

## Estimativas de parâmetros genéticos de características andrológicas de touros jovens da raça Nelore por meio da inferência bayesiana

*Genetic parameters estimates of young bulls Nelore cattle andrology traits using bayesian inference*

LOPES, Dyomar Toledo<sup>1\*</sup>; VIU; Marco Antônio de Oliveira<sup>2</sup>; MAGNABOSCO, Cláudio de Ulhôa<sup>3</sup>; FARIA, Carina Ubirajara de<sup>4</sup>; FERRAZ, Henrique Trevizoli<sup>1</sup>; TROVO, José Benedito de Freitas<sup>5</sup>; TERRA, Juliano Pereira<sup>2</sup>; PIRES, Bruno Carlos<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Goiás, Escola de veterinária, Departamento de Produção Animal, Goiânia, Goiás, Brasil.

<sup>2</sup>Universidade Federal de Goiás, Escola de veterinária, Departamento de Produção Animal, Jataí, Goiás, Brasil.

<sup>3</sup>Embrapa Cerrados, Departamento de Melhoramento Genético Animal, Planaltina, Distrito Federal, Brasil.

<sup>4</sup>Universidade Federal de Uberlândia, Faculdade de Medicina Veterinária, Departamento de Produção Animal, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

<sup>5</sup>Embrapa Cenargem, Departamento de Produção Animal, Brasília, Distrito Federal, Brasil.

\*Endereço para correspondência: dyomix@yahoo.com.br

### RESUMO

Objetivou-se com este estudo estimar parâmetros genéticos de características indicadoras da qualidade seminal de machos da raça Nelore, com idade entre 17 e 24 meses, criados na região Centro-Oeste do Brasil, com utilização da inferência bayesiana. O conjunto de dados considerou 1.265 avaliações andrológicas realizadas entre 2001 e 2007, em quatro propriedades diferentes. Obteve-se a medida do perímetro escrotal, realizou-se a avaliação da morfologia espermática e os animais foram classificados em aptos ou sexualmente imaturos. Os parâmetros genéticos foram estimados por meio do pacote computacional THRGIBBS1F90, que aplica a inferência bayesiana sob modelo animal. Dos 1.265 animais avaliados, 880 (69,56%) foram considerados aptos à reprodução e 385 (30,43%) sexualmente imaturos. As estimativas de herdabilidade obtidas para perímetro escrotal, defeitos maiores, menores e totais foram 0,45; 0,13; 0,06 e 0,14, respectivamente. As estimativas de correlação genética entre o perímetro escrotal e estas mesmas características foram -0,24; -0,04 e -0,18, respectivamente. Os resultados mostraram que, à exceção do perímetro escrotal, todas as outras características estudadas sofreram

influência ambiental e o perímetro escrotal não seria a característica mais adequada quando o intuito é obter melhoria dos aspectos qualitativos seminais, sendo recomendável a identificação de outras características que permitam a obtenção de progresso genético por meio da seleção indireta.

**Palavras-chave:** amostrador de Gibbs, andrologia, eficiência reprodutiva, herdabilidade, zebuínos

### SUMMARY

The aim of this study was to predict genetic parameters of Nelore males reproductive traits, with age between 17 and 24 months, raised in the Middle-west of Brazil, using Bayesian inference. The group of data considered 1.265 breeding soundness evaluations obtained between 2001 and 2007, in four different properties. Records were obtained from the measure of the scrotal circumference and were evaluated the spermatic morphology. Animals were classified in apt to reproduction or sexually immature. The genetic parameters were estimated through the software THRGIBBS1F90, that uses bayesian inference under animal model. Among 1.265 animals evaluated, 880 (69.56%) were considered apt to

reproduction and 385 (30.43%) sexually immature. The heritability estimates for scrotal circumference, larger defects, minor and total were 0.45; 0.13; 0.06 and 0.14, respectively. The estimates of genetic correlation between the scrotal circumference and these same traits were -0.24; -0.04 and -0.18, respectively. The results allowed to conclude that, except the scrotal circumference, all the other traits studied suffer environmental influences and the scrotal circumference would not be the most appropriate trait when the intention is to obtain improvement of the seminal qualitative aspects being advisable the identification of other traits that allow the obtaining genetic through the indirect progress selection.

**Keywords:** andrology, Gibbs sampler, heritability, reproductive efficiency, zebu cattle

## INTRODUÇÃO

Admite-se que o touro usado em monta natural seja fundamental para o progresso genético de um rebanho, apesar de sua presença física dificilmente ultrapassar os 5%. Isso ocorre devido ao fato de um reprodutor servir grande número de fêmeas (VIU, 2009).

