A. II V.; YOKOO, M.J.; ALENCAR, M.M. Estimativa de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.5, p.1015-1022, 2010.

KOURY FILHO, W.; TRAMONTE, N.C.; BITTENCOURT, A.; ALVES, F.C.P. Avaliação visual – EPMURAS descritivo. **Caderno de Ciências Agrárias**, v.7, n.1, jan./abr., 2015.

LIMA, F. P.; BONILHA NETO, L. M.; RAZOOK, A. G.; PACOLA, L. J.; FIGUEIREDO, L. A.; PEIXOTO, A. M. Parâmetros genéticos em características morfológicas de bovinos Nelore. **Boletim de Indústria Animal**, v. 46, n. 2, p. 249-257, 1989.

LIMA, P. R. M., PAIVA, S. R., COBUCI, J. A., BRACCINI NETO, J. B., MACHADO, C. H. C., MCMANUS, C. Genetic parameters for type classification of Nelore cattle on central performance tests at pasture in Brazil. **Tropical Animal Health and Production**, v. 45, n. 7, p. 1627-1634, 2013.

MADUREIRA, A. P.; OLIVEIRA, H. N.; ROSA, G. J. M.; BEZERRA, L. F.; MARQUES, L. F. A. Inferência bayesiana na predição de valores genéticos do peso aos 365 dias de bovinos de corte. **Archivos de Zootecnia**, v. 58, n. 222, p. 265-275, 2009.

MAGALHÃES, V.R.; SANTANA, A.F. de; OLIVEIRA, A.C. de; WICKE, A.A.; BARONE, M.M. Levantamento da ocorrência de anomalias da mandíbula em caprinos e ovinos, encontrada em cinco municípios da microrregião de Irecê (BA). **Ciência Animal Brasileira**, v.9, n.2, p.341-345, 2008.

MAGNABOSCO, C. D. U., CORDEIRO, C. M. T., TROVO, J. D. F., MARIANTE, A. D. S., LÔBO, R. B., JOSAHKIAN, L. A. **Catálogo de linhagens do germoplasma zebuino: raça Nelore**. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1997.

MARCELINO, S. D. R.; IEMMA, A. F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 4, p. 643-652, 2000.

MARCONDES, C. R., PANETO, J. C. C., SILVA, J. A., OLIVEIRA, H. N. D., LÔBO, R. B. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.2, p. 234-240, 2005.

MARCONDES, C. R., VOZZI, P. A., ARAÚJO, R. O., GLÓRIA, W. P., & LÔBO, R. B. Contribuição dos efeitos de genearcas e de famílias sobre a probabilidade de permanência em rebanhos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, n.4, p.977-982, 2007.

MAREGA, L. M. Aprumos em bovinos – Como avaliar e importância. 2014. Disponível em: <http://maregapostagensgerais.blogspot.com/2014/07/aprumos-em-bovinos-como-avaliar-e.html>. Acesso em: 12 fev. 2019.

MEYER, K. DFREML a set of programs to estimate variance components under an individual animal model. **Journal of Dairy Science**, v.2, Suppl, p.33-34, 1988.

MEYER, K. **DFREML**: version 3.0b user notes. Edinburgh: Institute of Animal Genetics of Edinburgh / Armidale: University of New England, Animal Genetics and Breeding Unit, 1998. 31p.

MISZTAL, I., TSURUTA, S., STRABEL, T., AUVRAY, B., DRUET, T., LEE, D. H. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: **Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production**. 2002. p. 743-744.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENCO, D.; MASUDA, Y.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; VITEZICA, Z. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Athens: University of Georgia, 2014, 142p.

MORAES, J.C.F. **Agnatia e outras malformações mandibulares nos ovinos**. Bagé: EMBRAPA-CNPO, 1990.

NEVES, H.H.R; VARGAS, G.; BRITO, L.F.; SCHENKEL, F.S.; ALBUQUERQUE, L.G.; CARVALHEIRO, R. Genetic and genomic analyses of testicular hypoplasia in Nelore cattle. **PloS one**, v. 14, n. 1, p. e0211159, 2019.

NOGUEIRA, D. A.; SÁFADI, T.; BEARZOTI, E.; BUENO FILHO, J. S. S. Análises clássica e bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. **Ciência e Agrotecnologia**, v.27, p.1614-1624, 2003.

OLIVEIRA, J. H. F.; MAGNABOSCO, C. D. U.; BORGES, A. D. S. **Nelore: base genética e evolução seletiva no Brasil**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2002. 54p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 49).

OLIVEIRA, A. P.; MALHADO, C. H. M.; BARBOSA, L. T.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, P. L. S. Inferência Bayesiana na Avaliação Genética de Bovinos da Raça Tabapuã do Nordeste Brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 28, n. 4, p. 227, 2015.

PASTORE, A. A.; TONIOLLO, G. H.; LÔBO, R. B.; FERNADES, M. B., VOZZI, P. A.; VILA, R. A.; GALERANI, M. A. V.; ELIAS, F. P.; CARDILLI, D. J. Características Biométricas, Testiculares, Seminais e Parâmetros Genéticos de Touros Pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore. **Ars Veterinaria**, v. 24, n. 2, p. 134-141, 2009.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2008.

