

TÚLIO VILAR VILAS BOAS OLIVEIRA

**MODELOS ALTERNATIVOS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE
CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE TOUROS DA RAÇA NELORE
VIA INFERÊNCIA BAYESIANA**

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

Orientadora: Renata Veroneze

Coorientador: Fabyano Fonseca e Silva

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2019**

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

T

O48m
2019

Oliveira, Túlio Vilar Vilas Boas, 1992-
Modelos alternativos para avaliação genética de
características reprodutivas de touros da raça nelore via
inferência bayesiana / Túlio Vilar Vilas Boas Oliveira. – Viçosa,
MG, 2019.

38 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Renata Veroneze.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 33-38.

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

CDD 22. ed. 636.2

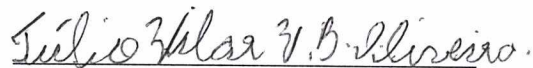
TÚLIO VILAR VILAS BOAS OLIVEIRA

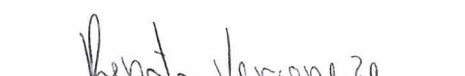
MODELOS ALTERNATIVOS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE
CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE TOUROS DA RAÇA NELORE
VIA INFERÊNCIA BAYESIANA

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

APROVADA: 25 de julho de 2019.

Assentimento:


Túlio Vilar Vilas Boas Oliveira
Autor


Renata Veroneze
Orientadora

AGRADECIMENTOS

A Deus pela virtude da vida e por permitir mais essa conquista em minha vida.

À minha família, em especial à minha mãe pelo apoio e incentivo durante esta longa caminhada e por ter me educado de forma tão correta e por ser hoje a razão pela qual tento ser uma pessoa cada vez melhor.

À minha namorada Karina por todo amor, apoio e compreensão durante todo o período juntos.

À minha orientadora Renata Veroneze, por toda a disponibilidade e paciência de me orientar e me fazer crescer profissional e pessoalmente nesta etapa.

Aos professores Fabyano e Paulo Sávio pelo apoio durante a condução dessa dissertação e pelos conhecimentos passados ao longo dessa etapa.

Aos membros da banca Fabyano Fonseca e Silva e José Marcelo Soriano Viana, pela disposição em ler este trabalho e por suas valiosas sugestões.

A todos os professores e funcionários da Universidade Federal de Viçosa que contribuíram para o meu crescimento acadêmico e pessoal.

A todos os amigos do GDMA por toda amizade, aprendizado e apoio transmitido.

As fontes financiadoras de pesquisa CAPES, CNPq e FAPEMIG.

E a todos aqueles que, de alguma forma, colaboraram para a realização deste projeto.

BIOGRAFIA

Túlio Vilar Vilas Boas Oliveira, filho de José Gomes de Oliveira e Sônia Maria Vilas Boas Garcia Oliveira, nasceu em Inconfidentes, Minas Gerais, em 13 de janeiro de 1992. Ingressou no curso técnico em Agropecuária no Instituto Federal do Sul de Minas campus Inconfidentes em fevereiro de 2007, obtendo sua conclusão em dezembro de 2009. Em agosto de 2012 iniciou sua graduação em Zootecnia na Universidade Federal de Lavras e graduou-se em Zootecnia em julho de 2017. Iniciou o Mestrado em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa em agosto de 2017, realizando suas pesquisas na área de Melhoramento Animal e submetendo-se à defesa em 25 de julho de 2019.

RESUMO

OLIVEIRA, Túlio Vilar Vilas Boas, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2019. **Modelos alternativos para avaliação genética de características reprodutivas de touros da raça nelore via inferência bayesiana.** Orientadora: Renata Veroneze. Coorientador: Fabyano Fonseca e Silva.

O desempenho reprodutivo é um dos fatores mais importantes para a eficiência produtiva da pecuária de corte. Características biométricas testiculares e físicas e morfológicas do ejaculado são usadas para avaliar o desempenho reprodutivo de touros. Os dados fenotípicos das características físicas e morfológicas do sêmen são expressas em porcentagem ou em notas de modo que a avaliação de tais características por meio de modelos que assumem distribuição normal aos dados pode ser questionada. Objetivou-se com este trabalho comparar o ajuste de modelos que assumem distribuições alternativas com o modelo misto Gaussiano para características físicas e morfológicas do sêmen, identificando o modelo com melhor qualidade de ajuste, além de prever os parâmetros genéticos de características reprodutivas, via inferência Bayesiana. Foram utilizados dados fenotípicos de 615 touros da raça nelore, com idade entre 18 e 36 meses. As características expressas em porcentagem, motilidade (MOT), defeitos maiores (DMA), menores (DME) e totais (DT) e porcentagem de espermatozoides normais (PNS) foram avaliadas através dos modelos Gaussiano e Exponencial. Para as características físicas expressas em nota, vigor (VIG) e turbilhonamento (TURB), foram comparados o modelo Gaussiano e o modelo Poisson. Foi proposta a transformação da característica DT em dados binários (0 e 1) a qual foi chamada de aptidão reprodutiva (DT01). As características biométricas testiculares e da vesícula seminal tiveram seus parâmetros genéticos estimados somente via modelo Gaussiano. O modelo Exponencial apresentou melhor qualidade de ajuste para os dados de DMA e DME, enquanto que para TURB o modelo de Poisson apresentou melhor ajuste. Diferente do esperado, o modelo Gaussiano demonstrou superioridade no ajuste comparado ao Threshold para a característica DT01. Para as demais características, o modelo Gaussiano mostrou-se superior. As estimativas de herdabilidade foram altas para as características biométricas testiculares, variando de 0,34 a 0,5, e baixas para as características biométricas da vesícula seminal (0,04 para comprimento e 0,07 para largura da vesícula seminal). Para as características morfológicas do sêmen as estimativas de herdabilidade foram altas, entre 0,36, para DT, e 0,50, para DMA. Já para as características físicas do sêmen as estimativas de herdabilidade tiveram grande variação, 0,04 para MOT e VIG e 0,57 para TURB. Modelos alternativos ao Gaussiano podem ser uma opção promissora para a avaliação genética de características físicas e morfológicas do sêmen de bovinos.

ABSTRACT

OLIVEIRA, Túlio Vilar Vilas Boas, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2019. **Alternative models for genetic evaluation of reproductive traits in nelore bulls by Bayesian inference.** Advisor: Renata Veroneze. Co-advisor: Fabyano Fonseca e Silva.

Reproductive performance is one of the most important factors for the productive efficiency of beef cattle. Biometric testicular and physical and morphological traits of the ejaculate are used to evaluate the reproductive performance of bulls. The phenotypic data of the physical and morphological traits of the semen are expressed in percentage or in notes so that the evaluation of such traits through models that assume normal distribution to the data can be questioned. The objective of this work was to compare the adjustment of models that assume alternative distributions with the mixed Gaussian model for the physical and morphological characteristics of the semen, identifying the model with the best quality of fit, as well as predicting the genetic parameters of reproductive traits via Bayesian inference. Phenotypic data of 615 Nelore bulls, aged between 18 and 36 months, were used. The traits expressed as percentage, sperm motility (MOT), major (DMA), minor (DME) and total (DT) sperm defects and percentage of normal spermatozoa were evaluated through Gaussian and Exponential models. For the physical traits expressed in scores, sperm vigour (VIG) and semen mass activity (TURB), the models Gaussian and Poisson were compared. A new trait called reproductive fitness (DT01) obtained from the transformation of DT in binary data (0 and 1) were proposed for the evaluation of male fertility. The biometric testicular and seminal vesicle characteristics had their genetic parameters estimated using the Gaussian model. Exponential model presented better fit quality for DMA and DME data. For TURB the best model was Poisson. Different from the expected, Gaussian model showed superiority in the adjustment compared to the Threshold for DT01. For all other evaluated traits the Gaussian model presented the best fit. Heritability estimates were high for testicular biometric characteristics, ranging from 0.34 to 0.5. However, for the biometric characteristics of the seminal vesicle the heritabilities were low (0.04 for seminal vesicle length and 0.07 for seminal vesicle width). For the morphological traits of the semen the heritability estimates were high, between 0.36 for DT and 0.50 for DMA. For the physical traits of the semen the estimates of heritability varied widely, from 0.04 for MOT and VIG to 0.57 for TURB. Alternative Gaussian models may be a promising option for the genetic evaluation of the physical and morphological characteristics of bull semen.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	8
2. REVISÃO DE LITERATURA	9
2.1. Características físicas e morfológicas do ejaculado	9
2.1.1. Características morfológicas do sêmen	10
2.1.2. Características físicas do sêmen	11
2.1.3. Padrões para a avaliação do potencial de fertilidade do sêmen bovino	11
2.1.4. Parâmetros genéticos de características físicas e morfológicas do	
ejaculado.....	12
2.2. Características biométricas testiculares.....	13
2.3. Análise sob enfoque Bayesianos	15
3. MATERIAL E MÉTODOS	16
3.1. Descrição dos dados	16
3.2. Análises estatística	17
3.3. Comparação de modelos.....	22
4. RESULTADOS	23
4.1. Avaliação dos modelos	23
4.2. Efeito dos modelos na classificação dos animais	24
4.3. Componentes de variância e herdabilidade.....	25
5. DISCUSSÃO	26
5.1. Avaliação dos modelos	26
5.2. Efeito dos modelos na classificação dos animais	28
5.3. Componentes de variância e herdabilidade.....	30
6. CONCLUSÃO	32
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	33