Tem-se utilizado o perímetro escrotal (PE) como critério de seleção devido às altas herdabilidades e correlações genéticas favoráveis com características quali-quantitativas do sêmen (SILVA et al., 2002; QUIRINO et al., 2004; DIAS et al., 2006; DIAS et al., 2008), com idade à puberdade em machos e fêmeas (PEREIRA et al., 2000; CORRÊA et al., 2006) e com as características de crescimento (VALENTIM et al., 2002; KEALEY et al., 2006). Porém, de acordo com Unanian et al. (2000), o PE não constitui medida representativa da produção e qualidade espermática, além de possuir desvantagens, como o fato de não considerar a variação individual do formato testicular e considerar, erroneamente, a largura da parede da bolsa escrotal.

De acordo com Viu (2009), a inclusão de características indicadoras do desempenho reprodutivo dos machos nos programas de seleção é um aspecto importante para a melhoria da fertilidade da população. Acrescentou ainda que, devido ao maior diferencial de seleção imposto aos machos, pode-se esperar melhores respostas da seleção para fertilidade nos mesmos em comparação às fêmeas.

No entanto, para que a inclusão de características reprodutivas de machos em programas de melhoramento seja eficaz, é necessário que se conheça bem seus componentes de (co)variância e parâmetros genéticos. Para que esses parâmetros sejam confiáveis, as metodologias de avaliação genética devem ser corretamente aplicadas para que os valores genéticos preditos possam ser precisos, e assim, realmente representar um instrumento eficaz ao selecionador na busca do progresso genético do rebanho (FARIA et al., 2007). Nesse contexto, a inferência bayesiana é mais uma alternativa para solucionar problemas relacionados à avaliação genética, pois permite a realização de análises com modelos de limiar, linear e, inclusive, modelos limiar-linear, situação frequente quando se trata de características reprodutivas. Objetivou-se com este estudo, estimar parâmetros genéticos de características indicadoras de desempenho reprodutivo de machos da raça Nelore, com idade entre 17 e 24 meses, criados na região Centro-Oeste do Brasil, com utilização da inferência bayesiana.

## MATERIAL E MÉTODOS

Neste estudo, foram utilizadas 1.265 avaliações andrológicas de touros jovens da raça Nelore, criados em

sistema de produção a pasto, na região Centro-Oeste do Brasil. Os touros foram submetidos ao exame andrológico realizado de acordo com as recomendações do Colégio Brasileiro de Reprodução Animal (CBRA, 1998). Com base nas informações obtidas, os animais foram classificados em: 0) sexualmente imaturos (motilidade < 50%, vigor < 3 ou defeitos > 30%, desde que fosse detectada alta contagem de gotas citoplasmáticas proximais); e 1) aptos à reprodução (motilidade ≥ 50%; vigor ≥ 3 e defeitos < 30%).

A estruturação dos arquivos de dados foi realizada mediante uso do programa *Statistical Analysis System* (SAS, 2000), com utilização dos dados andrológicos de primeira coleta de touros jovens de 17 a 24 meses de idade.

As análises dos dados foram realizadas por meio do procedimento UNIVARIATE do programa *Statistical Analysis System* (SAS, 2000) para determinar se os erros experimentais das variáveis possuíam distribuição normal de probabilidade e homogeneidade de variância. Foram realizadas análises de variância com utilização do método dos quadrados mínimos por meio do procedimento GLM do programa *Statistical Analysis System* (SAS, 2000). As médias ajustadas foram obtidas através da opção “*statement*” LSMEANS do procedimento GLM.

A definição dos grupos de contemporâneos foi dada por: i) fazenda, ano e estação de nascimento (verão, outono, inverno e primavera). Foram eliminados os animais que não apresentaram informações genealógicas confiáveis, touros com menos de cinco filhos e grupos contemporâneos sem variabilidade e/ou que continham menos de oito animais, para todas as características avaliadas.

Na estimação dos parâmetros genéticos, utilizou-se a inferência bayesiana por meio do *software* THRGIBBS1F90 (TSURUTA & MIZTAL, 2006), sob modelo animal.

