

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE MEDICINA DE RIBEIRÃO PRETO

ANÁLISE BAYESIANA DA PROBABILIDADE DE
PERMANÊNCIA NO REBANHO COMO CARACTERÍSTICA
DE SELEÇÃO PARA A RAÇA NELORE

Cintia Righetti Marcondes

Tese apresentada à Faculdade de
Medicina de Ribeirão Preto da
Universidade de São Paulo, para
concorrer ao Título de Doutor, pelo
curso de Pós-Graduação em
Ciências – Área de concentração:
Genética.

Ribeirão Preto
2003

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE MEDICINA DE RIBEIRÃO PRETO

ANÁLISE BAYESIANA DA PROBABILIDADE DE
PERMANÊNCIA NO REBANHO COMO CARACTERÍSTICA
DE SELEÇÃO PARA A RAÇA NELORE

Cintia Righetti Marcondes

Tese apresentada à Faculdade de
Medicina de Ribeirão Preto da
Universidade de São Paulo, para
concorrer ao Título de Doutor, pelo
curso de Pós-Graduação em
Ciências – Área de concentração:
Genética.

Orientador: Prof. Dr. Raysildo
Barbosa Lôbo

Ribeirão Preto
2003

Ficha Catalográfica

Marcondes, Cintia Righetti

Análise Bayesiana da probabilidade de permanência no rebanho como característica de seleção para a raça Nelore. Ribeirão Preto, 2003.

100 p. : il. ; 30cm

Tese de Doutorado, apresentada à Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto/USP – Área de concentração: Genética.

Orientador: Lôbo, Raysildo Barbosa.

1. Nelore. 2. probabilidade de permanência no rebanho. 3. seleção. 4. análise Bayesiana.

Data da Defesa: 12/09/2003

Banca Examinadora

Assinatura

Prof. Dr. Adhemar Sanches
(UNESP-Jaboticabal)

Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira
(UNESP-Botucatu)

Prof. Dr. José Aurélio Garcia Bergmann
(EV-UFMG)

Prof. Dr. Raysildo Barbosa Lôbo
(orientador)

Profa. Dra. Vera Lucia Cardoso
(APTA-Ribeirão Preto)

Dedico

Ao meu filho Daniel, razão
de minha vida e de minha
luta diária.

Ofereço

Aos meus pais.

*“Não se pode ensinar tudo a alguém, pode-se apenas ajudá-lo a
encontrar por si mesmo” (Galileu Galilei)*

AGRADECIMENTOS

A Deus pelos quatro anos mais intensos da minha vida.

À minha família pelo amor e apoio, sempre.

Ao meu orientador, pela amizade, incentivo, pela confiança depositada e pelas oportunidades abertas.

Ao Luiz Bezerra, Paulo e Marco pelo apoio nas análises e nos computadores.

Ao Henrique, Augusto, Aninha, Guilherme e Prof. Jorge pelas consultorias sobre Bayesiana!

Ao Dr. Fausto P. Lima pelas prontas consultorias sobre Nelore.

Aos meus “antigos” amigos: Dri, Rá, Sil, Mô, Dé, Memeca, Zil, Clô, Biza, Sancho, apesar da distância com o mesmo carinho de sempre.

Aos meus amigos de BH: Apê, Wim (e agora, também a Cléo), Pati, Rogéria, Aninha, Aníbal, Fábio e Zé Aurélio.

Aos amigos do Bloco C que me receberam tão bem: Analía, Ricardo, Dante (Ceci e Luca, claro), Ana Rosa, Dudu, Vandeca, Artur, Tereza, Dani, Maurício (Sílvia e Ana Marina), Régis, Marli, Paulão, Luiz, Marcão, Toninho, Profa. Armênia, Vera.

Aos “novos” amigos do Bloco C: Alejandro, Silvina (e Francisco), Lisandra, Ana Karina, Fernando, Josy, Helena, Dudão, Athos, Álvaro, Marquinhos, Chris, Daniel, Fran, Jair, Adriane, Fernanda, Jú, Carol, Fábio, Lydio, Reginaldo, Sílvio, Profa. Ester, Profa. Lúcia e D. Júlia, pela boa convivência.