1. INTRODUÇÃO

Na bovinocultura, o desempenho reprodutivo, tanto das fêmeas como dos machos, é um dos componentes mais importantes para a eficiência produtiva da pecuária de corte, sendo que a fertilidade de touros é fundamental para a viabilidade comercial e sucesso das biotecnologias reprodutivas aplicadas ao melhoramento.

A seleção dos reprodutores tem sido direcionada principalmente para características de desempenho e carcaça e pouca ênfase tem sido dada para características reprodutivas mensuradas diretamente nos machos (BOLIGON; RORATO; DE ALBUQUERQUE, 2007). As características biométricas testiculares podem auxiliar na previsão da puberdade dos descendentes (LOPES et al., 2016), dentre elas, o perímetro escrotal (PE) é a mais utilizada em avaliações genéticas, pois é de fácil mensuração, apresenta alta herdabilidade e correlação genética favorável com características de peso corporal e precocidade sexual tanto em machos, quanto em fêmeas (SIQUEIRA, GUIMARÃES e PINHO, 2013; BUZANSKAS et al., 2017).

Segundo BAILEY et al. (1996) e BAILEY et al. (1998), o PE não constitui medida representativa da produção e qualidade espermática, além de não considerar a variação individual do formato testicular e, erroneamente, considerar a largura da parede da bolsa escrotal. De acordo com UNANIAN et al. (2000), o volume testicular tem sido apontado como alternativa para a seleção de reprodutores e pode ser obtido utilizando-se medidas bidimensionais (comprimento e largura) dos testículos.

A qualidade do sêmen é um dos fatores que influenciam diretamente os índices reprodutivos do rebanho, sendo importante para fazendas que usam tanto monta natural quanto inseminação artificial (OLIVEIRA et al., 2012). Na fertilização in vitro (FIV), a qualidade do sêmen pode interferir na capacidade de fertilização de oócitos e no desenvolvimento embrionário (SUDANO et al., 2011). Dessa forma, a produção e a qualidade do sêmen são relevantes para a caracterização da fertilidade de um touro.

Características físicas e morfológicas do ejaculado são usadas para avaliação da qualidade do sêmen de reprodutores; a maioria dos trabalhos envolvendo avaliação genética ou estimação de parâmetros genéticos de tais características utilizam metodologias baseadas em modelos mistos assumindo-se distribuição normal (PASTORE et al., 2008; CORBET et al., 2013; BERRY et al. 2019). Contudo, ao se definir um modelo para avaliação de determinadas características deve-se

primeiramente levar em consideração como os dados são distribuídos, considerando todas as variáveis. É interessante saber qual modelo é mais provável de acordo com as informações fornecidas pelos dados (BLASCO, 2017).

As características de qualidade do sêmen são expressas em porcentagem (motilidade, defeitos maiores, menores e totais, e porcentagem de espermatozoides normais) ou em notas (vigor e turbilhonamento), de modo que o uso de modelos mistos assumindo distribuição normal para a análise dessas características é questionável. Pois as características medidas como nota possuem natureza discreta e as expressas em porcentagem, no caso da qualidade do sêmen, tendem a apresentar um padrão que sugere ausência de normalidade, apresentando um maior número de observações com valores elevados ou reduzidos, possuindo, portanto, assimetria a direita ou a esquerda.

Embora seja esperado que as características físicas e morfológicas não apresentem distribuição Normal, na literatura pesquisada não foi encontrado trabalhos avaliando modelos com distribuições alternativas para a avaliação genética de tais características. Avaliações genéticas assumindo distribuições não normais podem ser realizadas por meio de modelos generalizados mistos (Thompson, 1979; Gianola & Foulley, 1983; Harville & Mee, 1984; Gilmour et al., 1985, 1987; Tempelman, 1998; GARCIA et al., 2012), entretanto, os Métodos Bayesianos possuem a vantagem de permitir o ajuste de modelos complexos e facilitar a obtenção de medidas de qualidade de ajuste do modelo (NAYA et al., 2008).

Assim, objetivou-se comparar o ajuste de modelos que assumem distribuições alternativas (Exponencial, Poisson e Threshold) com o modelo misto Gaussiano via inferência Bayesiana para características físicas e morfológicas do sêmen em touros da raça Nelore. Adicionalmente, estimar as herdabilidades com os respectivos intervalos de credibilidade para as características biométricas testiculares e da vesícula seminal e físicas e morfológicas do ejaculado.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Características físicas e morfológicas do ejaculado

As características físicas e morfológicas do sêmen são usadas para avaliar a qualidade do ejaculado e estão relacionadas com variações nas taxas de fertilização.

2.1.1. Características morfológicas do sêmen

Publicações mostrando associações da fertilidade de touros com alterações morfológicas dos espermatozoides começaram a ser publicadas no início do século 20 e, a partir daí a avaliação da morfologia espermática sob microscopia óptica vem constituindo parte importante para o estudo da fertilidade de touros (WILLIAMS, 1920; WILLIAMS e SAVAGE, 1925; ARRUDA et al., 2011). A morfologia do sêmen pode ser descrita como o estudo anatômico do gameta masculino (célula espermática). A análise morfológica espermática visa identificar possíveis anormalidades nas células espermáticas, as quais podem variar desde defeitos mais sutis até defeitos mais evidentes, que comprometem de forma mais acentuada a capacidade do espermatozoide de fertilizar o oócito.

Observando essas anormalidades morfológicas, BLOM (1972) criou uma classificação para as alterações anatômicas do espermatozoide, considerando-se duas classes: defeitos maiores e defeitos menores. Anormalidades que causam prejuízo de fertilidade ou ligadas à condições patológicas do testículo ou epidídimo são considerados defeitos maiores, dentre eles podemos citar: subdesenvolvimento, formas duplas, Knobbed sperm, decapitado, diadema, piriforme, estreito na base, contorno anormal, cabeça pequena anormal, cabeça destacada anormal, peça intermediária em saca-rolhas, outros defeitos de peça intermediária, gota citoplasmática proximal e cauda fortemente dobrada ou enrolada. Os defeitos menores são aqueles defeitos morfológicos que possuem menor impacto na fertilidade, como por exemplo, cabeça delgada, cabeça pequena normal, cabeça gigante, curta e achatada, cabeça normal destacada, acrossomo destacado, inserção abaxial, gota citoplasmática distal, cauda dobrada ou enrolada e cauda enrolada na extremidade.

A característica defeitos totais é obtida pela soma dos defeitos maiores e menores, abrangendo, portanto, os espermatozoides que apresentam qualquer tipo de anomalia morfológica. Já a característica porcentagem de espermatozoides normais abrange apenas os espermatozoides morfolologicamente normais e é obtida pelo total de espermatozoides subtraído dos defeitos totais (BLOM, 1973). As características morfológicas defeitos maiores, defeitos menores, defeitos totais e porcentagem de espermatozoides normais são todas expressas em porcentagem.