Para as características estudadas, foram considerados como efeitos fixos o grupo de contemporâneos e o ano de coleta, além da idade do animal no momento da coleta como covariável. O modelo completo pode ser representado em notação matricial como:

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

Em que  $y$  é o vetor das observações (características andrológicas),  $X$  é a matriz de incidência que relaciona o vetor dos efeitos fixos às observações,  $\beta$  é o vetor dos efeitos fixos (data da coleta e grupo contemporâneo, além da covariável idade do animal no momento da coleta),  $Z$  é a matriz de incidência que relaciona os efeitos genéticos aditivos diretos às observações,  $a$  é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos direto de cada animal,  $e$  é o vetor de efeitos aleatórios residuais. O arquivo de genealogia incluiu 2.224 animais da raça Nelore.

Análises univariadas foram realizadas com o intuito de obter as estimativas de componentes de (co)variância. Posteriormente, procedeu-se análises bivariadas, e obteve-se assim, as variâncias e covariâncias, as correlações genéticas aditivas e residuais e as herdabilidades das características em estudo.

Para as análises bayesianas admitiu-se que os efeitos aleatórios genéticos e residuais, possuem distribuição normal multivariada conforme representado a seguir:

$$p\left(\begin{matrix} a_1 \\ a_2 \end{matrix} \middle| G\right) \sim N\left(\begin{matrix} 0 \\ 0 \end{matrix} \middle| G = G_0 \otimes A\right), p\left(\begin{matrix} e_1 \\ e_2 \end{matrix} \middle| R\right) \sim N\left(\begin{matrix} 0 \\ 0 \end{matrix} \middle| R = R_0 \otimes I\right)$$

Em que:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} \\ \sigma_{a_1 a_2} & \sigma_{a_2}^2 \end{bmatrix}, R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1 e_2} \\ \sigma_{e_1 e_2} & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$$

Em que  $G_0$  é a matriz de variâncias e covariâncias genéticas,  $R_0$  é a matriz de variâncias e covariâncias residuais,  $\otimes$  é o operador do produto direto,  $A$  é a matriz de parentesco e  $I$  é a matriz identidade. Assumiu-se distribuições iniciais das (co)variâncias como uma *Wishart* Invertida para os efeitos aleatórios genéticos não correlacionados e residuais das características estudadas, inclusive a covariância entre elas.

Na implementação da Amostragem de Gibbs, foi utilizado um tamanho de cadeia inicial de 1.000.000 de ciclos, em que os primeiros 300.000 ciclos foram descartados e as amostras retiradas a cada 1.000 ciclos, o que totalizou 700 amostras.

O parâmetro  $\nu$  é o grau de liberdade correspondente à distribuição *Wishart* Invertida o que indica o grau de confiabilidade da distribuição inicial. Neste estudo, o parâmetro  $\nu$  utilizado

foi de valor zero, ou seja, não refletia nenhum grau de conhecimento sobre os parâmetros.

O erro de Monte Carlo, que indica se a convergência das cadeias de Monte Carlo foi atingida, foi estimado mediante cálculo da raiz da variância das amostras retiradas para cada componente de (co)variância dividido pelo número de amostras.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias ajustadas pelos quadrados mínimos ( $\bar{X}$ ) e o desvio padrão fenotípico ( $S_p$ ) das características relacionadas à qualidade seminal, além do número de animais classificados como aptos ou sexualmente imaturos, estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Número de observações (n), média ajustada pelos quadrados mínimos ( $\bar{X}$ ) e desvio-padrão ( $S_p$ ) das medidas relacionadas à qualidade seminal, segundo classificação dos touros em aptos ou sexualmente imaturos

Características	Aptos			Imaturos		
	n	$\bar{X}$	$S_p$	n	$\bar{X}$	$S_p$
PE (cm)	880	32,48 <sup>a</sup>	2,88	385	31,03 <sup>b</sup>	2,98
DEFMAI (%)	880	8,85 <sup>a</sup>	4,68	385	21,26 <sup>b</sup>	15,06
DEFMEN (%)	880	4,64 <sup>a</sup>	3,65	385	10,41 <sup>b</sup>	8,86
DEFTOT (%)	880	13,50 <sup>a</sup>	6,01	385	31,67 <sup>b</sup>	14,10

\*Letras diferentes na mesma linha indicam diferença ( $P < 0,01$ ), pelo teste t (LSMEANS - "statement").  
PE = perímetro escrotal, DEFMAI = defeitos maiores, DEFMEN = defeitos menores e DEFTOT = defeitos totais.

Verifica-se que, ao agrupar os animais em aptos e imaturos sexualmente, todas as características avaliadas apresentaram diferença significativa ( $P < 0,01$ ), e observa-se o PE menor e a quantidade de defeitos maior no grupo de animais imaturos.