Aos Prof. Bento e Joanir, pela iniciação no melhoramento.

Aos funcionários do Departamento de Genética e da CPG.

Ao pessoal da Creche Carochinha, pelos ótimos cuidados com meu filho.

Ao apoio psicológico recebido da Rosa e do Eduardo.

À CAPES pela Bolsa concedida, ANCP, PRONEX e criadores do PMGRN.

SUMÁRIO

RESUMO

ABSTRACT

1 INTRODUÇÃO GERAL-----	1
1.1 Estado-da-arte das pesquisas atuais do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN- USP)-----	1
1.2 A busca da vaca <i>ideal</i> -----	3
1.3 Definição da característica <i>stayability</i> -----	4
1.4 Antagonismo genético entre desempenho ponderal e reprodução-----	5
1.5 Importância econômica da característica-----	7
1.6 <i>Stayability</i> e seleção de bovinos leiteiros-----	9
1.7 <i>Stayability</i> e seleção de bovinos de corte-----	11
1.8 Metodologias de análise das características de limiar---	16
2 OBJETIVOS-----	22
CAPÍTULO 1 Escolha do melhor grupo de contemporâneos para análises de <i>stayability</i> com a base de dados do PMGRN- USP-----	24
CAPÍTULO 2 Comparação entre análises para <i>stayability</i> como modelo linear e como modelo de limiar (<i>threshold</i>)-----	48
CAPÍTULO 3 Estudo de definição alternativa da <i>stayability</i> na raça Nelore-----	58
CAPÍTULO 4 Relações entre peso da vaca aos 450 dias de idade e <i>stayability</i> na raça Nelore-----	67
CAPÍTULO 5 Identificação de tendência familiar para <i>stayability</i> na raça Nelore-----	84
3 CONCLUSÕES GERAIS-----	98

RESUMO

As novas biotecnologias em reprodução, como a transferência de embriões e a fecundação *in vitro*, de certo modo, despertaram nos produtores e pesquisadores da área de melhoramento animal o interesse na seleção de fêmeas, antes pouco explorada dada a grande ênfase empregada na seleção e avaliação de reprodutores machos. A cada ano é percebido que a pecuária de corte funciona como uma empresa e, como tal, deve-se preocupar com todos os detalhes e não enfocando apenas um, como o mais importante, e é com isso que o Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN-USP) estuda cada vez mais um número maior de características como, *stayability* e suas possíveis aplicações à seleção das vacas Nelore, pois tem grande importância econômica. Com o objetivo de analisar a característica *stayability* sob enfoque Bayesiano, em registros de produção de vacas da raça Nelore, inicialmente foram implementados dois tamanhos de cadeia de Gibbs (225 ou 550 mil), dois períodos de descarte amostral (25 ou 50 mil) e duas formas de tomadas de

amostra (a cada 1000 ou 250 rodadas). Os registros foram codificados como 0 (fracasso, ou menos de três partos até os 6 anos de idade) ou 1 (sucesso, ou pelo menos três partos até os 6 anos de idade) e os arquivos sofreram restrição ou não para NEP (Número Efetivo de Progenie), para número de touros dentro do grupo de contemporâneos (GC) e exclusão de grupos inteiros com média para a característica igual a 0 ou 1 (ou seja, sem variabilidade dentro do GC). Testaram-se três definições para GC. Utilizou-se o *software* MTGSAM *for threshold* (*Multiple-Trait Gibbs Sampler for Animal Models*), sob modelo unicaráter de touro-avô materno, para obtenção de componentes de (co)variância, estimativas de herdabilidade e soluções para cada touro (que originam as Diferenças Esperadas na Progenie - DEPs). As análises resultaram em amostras com baixa correlação serial, mostraram pequenas diferenças entre as estimativas pontuais de herdabilidade e alta correlação de *rank* para as DEPs dos 4180 touros avaliados. Adotou-se a implementação tamanho da cadeia/descarte amostral/amostragem como 225mil/25mil/1000 para as análises subseqüentes. A comparação entre estimativas de herdabilidade obtidas sob modelo de limiar e sob modelo linear não mostrou vantagens do primeiro, sendo que análises sob modelo linear, que têm reduzido tempo de processamento, poderiam ser preferidas quando houver muitos registros de produção, bastando transformar as estimativas de herdabilidade para escala subjacente. As comparações, sob modelo