2.1.2. Características físicas do sêmen

As principais características físicas do sêmen avaliadas em bovinos são motilidade, vigor e turbilhonamento. De acordo com o Colégio Brasileiro de Reprodução Animal (CBRA, 1998), a motilidade é caracterizada pela movimentação e viabilidade dos espermatozoides; essa característica é expressa na forma de porcentagem e avalia a porcentagem de espermatozoides móveis, sendo altamente susceptível a alterações ambientais. O vigor espermático avalia a velocidade com que os espermatozoides se movimentam, é expressa em notas, em uma escala que vai de 0 a 5, em que 0 indica a ausência de movimento progressivo e 5 indica um movimento vigoroso e veloz dos espermatozoides. Já o turbilhonamento é avaliado através da movimentação em massa dos espermatozoides na forma de ondas, a intensidade deste movimento é resultante da influência das características de motilidade, vigor espermático e ainda da concentração espermática, é também expressa em notas, em uma escala de 0 a 5.

2.1.3. Padrões para a avaliação do potencial de fertilidade do sêmen bovino

Como descrito por ARRUDA et al. (2015), de acordo com o Grupo de Trabalho de Andrologia Bovina, instituído pela Portaria n°.109/2009 do Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento-MAPA (BRASIL, 2009), recomenda-se para ejaculados de touros os seguintes padrões: mínimo de 70% de células espermáticas normais, sendo esta a característica isolada que tem maior importância para a fertilidade do touro no rebanho; defeitos maiores com valor máximo de tolerância de até 20%; defeitos menores com valor máximo de tolerância de até 30%, respeitado o limite de 70% de normais; para defeitos individuais sugere-se que os limites individuais de cada anormalidade sejam de até 5% para defeitos maiores e 10% para defeitos menores.

O Grupo de Trabalho “Técnicas de Avaliação Espermática”, também instituído pela Portaria n.109/2009 do Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento-MAPA (BRASIL, 2009), reunido em 2011, recomendou os seguintes padrões para utilização do Sêmen Bovino Congelado (Convencional):

- Volume da dose 0,25 ou 0,5 ml;
- Motilidade progressiva $\geq 30\%$;

- Vigor ≥ 3 ; (descongelamento a 35-37°C, por um tempo mínimo de 30 segundos ou conforme recomendações do estabelecimento produtor);
- Para doses com 10×10^6 de espermatozoides com motilidade progressiva: defeitos totais $\leq 30\%$ e defeitos maiores $\leq 20\%$;
- Para doses com 6×10^6 a $< 10 \times 10^6$ de espermatozoides com motilidade progressiva: defeitos totais $\leq 20\%$ e defeitos maiores $\leq 10\%$.

Já para Sêmen Bovino Congelado Sexado (descongelamento a 35-37°C, por um tempo mínimo de 30 segundos ou conforme recomendações do estabelecimento produtor), as recomendações são:

- Volume da dose 0,25 ml;
- Motilidade progressiva $\geq 35\%$;
- Vigor ≥ 2 ;
- Alterações morfológicas: defeitos totais $\leq 20\%$ e defeitos maiores $\leq 10\%$.

Em relação aos defeitos individuais, todos os casos sugerem que os limites individuais de anormalidades estejam em torno de 5% para defeitos maiores e 10% para defeitos menores.

2.1.4. Parâmetros genéticos de características físicas e morfológicas do ejaculado

SILVEIRA et al. (2012) avaliando características do ejaculado de bovinos da raça Nelore reportaram que motilidade, vigor e turbilhonamento apresentaram baixa herdabilidade (0,08, 0,07 e 0,12, respectivamente). Os autores avaliaram também características morfológicas, sendo que os defeitos maiores, menores e totais, apresentaram herdabilidades de 0,20, 0,02 e 0,20, respectivamente.

Trabalhando com dados de touros Nelore com média de 31 meses, SARREIRO et al. (2002) encontraram para motilidade e vigor espermático herdabilidades de 0,01 e 0,03 respectivamente, evidenciando que essas características são muito influenciadas pelo ambiente. Avaliando touros Nelore com média de 18 meses, filhos de vacas que não foram selecionadas para precocidade, SIQUEIRA et al. (2011) observaram herdabilidades de 0,08, 0,07, 0,03, 0,02 e 0,01 para motilidade, vigor e defeitos maiores, menores e totais, respectivamente.

BERRY et al. (2014) ao realizarem uma meta-análise com trabalhos de bovinos de leite envolvendo características reprodutivas de macho e de fêmea, encontraram

uma herdabilidade média de 0,12 para porcentagem de espermatozoides viáveis e 0,05 para motilidade espermática. DRUET et al (2009), realizaram um estudo com bovinos holandeses e encontraram herdabilidades de 0,13 e 0,22 para motilidade e volume do ejaculado, respectivamente.

De maneira geral, as características físicas e morfológicas do sêmen não apresentam altas estimativas de herdabilidade, sofrem grande influencia ambiental. No entanto, mesmo com baixas estimativas de herdabilidade é possível se obter ganhos genéticos para o desempenho reprodutivo através da correta identificação e seleção de touros geneticamente superiores (BERRY et al., 2014).

2.2. Características biométricas testiculares

Características biométricas testiculares são as mais utilizadas para avaliação da fertilidade dos touros, por serem de fácil mensuração e ainda poderem auxiliar na previsão da puberdade da progênie (LOPES et al., 2016), uma vez que maiores dimensões de testículos em touros jovens estão associados com precocidade sexual (BARTH & OMINSKI, 2000).

As principais características biométricas dos testículos mensuradas em programas de melhoramento são o comprimento do testículo direito e esquerdo, largura do testículo direito e esquerdo, volume do testículo direito, esquerdo e total e perímetro escrotal (SIQUEIRA, GUIMARÃES e PINHO, 2013). Dentre elas, o perímetro escrotal é a mais utilizada em avaliações genéticas, pois, além de ser de fácil mensuração e de baixo custo, apresenta alta herdabilidade e correlação genética favorável com características de produção de carcaça e reprodutivas de grande importância econômica (BUZANSKAS et al., 2017).

Avaliando animais da raça nelore, BUZANSKAS et al. (2017) obtiveram alta estimativa de herdabilidade para perímetro escrotal (0,38) aos 450 dias de idade, e correlação genética moderada com as características área de olho de lombo, espessura de gordura e idade ao primeiro parto (0,31, 0,25 e -0,46, respectivamente). COSTA (2017) encontrou moderada estimativa de herdabilidade (0,29) e correlação genética favorável do perímetro escrotal, medido aos 365 dias de idade, com as características de stayability e idade ao primeiro parto em fêmeas.

De acordo com SOARES et al. (2017), o perímetro escrotal pode ser medido aos 12 e 24 meses de idade, sendo uma característica com alta estimativa de

herdabilidade, apresentando correlação genética favorável com a taxa de crescimento animal, o que é interessante para a seleção de animais jovens em programas de melhoramento, levando assim, a diminuição do intervalo de geração.

Avaliando animais da raça Nelore, GROSSI et al. (2008) também obtiveram estimativas de herdabilidade média a alta para perímetro escrotal em diferentes idades. Além disso, apresentou correlação genética favorável com idade ao primeiro parto (-0,13). Esse mesmo autor observou que a seleção para perímetro escrotal é mais eficiente quando mensurada com 450 ou 550 dias de idade, pois, nessas idades as herdabilidades encontradas foram superiores.

UNANIAM et al. (2000), avaliando animais da raça Nelore aos 18 meses, evidenciaram correlação genética alta e favorável da circunferência escrotal com outras características biométricas, 0,73 para comprimento, 0,74 para largura e 0,80 para volume testicular. SILVEIRA et al. (2012), avaliando tourinhos da raça nelore com média de 21 meses de idade encontraram estimativas de herdabilidade de 0,37 para as características perímetro escrotal, comprimento do testículo direito e esquerdo e volume testicular, já para largura do testículo direito e esquerdo observaram estimativas de 0,31 e 0,28, respectivamente, ambas consideradas herdabilidades de média magnitude. Os autores ainda relataram que o perímetro escrotal apresentou estimativa de correlação genética de 0,97 com largura dos testículos direito e esquerdo e de 0,88 com volume testicular, essa alta correlação pode ser explicada pelo fato do perímetro escrotal levar em consideração a largura de todo o escroto e também ser utilizado para o cálculo do volume testicular. Esses mesmos autores relataram ainda baixa correlação genética entre PE e comprimento testicular, 0,58 para o testículo direito e 0,59 para o testículo esquerdo.