Dos 1.265 animais avaliados, 880 (69,56%) foram considerados aptos à reprodução e 385 (30,43%) imaturos sexualmente, o que demonstra a possibilidade de utilização precoce destes animais em estação reprodutiva (17 a 24 meses de idade), fato que contribuiria para a redução do déficit de touros devidamente testados e selecionados para trabalhar como reprodutores, além de acelerar o melhoramento genético obtido por meio da seleção por reduzir o intervalo de gerações. Estes resultados são próximos aos obtidos por Salvador et al. (2002), que obtiveram 67% dos touros Nelore

aptos à reprodução e também aos relatados por Viu (2009) que descreveu que 69% dos touros Nelore de 17 a 24 meses estavam aptos e 31% imaturos. No entanto, estes resultados são menores que os relatados por Santos et al. (2005), que obtiveram 78% de touros aptos em animais de 20 a 24 meses de idade; e também aos apresentados por Silveira et al. (2004), que avaliaram animais Nelore com idade média de 21 meses e descreveram que 78,33% foram considerados aptos e 32,77% foram considerados imaturos. Essas variações encontradas entre resultados de diferentes estudos, ocorrem em virtude da diferente intensidade de seleção para precocidade sexual aplicada aos rebanhos.

A estatística descritiva das estimativas de herdabilidades das características reprodutivas está apresentada na Tabela 2.

Tabela 2. Estatística descritiva das estimativas de herdabilidade das características perímetro escrotal (PE), defeitos maiores (DEFMAI), defeitos menores (DEFMEN) e defeitos totais (DEFTOT), obtidas a partir de análises bayesianas univariadas sob modelo animal

Estatística Descritiva	Herdabilidades			
	PE	DEFMAI	DEFMEN	DEFTOT
Média	0,45	0,13	0,04	0,13
Moda	0,47	0,06	0,02	0,09
Mediana	0,45	0,11	0,04	0,12
Erro de Monte Carlo	0,0037	0,0031	0,0014	0,0029

Observa-se que os valores de média, moda e mediana, de uma maneira geral, foram próximos para todas as características reprodutivas estudadas, exceto para defeitos espermáticos maiores, nos quais a moda foi inferior à média e mediana. Tais resultados indicam que a convergência da cadeia de Gibbs foi atingida, e as distribuições

marginais posteriores dos componentes de (co)variâncias tenderam a uma distribuição normal, o que também pode ser verificado na Figura 1. De acordo com Silva et al. (2005), a simetria da distribuição das estimativas de medidas de tendência central é um indicativo da convergência da cadeia amostral e de uma análise acurada. No entanto, não é

necessário que as estimativas das medidas de tendência central dos componentes de (co)variâncias sejam similares, pois espera-se distribuições *Wishart* Invertida das densidades marginais posteriores dos componentes de (co)variâncias (SORENSEN et al., 1995; VAN TASSEL et al., 1998).

Na inferência bayesiana, a medida de tendência central que melhor representa o verdadeiro valor biológico do parâmetro não é a média e sim a moda, já que esta representa o valor que aparece com maior frequência na densidade marginal posterior de cada parâmetro (MAGNABOSCO et al., 2000).

Outra informação importante apresentada na Tabela 2 é o erro de Monte Carlo, que de acordo com Sorensen et al. (1995), representa o erro da estimação do parâmetro devido ao número de amostras usadas na cadeia de Gibbs. Van Tassel et al. (1998), afirmaram que o erro de Monte Carlo é inversamente proporcional ao tamanho da cadeia de Gibbs, e conhecer esse fator é muito importante para avaliar se a implementação da Amostragem de Gibbs foi adequada para gerar as médias posteriores das distribuições marginais dos componentes de (co)variâncias.