RABELO, R. E., FERREIRA DE SANT'ANA, F. J., MARGARIDA PAULO, N., ROMANI, A. F., FRANCO DA SILVA, L. A., DE OLIVEIRA VIU, M. A., DA SILVA, O. C. Emprego do compósito látex, poliamida e polilissina a 0,1% na correção cirúrgica de hérnias umbilicais recidivantes em bovinos leiteiros. **Acta Scientiae Veterinariae**, v. 33, n. 2, 2005.

REIMANN, F. A.; BOLIGON, A. A.; CAMPOS, G. S.; CARDOSO, L. L.; JUNQUEIRA, V. S.; CARDOSO, F. F.. Genetic parameters and accuracy of traditional and genomic breeding values for eye pigmentation, hair coat and breed standard in Hereford and Braford cattle. **Livestock Science**, v. 213, p. 44-50, 2018.

RESENDE, M. D. V. **Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes**. Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2000. 68p. (Embrapa Florestas. Documentos, 46).

RIBEIRO, S., ELER, J. P., PEDROSA, V. B., ROSA, G. J. M., FERRAZ, J. B. S., BALIEIRO, J. C. C. Genotype by environment interaction for yearling weight in Nelore cattle applying reaction norms models. **Animal Production Science**, v. 58, n. 11, p. 1996-2002, 2018.

ROCHA, J. C. Melhoramento do rebanho. In: ROCHA, J. C.; ROCHA, J. C. **Caprinos no semi-árido: técnicas e práticas de criação**. Salvador: Secretaria da Agricultura do Estado da Bahia, 2003. p. 281-284.

ROSA, A. N.; SILVA, L.O.C.; AMARAL, T. B. **Avaliação zootécnica e funcional de touros na fazenda**. Campo Grande: EMBRAPA, 2003. Comunicado técnico.

SAS INSTITUTE. SAS/STAT: user's Guide. Version 9.4. Cary: SAS Institute, 2014. 7869p.

SILVA, A. E. D. F.; DODE, M. A. N.; UNANIAN, M. M. **Capacidade reprodutiva do touro de corte: funções, anormalidades e fatores que a influenciam**. Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 1993. 128p. (Embrapa CNPGC. Documentos, 51).

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

SILVA, L. A. F., EURIDES, D., SOUZA, L. A., OLIVEIRA, B. J. N. A., HELOU, J. B., FONSECA, Â. M., CARDOSO, L. L., FREITAS, S. L. R. Tratamento de hérnia umbilical em bovinos. **Revista Ceres**, v.59, n.1, p.39-47, 2012.

SMITH, B. J. Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1.7.2 **User's manual**. Iowa: Uni-versity Of Iowa., 2007.

SOUSA, W. H., PEREIRA, C. S., BERGMANN, J. A. G., SILVA, F. L. R. Estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos para características de reprodução por intermédio de modelos lineares e de limiar. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, p. 2237-2247, 2000.

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

STEFFEN, D. Genetic causes of bull infertility. **Veterinary Clinics: Food Animal Practice**, v. 13, n. 2, p. 243-253, 1997.

STEENHOLDT, C.; HERNANDEZ, J. Risk factors for umbilical hernia in Holstein heifers during the first two months after birth. **Journal of the American Veterinary Medical Association**, v. 224, n. 9, p. 1487-1490, 2004.

TSURUTA, S.; MISZTAL, I. THRGIBBS1F90 for estimation of variance component with threshold and linear models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings**. Belo Horizonte: UFMG, p.27-31, 2006.

VAN TASSELL, C. P.; VAN VLECK, L. D. **A manual for use of MTGSAM. A set of Nucleus Animalium, v.1, n.1, maio 2009 60 FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT]**. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service. 1995.

VAN TASSEL, C. P.; CASELLA, G.; POLLAK, E. J. Effects of selection on estimates of variance componentes using gibbs sampling and restricted maximum likelihood. **Journal Dairy Science**, v. 78, p. 678-692, 1995.

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

VARGAS, G.; NEVES, H. H. R.; CARDOSO, V.; MUNARI, D. P.; CARVALHEIRO, R. Genetic analysis of feet and leg conformation traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 95, n. 6, p. 2379–2384, 2017.

VIU, M.; TONHATI, H.; CERÓN-MUÑOZ, M.F. et al. Parâmetros genéticos do peso e escores visuais de prepúcio e umbigo em gado de corte. **Ars Veterinária**, v.18, p.179-184, 2002.

WENCESLAU, R. R.; FELIPE, V. P. S.; VALENTE, B. D.; ROSA, A. N.; NOBRE, P. R. C.; NIETO, L. M.; SILVA, M. A.. Estimativas de componentes de (co) variância para peso e escores visuais de conformação frigorífica em bovinos Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinaria e Zootecnia**, v. 64, n. 2, p. 443-449, 2012.

YOKOO, M. J., LOBO, R. B., ARAUJO, F. R. C., BEZERRA, L. A. F., SAINZ, R. D., ALBUQUERQUE, L. G. D. Genetic associations between carcass traits measured by real-time ultrasound and scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 88, n. 1, p. 52-58, 2010.

YOKOO, M. J. I.; ROSA, G. J. M.; ALBUQUERQUE, L. G.; MAGNABOSCO, C. U.; CARDOSO, F. F. O uso da estatística Bayesiana no melhoramento genético animal: uma breve explicação. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 12, n. 4, p. 247-257, 2013.