DIAS et al. (2008), estudando animais da raça nelore entre 19 e 39 meses, encontraram altas estimativas de correlação genética (0,81 a 0,99) entre perímetro escrotal e volume testicular, comprimento do testículo direito, comprimento do testículo esquerdo, largura do testículo direito e largura do testículo esquerdo e ainda estimativas de correlação genética variando de 0,71 a 1,0 entre volume testicular e comprimento e largura dos testículos, evidenciando que as características biométricas são altamente correlacionadas.

Apesar da utilização do perímetro escrotal como critério de seleção em programas de melhoramento, segundo BAILEY et al. (1996) e BAILEY et al. (1998),

o perímetro escrotal não constitui medida representativa da produção e qualidade espermática, além de não considerar a variação do formato testicular e, erroneamente, considerar a largura da parede da bolsa escrotal, nesse caso, UNANIAN et al. (2000) aponta o volume testicular como medida necessária para a seleção de reprodutores.

2.3. Análise sob enfoque Bayesianos

Modelos bayesianos alternativos podem ser empregados para solucionar problemas relacionados à avaliação genética de características em que a distribuição normal dos dados é questionável, situação frequente quando se trata de características reprodutivas (TEMPELMAN e GIANOLA, 1993).

Segundo FOULLEY et al. (1987) e TEMPELMAN e GIANOLA (1993), a análise de características reprodutivas, como a produção de embriões, pode ser realizada usando um modelo de Poisson, uma vez que a distribuição condicional da produção de embriões (em função da taxa de ovulação) é caracterizada como um processo de Poisson. Sob essas condições, os autores descobriram que tal modelo levou a melhores estimativas de parâmetros em comparação com um modelo linear Gaussiano tradicional. Por outro lado, avaliando o tamanho da leitegada em suínos PEREZ-ENCISO et al. (1993), mostraram que o modelo de Poisson não se mostrou superior ao modelo Gaussiano.

PEREZ et al. (2017) buscando identificar o melhor modelo, ou seja, aquele que produzisse o menor viés para características relacionadas à produção de embriões in vitro em bovinos da raça Guzerá (número de oócitos viáveis, número de ovócitos grau I, número de oócitos degenerados, número de embriões clivados e número de embriões viáveis produzidos), compararam quatro modelos: Gaussiano (variável não transformada), Gaussiano com variável transformada em escala logarítmica, Poisson e Poisson inflado em zero. De acordo com as medidas de qualidade do ajuste, os autores sugerem superioridade dos modelos Poisson e Poisson inflado em zero sobre o Gaussiano e recomendam a utilização de tais modelos como os mais adequados para avaliação genética de características de produção de embriões in vitro em bovinos da raça Guzerá.

Autores têm sugerido a utilização de diferentes classes de modelos para avaliação de características que não possuem distribuição gaussiana (TEMPELMAN e GIANOLA, 1993; SORENSEN e GIANOLA, 2002; NAYA et al., 2008; VARONA

e SORENSEN, 2010; VENTURA et al., 2015; PEREZ et al., 2017; SILVA et al., 2019) como Poisson, Categórico, Ordinal, Binomial, Threshold e Exponencial. Sabe-se que as características físicas e morfológicas do ejaculado são medidas em porcentagem ou notas e seus dados fenotípicos não são normalmente distribuídos, contudo, não foram encontrados estudos que avaliam a utilização de distribuições alternativas na avaliação dessas características.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Descrição dos dados

A descrição detalhada dos dados utilizados pode ser encontrada em Carvalho Filho (2018), resumidamente, os dados fenotípicos utilizados neste estudo foram coletados em uma fazenda, situada no município de Carlos Chagas (18°51' latitude Sul e 41°55' longitude Oeste), no norte do estado de Minas Gerais. Foram coletados fenótipos de 615 touros da raça nelore, com idade entre 18 e 36 meses entre os anos de 2006 e 2015. Os grupos de contemporâneos foram formados pela combinação de ano e estação de nascimento, sendo definidas quatro estações de nascimento (março a maio, junho a agosto, setembro a novembro e dezembro a fevereiro), conforme proposto por MOTA et al. (2017). As informações de pedigree dos animais avaliados foram disponibilizadas pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), totalizando um arquivo com 10313 animais.

Foram avaliadas 17 características reprodutivas dos touros, divididas em características biométricas do testículo (comprimento do testículo direito (CTD), comprimento do testículo esquerdo (CTE), largura do testículo direito (LTD), largura do testículo esquerdo (LTE), volume do testículo direito (VTD), volume testículo esquerdo (VTE), volume testicular total (VT) e perímetro escrotal (PE)), características físicas (motilidade progressiva (MOT), vigor espermático (VIG) e turbilhonamento (TURB)) e morfológicas do ejaculado (defeitos maiores (DMA), menores (DME) e totais (DT) e porcentagem de espermatozoides normais (PNS)) e comprimento e largura da vesícula seminal (CVS, LVS).

As características biométricas do testículo foram mensuradas utilizando uma fita métrica flexível e paquímetro e o volume testicular (expresso em cm³) foi calculado de acordo com o proposto por FIELDS et al. (1979), em que o testículo é

considerado um cilindro. A coleta do sêmen foi realizada por meio do método da eletroejaculação e o sêmen avaliado conforme parâmetros do Colégio Brasileiro de Reprodução Animal (CBRA, 1998). A mensuração dos dados de vesícula seminal foi realizada por meio de palpação retal.

3.2. Análises estatística

Para as características biométricas testiculares, expressas em cm ou cm³ (CTD, CTE, LTD, LTE, VTD, VTE, VT e PE) e para as características de comprimento e largura da vesícula seminal (CVS, LVS) foram estimados os parâmetros genéticos e componentes de variância via modelo Gaussiano, visto que as observações são de natureza contínua e a estrutura dos dados parece seguir uma distribuição normal (Figura 2).

Para as características físicas e morfológicas do sêmen, primeiramente foram avaliados o ajuste de modelos com distribuições alternativas a Gaussiana. Sendo que, para as características expressas em porcentagem (MOT, DMA, DME, DT e PNS) foram comparados os modelos Gaussiano e Exponencial. O modelo exponencial foi escolhido devido à disposição dos dados, em que a ocorrência começa alta, cai e chega próximo a zero, situação característica em que o modelo exponencial é usado para modelar os dados (BRETTHORST et al., 2005), como é o caso das características DMA, DME e DT (Figura 1).

Para as características expressas em nota (VIG e TURB), foram comparados os modelos Gaussiano e Poisson. O modelo Poisson foi utilizado na comparação visto que é indicado para modelar dados de natureza discreta (NTZOUFRAS, 2009), o que é o caso das características expressas em notas (Figura 1).