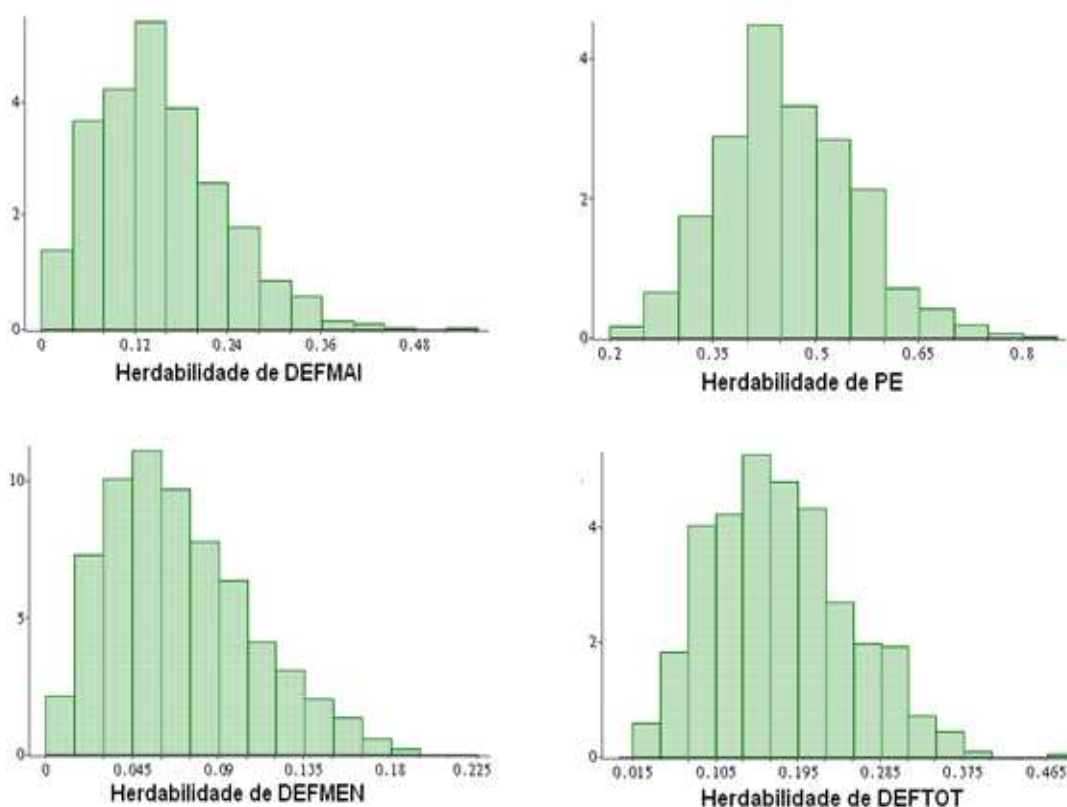


Figura 1. Histogramas das estimativas de densidades posteriores de parâmetros genéticos (herdabilidade) para perímetro escrotal (PE), defeitos maiores (DEFMAI), defeitos menores (DEFMEN) e defeitos totais (DEFTOT), obtidos a partir de análises univariadas sob modelo animal



Neste estudo, pode ser observado que o erro de Monte Carlo foi muito pequeno para todas as estimativas de herdabilidade, o que indica que o tamanho da cadeia de Gibbs foi suficiente para obter estimativas precisas das médias posteriores. O erro de Monte Carlo é considerado pequeno quando seu valor somado à estimativa média da distribuição posterior dos coeficientes de herdabilidade não altera o valor desta estimativa ao se considerar até a segunda casa decimal da herdabilidade (FARIA et al., 2007). Assim, pode-se inferir que a metodologia utilizada foi adequada para obter estimativas de parâmetros

genéticos para as características reprodutivas.

Observa-se na Figura 1, que quase todas as distribuições foram semelhantes a uma distribuição normal, de acordo com as pressuposições bayesianas (VAN TASSEL et al., 1998), o que indica que os valores genéticos foram devidamente preditos para todas as características reprodutivas estudadas.

As estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos para as características PE, DEFMAI, DEFMEN e DEFTOT de bovinos da raça Nelore, obtidas por inferência bayesiana, são apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3. Médias posteriores dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as características perímetro escrotal (PE), defeitos maiores (DEFMAI), defeitos menores (DEFMEN) e defeitos totais (DEFTOT) de bovinos da raça Nelore, obtidas a partir de análises bayesianas univariadas sob modelo animal

Características	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	RC (95%)
PE	2,52	3,09	5,61	0,47	0,26 a 0,64
DEFMAI	0,85	97,05	97,90	0,06	0,01 a 0,31
DEFMEN	1,82	31,26	33,08	0,02	0,00 a 0,13
DEFTOT	18,95	119,36	138,31	0,09	0,02 a 0,29

\* $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $\sigma_p^2$  = variância fenotípica;  $h^2$  = herdabilidade; RC (95%) = região de credibilidade a 95%.

Alguns autores (FARIA et al., 2007) relataram a ocorrência de “*blowing up*” da cadeia de Gibbs em que a variância genética aditiva continua a aumentar até alcançar valores absurdos, de modo que a inversa da matriz das variâncias e covariâncias genéticas resulta em não positiva definida, e interrompe a continuação da cadeia de Gibbs. No presente estudo o “*blowing up*” da cadeia de Gibbs não ocorreu e a convergência foi atingida em todas as análises.