linear ajustadas para escala subjacente, entre a *stayability* padrão (0 ou 1) e a alternativa (considerando o número de partos até os seis anos de idade para aquelas vacas antes codificadas com valor 1), mostraram que podem ocorrer alterações na classificação de um número significativo de touros avaliados, mesmo sendo nas posições intermediárias do *rank*, talvez pela ligeira capacidade da característica alternativa em detectar variabilidade entre touros. Classificaram-se os 4180 touros em ordem decrescente e foram estudadas as genealogias dos 42 melhores (também chamados de TOP 1% ou aqueles que apresentam DEP para *stayability* superior a 57,6%) para identificar famílias importantes e avaliar a variabilidade genética da *stayability*. Além do touro Karvadi Imp. (essencialmente presente como avô, bisavô ou tataravô das mães dos touros TOP1%), outros genearcas com grande representatividade entre os TOP1% foram os touros Godhavari Imp. (via Kurupathy e Neofito), Rolex (via Cardeal), Rastã e Falo da BV (estes últimos pela via materna).

Palavras-chave: Bovino, Nelore, metodologia Bayesiana, Probabilidade de permanência no rebanho, Componentes de (co)variância, Parâmetros genéticos, Diferença Esperada na Progenie, Correlações entre classificações.

ABSTRACT

The new reproduction technologies like embryo transfer and *in vitro* fertilization brought to animal breeding researchers, and producers, a growing interest in the selection of females, which was a subject not well explored before, when the focus used to be only on evaluation and selection of males. The beef cattle industry is becoming more competitive each year, and the producers must think about all the aspects and details that can affect the production process. The PMGRN-USP (Nelore Breeding Program of the São Paulo University) studies a large number of traits to be used as selection criteria. Among these traits, there is *stayability*, which has a great economic importance. The aim of this project was to analyze the trait *stayability*, with a Bayesian approach, in a Nelore cattle population. Firstly, the implementation used two lengths of Gibbs chain (225 or 550 thousand), two periods of burn-in (25 or 50 thousand) and two thinning intervals (at each 1000 or 250 rounds). The cows were classified as 0 (failure, or less than three calves until six years of age),

or 1 (success, or at least 3 calves until six years of age). The data were, or were not, restricted for NEP (Effective Number of Progeny), for number of sires in the contemporary group (GC), and for lack of variability in the contemporary group. Three different definitions of GC were tested. The *software* MTGSAM *for threshold* (*Multiple-Trait Gibbs Sampler for Animal Models*) was used, under an univariate sire-maternal grandsire model to get the (co)variance components, the heritability estimate and the solutions to each sire (that are used to get the Expected Progeny Differences - EPD). The results showed a low serial correlation in the samples, small differences among heritability estimates and a high rank correlation among the EPD estimates of the 4180 sires evaluated. The implementation 225000/25000/1000 was adopted to the subsequent analysis. The comparison between the heritability estimates obtained under the threshold model and the linear model didn't show any advantage to the first. The analysis under linear models could be preferred because of its reduced processing time in large data sets, needing only a transformation of the heritability estimates to the underlying scale. The comparisons, under linear model adjusted to the underlying scale, between the standard *stayability* (0 or 1) and the alternative (obtained from the perception of the fertility differences among the cows classified as 1) showed a variation in the position of a considerable number of sires in the rank, maybe because the alternative trait gets some additional variation among sires. 4180

sires were classified in a rank and the genealogies of the 42 best sires (or TOP 1%, or the ones with *stayability* EPD greater than 57,6%) were studied to identify major families and evaluate the genetic variation of *stayability*. Besides of Karvardi Imp (a bull very present as an ascendant (2, 3 or 4 generations) of the dams of the TOP1% sires), another founder sires with influence among the TOP1% were Godhavari Imp (via Kurupathy and Neofito), Rolex (via Cardeal), Rastã, and Falo da BV (the last two via maternal).

Keywords: Bovine, Nelore, Bayesian methodology, Stayability, Components of (co)variance, Genetic Parameters, Expected Progeny Differences, Rank correlation.