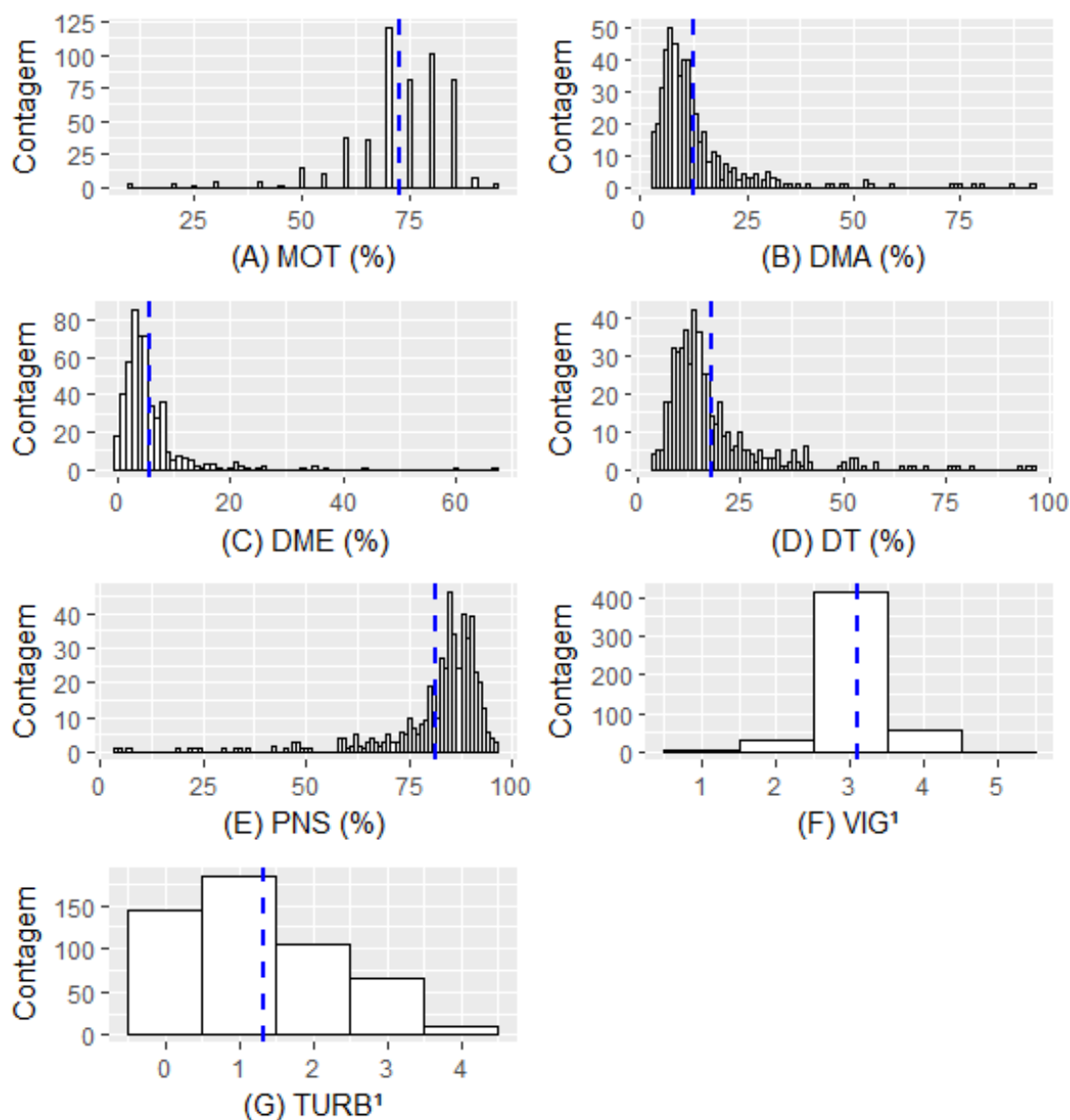


Figura 1: Histogramas das características físicas e morfológicas do sêmen. (A) MOT: motilidade progressiva; (B) DMA: defeitos maiores; (C) DME: defeitos menores; (D) DT: defeitos totais; (E) PNS: porcentagem de espermatozoides normais; (F) VIG: vigor espermático; (G) TURB: turbilhonamento. ¹ Escores subjetivos foram atribuídos para turbilhonamento e vigor com 0 = sem atividade e 5 = máxima atividade. Contagem = contagem do número de observações. A linha tracejada representa a média.

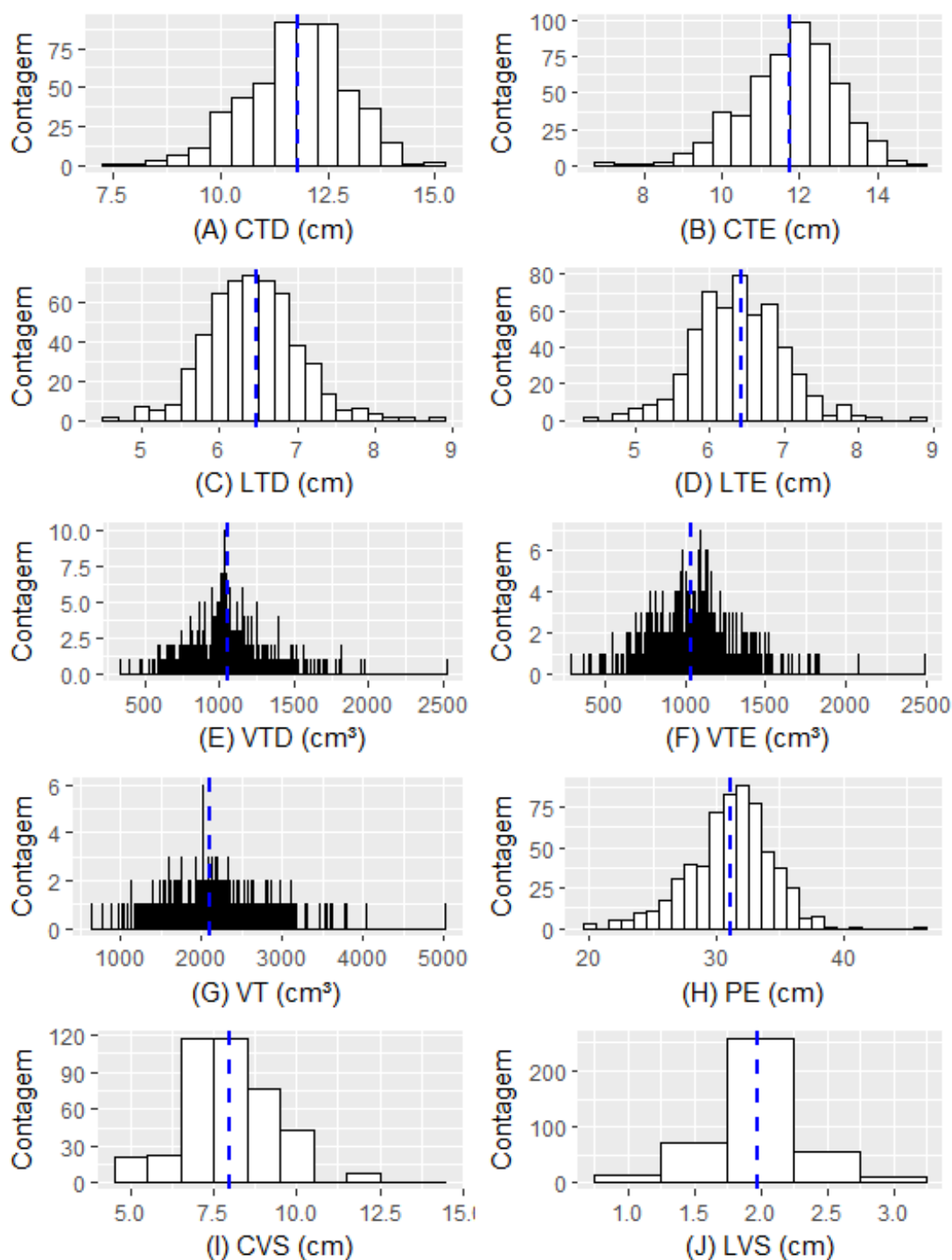


Figura 2: Histogramas das características biométricas testiculares e da vesícula seminal. (A) CTD: comprimento do testículo direito; (B) CTE: comprimento do testículo esquerdo; (C) LTD: largura do testículo direito; (D) LTE: largura do testículo esquerdo; (E) VTD: volume do testículo direito; (F) VTE: volume testículo esquerdo; (G) VT: volume testicular total; (H) PE: perímetro escrotal; (I) CVS: comprimento da vesícula seminal; (J) LVS: largura da vesícula seminal. Contagem = contagem do número de observações. A linha tracejada representa a média.