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método bayesiano, o que permitiu a obtenção da região de credibilidade, conforme demonstrado na Tabela 3, além das distribuições das densidades marginais posteriores dos parâmetros. De acordo com Resende (2000), a análise bayesiana proporciona a obtenção de intervalos de confiança e desvios padrão dos parâmetros genéticos, e tais informações refletem melhor a acurácia das análises.

A estimativa de herdabilidade para PE obtida neste estudo foi de moderada a alta magnitude, e está próxima aos valores descritos por Cyrillo et al. (2001), Pereira et al. (2000), Ortiz Peña et al. (2001), Pereira et al. (2002), Sarreiro et al. (2002), Silveira (2004), Dias et al. (2006) e Viu (2009), que obtiveram 0,44; 0,51; 0,41; 0,47; 0,38; 0,37; 0,46 e 0,44, respectivamente. O próprio fato de a estimativa obtida ser próxima à relatada por vários outros autores que trabalharam com animais da mesma raça, já é um indício de que a análise foi acurada. Estimativas de herdabilidade de moderada a alta magnitude, indicam que o efeito aleatório aditivo direto foi alto, o que demonstra tratar-se de característica pouco influenciada pelo meio ambiente. Além disso, estes resultados evidenciam a existência de variabilidade genética para esta característica na raça Nelore, o que torna possível e eficiente a obtenção de melhoramento genético via seleção dos indivíduos superiores.

Quanto aos defeitos espermáticos, agrupados em defeitos maiores, menores e totais, os valores de herdabilidade obtidos foram de baixa magnitude (Tabela 3). Valor próximo foi descrito por Sarreiro et al. (2002) que ao trabalharem com animais da raça Nelore, descreveram herdabilidade de 0,07 para taxa de espermatozoides anormais. Esse parâmetro, apesar de possuir nomenclatura diferente, equivale aos defeitos totais deste estudo, que adotou a nomenclatura recomendada pelo Colégio Brasileiro de Reprodução Animal (CBRA, 1998), o que explica o fato de as estimativas obtidas serem próximas. Já Kealey et al. (2006), trabalharam com taxa de espermatozoides normais e relataram herdabilidade de 0,35 para esse parâmetro em touros Hereford.

Valor semelhante também foi descrito por Silveira (2004) que obteve estimativas de herdabilidade para defeitos espermáticos maiores (0,20), menores (0,03) e totais (0,19). Dias et al. (2006) também trabalharam com animais Nelore e obtiveram valores de herdabilidade para defeitos maiores, menores e totais, de 0,16; 0,09 e 0,11 respectivamente. Viu (2009) trabalhou com o mesmo banco de dados utilizado neste estudo, porém utilizou a metodologia REML, e obteve as seguintes estimativas de herdabilidade para defeitos maiores, menores e totais, respectivamente, 0,10; 0,03 e 0,12.

Um ponto em comum entre esses trabalhos é que todos utilizaram metodologia REML, porém, trata-se de equipes de pesquisa e rebanhos diferentes. Apesar disso, nota-se que os resultados são bastante próximos, e isso indica que os estudos retrataram bem as características estudadas. Em todos os trabalhos, os autores atribuíram a baixa herdabilidade obtida à alta variância residual, o que demonstra que são características extremamente influenciadas por fatores relacionados ao meio ambiente. No presente estudo as herdabilidades também foram consideradas de baixa magnitude, o que corrobora com todos os trabalhos discutidos anteriormente. O motivo para tal é o mesmo descrito pelos outros autores, pois se tem em vista que a variância residual foi alta conforme demonstra a Tabela 3.

Na Tabela 4 estão sumarizadas as correlações genéticas entre o perímetro escrotal e as características de qualidade seminal. De maneira geral, as correlações entre o PE e as características indicadoras de qualidade seminal foram negativas e de baixa a moderada magnitude, conforme já salientado por Sarreiro et al. (2002),



Dias et al. (2006), Dias et al. (2008) e Viu (2009).

Valores próximos aos obtidos neste estudo foram descritos por Silveira (2004), que obteve correlação genética entre PE e DEFMAI, DEFMEN e DEFTOT de -0,41; -0,02 e -0,09, respectivamente. Da mesma forma, Viu (2009) descreveu correlações entre PE e

estas mesmas características de -0,25; -0,08 e -0,21, respectivamente. Esses autores acrescentam ainda que essas estimativas, apesar de favoráveis, são de magnitude muito baixa, o que dificulta ou mesmo inviabiliza a seleção indireta para melhoria da qualidade espermática por meio de seleção de indivíduos com maior PE.