A característica de defeitos totais foi utilizada para criar uma nova variável chamada aptidão reprodutiva (DT01), a qual visa classificar os animais como aptos (1) ou não aptos (0), em que touros que apresentem menos de 30% de defeitos totais foram considerados aptos e touros que apresentaram mais de 30% de defeitos totais foram considerados não aptos. A definição da variável foi baseada na Portaria n.109/2009 do Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento-MAPA, que determina que os reprodutores devem apresentar no mínimo 70% de células espermáticas normais para que sejam considerados aptos à reprodução (BRASIL, 2009). Para essa nova característica foram comparados os modelos Gaussiano e Threshold, visto que o modelo Threshold apresenta vantagem para modelar dados binários e pode ser o modelo de escolha (MRODE, 2014).

As análises para todas as características, foram realizadas a partir do seguinte modelo geral:

$$y_{ij} = \beta_0 + hys_i + b(Cij - \bar{C}) + a_j + e_{ij} \quad (1)$$

Onde, y_{ij} são os fenótipos das características avaliadas; β_0 é o intercepto; hys_i é o efeito sistemático de grupo de contemporâneo ($i = 1, 2, \dots, 24$); b é o coeficiente de regressão linear da característica em função da covariável idade do animal (em meses); Cij representa a idade do animal j do grupo de contemporâneo i ; \bar{C} é a média da covariável; a_j o efeito aleatório de animal ($j = 1, 2, \dots, 10313$); e_{ij} o termo referente ao resíduo aleatório.

A forma matricial do modelo em (1) é representada por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \boldsymbol{\varepsilon} \quad (2)$$

Em que, \mathbf{y} é o vetor das observações das características; $\boldsymbol{\beta}$ o vetor de efeitos sistemáticos (grupo de contemporâneo e idade do animal, como covariável); \mathbf{u} o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos (animal); $\boldsymbol{\varepsilon}$ o vetor de resíduos e; \mathbf{X} e \mathbf{Z} , respectivamente, as matrizes de incidências dos efeitos sistemáticos e aleatórios. Assim, no modelo Gaussiano assume-se que $\mathbf{y}|\boldsymbol{\beta}, \mathbf{u}, \sigma_a^2, \sigma_\varepsilon^2 \sim N(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u}, \mathbf{I} \sigma_\varepsilon^2)$, sendo \mathbf{I} uma matriz identidade; $\boldsymbol{\beta}|\sigma_\beta^2 \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I} \sigma_\beta^2)$, com σ_β^2 igual a 1×10^9 , o qual corresponde a uma priori não informativa; $\mathbf{u}|\sigma_a^2 \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{A} \sigma_a^2)$, sendo \mathbf{A} a matriz de parentesco. Para os componentes de variância genético aditivo e do resíduo (σ_a^2 e σ_ε^2)

foi assumido a distribuição qui-quadrado invertida escalada, tal que $\sigma_\varepsilon^2 | v_\varepsilon, S_\varepsilon^2 \sim \chi^{-2}(v_\varepsilon, S_\varepsilon^2)$ e $\sigma_a^2 | v_a, S_a^2 \sim \chi^{-2}(v_a, S_a^2)$.

Para as análises dos modelos Exponencial, Poisson e Threshold, foi utilizada a abordagem proposta por HADFIELD and NAKAGAWA (2010), a qual é baseada na metodologia de modelos mistos generalizados, sendo introduzida uma variável canônica latente. Desta forma, o modelo apresentado em (2) passa ser representado por:

$$\mathbf{l} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \varepsilon \quad (3)$$

tal que

\mathbf{l} = vetor da variável latente de acordo com os parâmetros canônicos das distribuições não Gaussianas avaliadas (Exponencial, Poisson e Threshold); $\boldsymbol{\beta}$, \mathbf{u} , ε , \mathbf{X} e \mathbf{Z} foram definidos em (2).

As mesmas distribuições e pressuposições assumidas para os parâmetros do modelo em (2) também foram aplicadas em (3), diferindo apenas pela variável latente, tal que, $\mathbf{l} | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{u}, \sigma_a^2, \sigma_\varepsilon^2 \sim N(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u}, \mathbf{I} \sigma_\varepsilon^2)$.

De acordo com HADFIELD (2010), as probabilidades do vetor \mathbf{y} dado a variável latente \mathbf{l} para os modelos Exponencial e Poisson podem ser representadas por:

- $\Pr(\mathbf{y}) = f_p(\mathbf{y}_i | \exp(-l_i))$ para a distribuição de Exponencial;
- $\Pr(\mathbf{y}) = f_p(\mathbf{y}_i | \exp(l_i))$ para a distribuição de Poisson.

sendo f_p a função de probabilidade das observações e \mathbf{y}_i as observações dos dados.

A análise do modelo Threshold utilizada para DT01 segue a lógica do modelo de WRIGHT (1934ab) para características binárias. O modelo foi descrito por HADFIELD and NAKAGAWA (2010), e discutido detalhadamente em SORENSEN & GIANOLA (2002). As probabilidades do vetor \mathbf{y} dado a variável latente \mathbf{l} para o modelo Threshold pode ser representada por:

- $\Pr(\mathbf{y}) = f_p(\mathbf{y}_i | 1 - \Phi(l_i))$

sendo Φ a notação para a distribuição normal acumulada.

Os modelos foram implementados através da inferência Bayesiana, sendo que as médias a posteriori para ambos os modelos foram obtidas por meio do método de simulação de Monte Carlo via Cadeia de Markov (MCMC), utilizando-se o pacote

estatístico MCMCglmm (HADFIELD, 2010) do software livre R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2018). Para o modelo Gaussiano e exponencial, para as características DMA, DME, DT e PNS, foram considerados um total de 1.000.000 iterações, burnin de 500.000 e thin de 15. Para o modelo exponencial, para a característica MOT foram considerados um total de 1.500.000 iterações, burnin de 700.000 e thin de 30. Para o modelo Poisson, para a característica VIG, foram considerados um total de 1.000.000 iterações, burnin de 500.000 e thin de 30 e, para TURB foram considerados um total de 1.500.000 iterações, burnin de 700.000 e thin de 15. Para o modelo Threshold foram considerados um total de 1.000.000 iterações, burnin de 500.000 e thin de 50. Modelos mais complexos exigem mais iterações para que a convergência seja alcançada.

As análises de convergência foram realizadas por meio do teste de Geweke (GEWEKE, 1992) e por análises gráficas, obtidas por meio do pacote estatístico BOA (SMITH, 2007), implementado no software livre R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2018).

3.3. Comparação de modelos

Os ajustes dos modelos foram comparados utilizando-se o Deviance Information Criteria (DIC), desenvolvido por SPIEGELHALTER et al. (2002), que é baseado na soma do desvio com o número efetivo de parâmetros, dado por $DIC = D(\bar{\theta}) + 2p_D$, em que $D(\bar{\theta})$ é a estimativa do desvio baseada na verossimilhança do modelo avaliado e p_D é o número efetivo de parâmetros no modelo. O menor valor de DIC indica o melhor ajuste.

O DIC expressa apenas se um modelo apresentou melhor ajuste em relação aos demais modelos avaliados, sendo a magnitude dessa diferença subjetiva. Para complementar esta informação, o Model Posterior Probabilities (MPP) foi calculado, conforme apresentado por WILBERG e BENCE (2008), dado por: $p(M_t|\theta) = \exp\left(-\frac{\Delta_t}{2}\right) / \sum_{t=1}^2 \exp\left(-\frac{\Delta_t}{2}\right)$, em que $p(M_t|\theta)$ é a probabilidade a posteriori do modelo t ser o melhor dentro do conjunto de modelos comparados e Δ_t é a diferença entre o DIC do modelo t e do modelo que apresentou o menor valor de DIC (melhor modelo).

Foi avaliado o efeito de cada modelo na classificação dos animais por meio da correlação de Spearman entre os valores genéticos preditos dos 10% melhores animais de cada modelo analisado para todas as características. Além disso, foi computado

também a porcentagem de indivíduos selecionados em comum entre os 10% melhores animais para cada característica, classificados de acordo com os valores genéticos estimados com cada modelo.

Os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram preditos através de procedimentos bayesianos utilizando-se o modelo linear misto que apresentou a melhor qualidade de ajuste aos dados, de acordo com os critérios de comparação avaliados.