Tabela 4. Correlações genéticas aditivas entre perímetro escrotal (PE) e as características de qualidade seminal (defeitos maiores – DEFMAI, menores – DEFMEN e totais – DEFTOT), de bovinos da raça Nelore, obtidas a partir de análises bayesianas bivariadas sob modelo animal

Características	PE	DEFMAI	DEFMEN	DEFTOT
PE	1,00	-0,24	-0,04	-0,18

Kealey et al. (2006), trabalharam com animais Hereford e relataram correlações genéticas entre perímetro escrotal e porcentagem de espermatozoides normais (0,33), anormalidades primárias (-0,36) e secundárias (-0,45). Possivelmente, essas estimativas acima dos valores obtidos neste estudo, se devem ao fato de se tratar de raças diferentes e também devido à diferente maneira de agrupamento dos defeitos espermáticos. De acordo com Blom (1950), anomalias espermáticas primárias seriam aquelas anomalias que tiveram origem devido a desordens do epitélio seminífero, e afetou a formação do espermatozoide. Essas teriam sim, maior influência genética do que do meio ambiente. Já as secundárias, seriam aquelas anomalias que aparecem e afetam o espermatozoide formado, como resultado de condições não fisiológicas, possivelmente desde o epidídimo até o momento da ejaculação. Nesse caso ocorre o oposto, ou seja, seriam determinadas por fatores de

meio ambiente, com mínima influência genética.

O mesmo ocorreu no estudo de Dias et al. (2008), que estimaram as correlações genéticas do PE com DEFMEN e DEFTOT, e obtiveram respectivamente os valores -0,67 e -0,12.

Verifica-se que há pequena associação genética favorável entre o perímetro escrotal e os aspectos qualiquantitativos do sêmen. Assim, o perímetro escrotal não seria a característica mais adequada quando o intuito é obter melhoria dos aspectos qualitativos seminais, o que faz recomendável a identificação de outras características que permitam a obtenção de progresso genético por meio da seleção indireta.

## REFERÊNCIAS

BLOM, E. Interpretation of spermatocytology in bulls. **Fertility and Sterility**, v.1, p.223-238, 1950.

COLÉGIO BRASILEIRO DE  
REPRODUÇÃO ANIMAL - CBRA.  
**Manual para exame andrológico e  
avaliação de sêmen animal.** 2.ed. Belo  
Horizonte, 1998. 49p.

CORRÊA, A.B.; VALE FILHO, V.R.;  
CORRÊA, G.S.S.; ANDRADE, V.J.;  
SILVA, M.A.; DIAS, J.C.  
Características do sêmen e maturidade  
sexual de touros jovens da raça Tabapuã  
(*Bos taurus indicus*) em diferentes  
manejos alimentares. **Arquivo  
Brasileiro de Medicina Veterinária e  
Zootecnia**, v.58, n.5, p.388-393, 2006.

CYRILLO, J.N.S.G.; RAZOOK, A.G.;  
FIGUEIREDO, L.A.; BONILHA  
NETO, L.M.; MERCADANTE,  
M.E.Z.; TONHATI, H. Estimativas de  
tendências e parâmetros genéticos do  
peso padronizado aos 378 dias de idade,  
medidas corporais e perímetro escrotal  
de machos Nelore de sertãozinho, SP.  
**Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30,  
n.1, p.56-65, 2001.

DIAS, J.C.; ANDRADE, V.J.;  
FRIDRICH, A.B.; SALVADOR, D.F.;  
VALE FILHO, V.R.; CORRÊA, A.B.;  
SILVA, M.A. Estimativas de  
parâmetros genéticos de características  
reprodutivas de touros Nelore, de dois e  
três anos de idade. **Arquivo Brasileiro  
de Medicina Veterinária e Zootecnia**,  
v.58, n.3, p.823-830, 2006.

DIAS, J.C.; ANDRADE, V.J.;  
MARTINS, J.A.M.; EMERICK, L.L.;  
VALE FILHO, V.R. Correlações  
genéticas e fenotípicas entre  
características reprodutivas e produtivas  
de touros da raça Nelore. **Pesquisa  
Agropecuária Brasileira**, v.43, n.1;  
p.53-59, 2008.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.;  
BORJAS, A.R.; 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, 2007.

KEALEY, C.G; MacNEIL, M.D.;  
TESS, M.W.; GEARY, T.W.;  
BELLOWS, R.A. Genetic parameter  
estimates for scrotal circumference and  
semen characteristics of line 1  
Herefords bulls. **Journal of Animal  
Science**, v.84, n.2, p.283-290, 2006.

MAGNABOSCO, C.U.; LÔBO, R.B. ;  
FAMULA, T.R. Bayesian inference for  
genetic parameter estimation on growth  
traits for Nelore cattle In Brazil, using  
the Gibbs Sampler. **Journal of Animal  
Breeding and Genetics**, v.117, p.169-  
188, 2000.

ORTIZ PEÑA, C.D.; QUEIROZ, S.A.;  
FRIES, L.A. Comparação entre critérios  
de seleção de precocidade sexual e a  
associação destes com características de  
crescimento em bovinos Nelore.  
**Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30,  
n.1, p.93-100, 2001.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ,  
J.B.S. Correlação genética entre  
perímetro escrotal e algumas  
características reprodutivas na raça  
Nelore. **Revista Brasileira de  
Zootecnia**, v.29, n.6, p.1676-1683,  
2000.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ,  
J.B.S. Análise genética de  
características reprodutivas na raça  
Nelore. **Pesquisa Agropecuária  
Brasileira**, v.37, n.5, p.703-708, 2002.

QUIRINO, C.R.; BERGMANN, J.A.G.; VALE FILHO, V.R.; ANDRADE, V.J.; REIS, S.R.; MENDONÇA, R.M.; FONSECA, C.G. Genetic parameters of libido in Brazilian Nelore bulls. **Theriogenology**, v.62, n.1-2, p.1-7, 2004.

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: Embrapa Florestas, 2000. 68p. (Documentos, 46).

SALVADOR, D.F.; DIAS, J.C.; VALE FILHO, V.R.; ANDRADE, V.J.; SILVA, A.S.; NOGUEIRA, E. Perfil andrológico de touros da raça Nelore com três e quatro anos de idade, criados extensivamente em condições do estado do Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v.26, n.2, p.64-67, 2002.

SANTOS, R.E.; VIU, M.A.O.; FERRAZ, H.T.; VIU, A.F.M.; GAMBARINI, M.L.; OLIVEIRA FILHO, B. D. Qualidade seminal de touros Nelore de até 24 meses. In: CONGRESSO DE PESQUISA, ENSINO E EXTENSÃO DA UFG – COMPLEX, 2, 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: UFG, 2005.

SARREIRO, L.C.; BERGMANN, J.A.; QUIRINO, C.R.; PINEDA, N.R.; FERREIRA, V.C.P.; SILVA, M.A. Herdabilidade e correlação genética entre perímetro escrotal, libido e características seminais de touros Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.6, p.602-608, 2002.

STATISCAL ANALYSIS SYSTEM – SAS. **User's guide: statistics**. 5.ed. Cary: SAS institute inc., 2000. 1028p.

SILVA, A.E.D.F.; UNANIAN, M.M.; CORDEIRO, C.M.T.; FREITAS, A.R. Relação da circunferência escrotal e parâmetros da qualidade do semen em touros da raça Nelore, PO. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.3, p.1157-1165, 2002.

SILVA, J.A.V.; DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G. Estudo genético da precocidade sexual de novilhas em um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.5, p.1568-1572, 2005.

SILVEIRA, T.S. **Estágio de maturidade sexual e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos de características reprodutivas e ponderais, em touros da raça Nelore**. 2004. 137f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

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

TSURUTA, S.; MISZTAL, I. THRGIBBS1F90 for estimation of variance components with threshold and linear models. In: **WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION**, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte: Instituto Prociência, 2006. p.253.

UNANIAN, M.M.; SILVA, A.E.D.F.; McMANUS, C.; CARDOSO, E.P. Características biométricas testiculares para avaliação de touros zebuínos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.1, p.136-144, 2000.

VALENTIM, R.; ARRUDA, R.P.;  
BARNABÉ, R.C.; ALENCAR, M.M.  
Biometria testicular de touros Nelore e  
touros cruzados europeu-Nelore aos 20  
e 24 meses de idade. **Brazilian Journal  
of Veterinary Research and Animal  
Science**, v.39, p.113-120, 2002.

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

VIU, M.A.O. **Estudo Genético  
quantitativo e ambiental do potencial  
reprodutivo de touros Nelore criados  
no Centro-Oeste do Brasil**. 2009.  
118p. Tese (Doutorado em Ciência  
Animal) – Universidade Federal de  
Goiás, Goiânia.

Data de recebimento: 23/02/2010

Data de aprovação: 27/10/2010