4. RESULTADOS

4.1. Avaliação dos modelos

O teste de Geweke apresentou resultado não significativo para todos os parâmetros obtidos nos diversos modelos avaliados ($p - \text{valor} > 0,05$), não rejeitando a hipótese de convergência das cadeias MCMC.

Os resultados para os critérios de ajuste dos modelos (DIC e MPP) estão apresentados na Tabela 1. Para MOT, DT, PNS, VIG e DT01, o modelo Gaussiano apresentou as menores estimativas de DIC. Para as características DMA e DME as menores estimativas foram encontradas com o modelo Exponencial e, para a característica TURB a menor estimativa de DIC foi obtida pelo modelo Poisson (1434,7071).

Os resultados encontrados para MPP complementam os apresentados para o DIC. O modelo Gaussiano apresentou estimativa de MPP próximo de 1 (um) para as análises de MOT, DT, PNS, VIG e DT01, enquanto as estimativas com o outro modelo foram próximas de 0 (zero). Para as análises de DMA e DME, o modelo Exponencial apresentou estimativa de MPP próximo de 1 (um), enquanto as estimativas do modelo Gaussiano foram próximas de 0 (zero) e, para a análise de TURB, o modelo Poisson foi o que apresentou estimativas de MPP próximo de 1 (um), enquanto a estimativa do modelo Gaussiano foi próxima de 0 (zero).

Tabela 1. Estimativas do Deviance Information Criteria (DIC) e Model Posterior Probability (MPP) para os modelos Gaussiano, Exponencial, Poisson e Threshold ajustados para MOT, DMA, DME, DT, PNS, VIG, TURB e DT01.

Característica	Gaussiano		Exponencial		Poisson		Threshold	
	DIC	MPP	DIC	MPP	DIC	MPP	DIC	MPP
MOT	3950,84	≈ 1	5432,32	≈ 0	-	-	-	-
DMA	3719,13	≈ 0	3560,77	≈ 1	-	-	-	-
DME	3268,42	≈ 0	2746,36	≈ 1	-	-	-	-
DT	3905,54	≈ 1	3937,29	≈ 0	-	-	-	-
PNS	3903,29	≈ 1	5455,70	≈ 0	-	-	-	-
VIG	845,51	≈ 1	-	-	1652,75	≈ 0	-	-
TURB	1497,34	≈ 0	-	-	1434,70	≈ 1	-	-
DT01	274,70	≈ 1	-	-	-	-	335,83	≈ 0

4.2. Efeito dos modelos na classificação dos animais

Os resultados das análises da correlação de Spearman entre os valores genéticos preditos e porcentagens de coincidência dos 10% melhores indivíduos selecionados entre os modelos comparados estão apresentados na Tabela 2. De forma geral, os coeficientes de correlação de Spearman dos valores genéticos preditos entre os modelos avaliados apresentaram considerável variação (-0,04 a 0,83).

Os coeficientes de correlação de Spearman entre os ranqueamentos empregando-se os modelos Gaussiano e Exponencial apresentaram, baixas estimativas para todas as características variando de -0,04 a 0,28. Por outro lado, para ambas as características expressas em notas (VIG e TURB), os coeficientes de correlação de Spearman entre valores genéticos preditos utilizando os modelos Gaussiano e Poisson foram de média magnitude. Já para a característica DT01 a correlação de Spearman envolvendo os modelos Gaussiano e Threshold foi de baixa magnitude.

As porcentagens de coincidência dos 10% melhores indivíduos seguiram as tendências observada nos resultados das correlações de Spearman. Nas classificações obtidas com os modelos Gaussiano e Exponencial, a coincidência variou de 42 a 66%. Para as análises de VIG e TURB, as porcentagens de indivíduos em comum com os modelos Gaussiano e Poisson foram de 76,47% e 78,43%, respectivamente. Já para DT01, apenas 8% dos animais estavam presentes em comum entre os 10% melhores animais obtidos com os modelos Gaussiano e Threshold.

Tabela 2. Coeficientes de correlação de Spearman entre os valores genéticos preditos dos 10% melhores indivíduos (acima da diagonal) e porcentagem de indivíduos em comum nas 10% primeiras posições (abaixo da diagonal) para as características MOT, DMA, DME, DT, PNS, VIG, TURB e DT01.

Motilidade			PNS		
	Gaussian	Exponential		Gaussian	Exponential
Gaussian	-	0,24	Gaussian	-	-0,040
Exponential	54,9%	-	Exponential	42%	-
DMA			Vigor		
	Gaussian	Exponential		Gaussian	Poisson
Gaussian	-	0,16	Gaussian	-	0,62
Exponential	44%	-	Poisson	76,47%	-
DME			Turbilhonamento		
	Gaussian	Exponential		Gaussian	Poisson
Gaussian	-	0,28	Gaussian	-	0,83
Exponential	66%	-	Poisson	78,43%	-
DT			DT01		
	Gaussian	Exponential		Gaussian	Threshold
Gaussian	-	0,048	Gaussian	-	0,042
Exponential	50%	-	Threshold	8%	-

4.3. Componentes de variância e herdabilidade

As médias a posteriori para as estimativas de herdabilidade e componentes de variância obtidos para todas as características avaliadas, com os respectivos intervalos de credibilidade estão apresentadas na Tabela 3, considerando-se apenas os resultados observados para o modelo avaliado que apresentou melhor qualidade de ajuste aos dados. Além disso, são também apresentadas estimativas dos parâmetros genéticos para características biométricas do testículo e da vesícula seminal, as quais foram analisadas utilizando modelo Gaussiano.

Tabela 3. Médias a posteriori e intervalos de credibilidade (entre parênteses) para herdabilidade e componentes de variância para MOT, DMA, DME, DT, PNS, VIG, TURB, DT01, CTD, CTE, LTD, LTE, VTD, VTE, VT, PE, CVS e LVS, considerando o modelo que apresentou o melhor ajuste, Gaussiano (Gaus), Exponencial (Exp) ou Poisson (Poi).

Caract.	Modelo	h^2	σ_a^2	σ_e^2
MOT	Gaus	0,04 (1,15e-06; 0,20)	6,306 (0,00016; 27,57)	126,5 (102,1; 149)
DMA	Exp	0,55 (0,092; 0,96)	0,0065 (0,00015; 0,02)	0,0049 (0,00015; 0,016)
DME	Exp	0,51 (0,044; 0,98)	0,015 (0,00013; 0,054)	0,013 (0,00016; 0,050)
DT	Gaus	0,36 (0,097; 0,63)	63,39 (14,13; 116,1)	108 (61,29; 150,1)
PNS	Gaus	0,38 (0,10; 0,70)	66,83 (9,42; 125,4)	105,6 (57,38; 152,2)
VIG	Gaus	0,04 (0,00038; 0,16)	0,014 (0,00012; 0,05)	0,28 (0,23; 0,32)

TURB	Poi	0,57 (0,11; 0,98)	0,0084 (0,00028; 0,025)	0,0058 (0,00020; 0,019)
DT01	Gaus	0,16 (0,0090; 0,36)	0,017 (0,00025; 0,038)	0,085 (0,063; 0,10)
CTD	Gaus	0,50 (0,17; 0,82)	0,46 (0,12; 0,81)	0,44 (0,17; 0,70)
CTE	Gaus	0,34 (0,0029; 0,67)	0,35 (0,0028; 0,73)	0,65 (0,32; 1,01)
LTD	Gaus	0,43 (0,17; 0,70)	0,12 (0,041; 0,21)	0,15 (0,087; 0,22)
LTE	Gaus	0,40 (0,14; 0,70)	0,12 (0,035; 0,22)	0,17 (0,093; 0,24)
VTD	Gaus	0,34 (0,081; 0,62)	18722 (3631; 35343)	34429 (20994; 47726)
VTE	Gaus	0,35 (0,11; 0,60)	19941 (5446; 35511)	35345 (22191; 47957)
VT	Gaus	0,35 (0,11; 0,60)	74728 (21285; 135551)	133256 (84269; 181008)
PE	Gaus	0,47 (0,27; 0,67)	3,013 (1,66; 4,63)	3,27 (2,11; 4,46)
CVS	Gaus	0,04 (0,00018; 0,19)	0,067 (0,00033; 0,32)	1,56 (1,26; 1,86)
LVS	Gaus	0,07 (0,0020; 0,25)	0,0097 (0,00027; 0,034)	0,12 (0,095; 0,14)

A característica MOT apresentou valor baixo de herdabilidade (0,04), porém diferente de zero de acordo com o intervalo de credibilidade. As características DMA e DME apresentaram altas estimativas de herdabilidade (0,55 e 0,51, respectivamente), enquanto as características DT e PNS apresentaram estimativas moderadas (0,36 para DT e 0,38 para PNS).

Dentre as características físicas expressas em notas, VIG apresentou baixa estimativa de herdabilidade (0,04), por outro lado, a característica TURB apresentou alta estimativa (0,57). A característica binária DT01 apresentou moderada estimativa de herdabilidade (0,16), sendo que o modelo Gaussiano foi considerado superior ao modelo Threshold para a avaliação de tal característica.

Para todas as características biométricas testiculares, avaliadas sob modelo Gaussiano, as estimativas de herdabilidade foram de moderadas a altas, variando de 0,35 a 0,50. Já as características biométricas da vesícula seminal, CVS e LVS, apresentaram estimativas baixas de herdabilidade (0,04 e 0,07, respectivamente).

5. DISCUSSÃO

5.1. Avaliação dos modelos

As avaliações genéticas para características físicas e morfológicas do sêmen são tradicionalmente realizadas utilizando o modelo linear misto Gaussiano, o qual

pressupõe que os dados possuem distribuição normal. As características seminais motilidade progressiva (MOT), defeitos maiores (DMA), menores (DME) e totais (DT) e porcentagem de espermatozoides normais (PNS) são medidas em porcentagem sendo que, um maior número de animais apresentam valores elevados para MOT e PNS, causando uma assimetria a direita, e reduzidos para DMA, DME e DT, causando assimetria a esquerda.

No presente estudo, a distribuição exponencial foi utilizada para a avaliação genética de características expressas em porcentagem e comparada ao modelo Gaussiano. Como o esperado, os resultados de DIC e MPP, indicaram que o modelo Exponencial foi superior para as análises das características DMA e DME (menores valores de DIC e maiores de MPP, correspondem ao melhor ajuste do modelo). No entanto, para as características MOT, DT e PNS os valores de DIC e MPP, indicam que o modelo Gaussiano foi superior para as análises de tais características. A disposição assimétrica da distribuição dos dados, favoreceu o melhor ajuste do modelo Exponencial para DMA e DME, no entanto, o comportamento contínuo dessas características, mesmo com aparente assimetria observada no comportamento dos dados, pode ter colaborado para o melhor ajuste dos dados ao modelo Gaussiano para as características MOT, DT e PNS. Seria relevante avaliar a distribuição beta para o conjunto de características medidas como porcentagem, uma vez que ela é recomendada para características contínuas que são mensuradas como proporções (FERRARI e CRIBARI-NETO, 2004; STROUT, 2015), contudo o pacote utilizado na presente proposta (MCMCglmm) não permite o ajuste de tal distribuição.

Já as características espermáticas vigor e turbilhonamento, possuem variação discreta, uma vez que são expressas em notas de 0 a 5. Os resultados de DIC e MPP indicam que o modelo Poisson foi superior para as análises da característica turbilhonamento, o que era esperado, visto a distribuição assimétrica dos dados. Perez et al. (2017) relataram também superioridade do modelo Poisson sobre o Gaussiano avaliando características de produção de embriões in vitro em bovinos da raça Guzerá (número de oócitos viáveis, número de embriões clivados e número de embriões viáveis produzidos). Para a característica vigor espermático, no entanto, os resultados de DIC e MPP indicam que o modelo Gaussiano foi superior. Segundo Ventura et al. (2015), a simetria da distribuição Normal pode garantir melhor ajuste se os dados observados tiverem esse comportamento, a distribuição de Poisson, por sua vez,

apresenta assimetria. O histograma mostra um comportamento dos dados de vigor espermático tendendo a uma distribuição simétrica (Figura 1F), o que pode justificar o melhor ajuste do modelo Gaussiano aos dados.

Nesse trabalho, propomos a criação da característica chamada aptidão reprodutiva (DT01), a qual visa classificar os touros como aptos (1) ou não aptos (0) à reprodução, de acordo com o percentual de espermatozoides que apresentam defeitos. Essa característica seria mais fácil de ser registrada visto que poderiam ser obtidas a partir do laudo do médico veterinário. A característica DT01 apresenta variação discreta, com duas classes (0 ou 1), seguindo, portanto, uma distribuição Threshold. No entanto, os resultados de DIC e MPP, apresentados na tabela 1, demonstram superioridade do modelo Gaussiano no ajuste aos dados de DT01 comparado ao modelo Threshold.

De acordo com HADFIELD (2010), diferenças entre os valores do DIC superiores a 7 indicam uma forte divergência de ajuste entre os modelos. Dessa forma, pode-se inferir que os modelos avaliados neste trabalho apresentaram variação no ajuste aos dados, uma vez que apresentaram diferenças superiores a 7 nas avaliações de todas as características.

5.2. Efeito dos modelos na classificação dos animais

Além da avaliação do ajuste de modelos utilizados, por meio do DIC e MPP, avaliou-se também o impacto do modelo utilizado na classificação dos animais, uma vez que esse fator é de grande importância na avaliação genética animal e impacta diretamente os ganhos genéticos.

Os valores dos coeficientes de correlação de Spearman entre os valores genéticos dos 10% melhores indivíduos obtidos pelos modelos Gaussiano e Exponencial na avaliação das características MOT, DMA, DME, DT e PNS indicam baixa ou nenhuma associação, variando de -0,04 para PNS a 0,28 para DME. Mostrando uma forte alteração na classificação dos animais de acordo com o modelo utilizado na análise. Além disso, utilizando os 10% melhores indivíduos de acordo com o valor genético obtido de cada modelo, calculou-se a porcentagem de indivíduos selecionados em comum para todas as características, esses resultados mostraram que somente entre 42 e 66% dos indivíduos seriam selecionados em ambos os modelos. A diferença na classificação e na porcentagem de indivíduos em comum selecionados,

indica que os ganhos genéticos para as características MOT, DMA, DME, DT e PNS seriam distintos ao se utilizar os modelos Gaussiano ou Exponencial, evidenciando a importância da escolha do modelo na avaliação genética.

Já para as características físicas do ejaculado, VIG e TURB, os valores dos coeficientes de correlação de Spearman (0,62 para VIG e 0,83 para TURB) entre valores genéticos obtidos com os modelos Gaussiano e Poisson indicam moderada associação nas classificações dos animais. Assim, espera-se que haja pouca alteração quanto à classificação dos animais de acordo com o modelo utilizado, no entanto essa modificação é considerável. As porcentagens de indivíduos selecionados em comum para tais modelos (76,47% para VIG e 78,43% para TURB) indica que a maioria dos indivíduos seriam selecionados utilizando ambos os modelos, porém, apesar da pequena mudança nos indivíduos selecionados os ganhos genéticos seriam distintos ao se utilizar o modelo Gaussiano ou Poisson.

Para a característica DT01, os valores dos coeficientes de correlação de Spearman entre os modelos Gaussiano e Threshold na avaliação dos animais indicam uma baixa associação (0,042), mostrando uma alteração quase completa na classificação dos 10% melhores animais de acordo com o modelo utilizado na análise. Como complemento, a porcentagem de indivíduos selecionados em comum (8%) para os modelos comparados mostra que poucos indivíduos seriam selecionados em ambos os modelos. Os baixos valores de coeficientes de correlação de Spearman e porcentagem de indivíduos selecionados em comum entre os modelos indicam que os ganhos genéticos para a característica DT01 seriam distintos ao se utilizar os modelos Gaussiano ou Threshold.

Os baixos coeficientes de correlações de Spearman e porcentagem de coincidência evidenciam a importância de se optar por modelos de melhor qualidade de ajuste aos dados na avaliação genética, para que se possa realizar um eficiente processo de seleção e consequentemente obter maior progresso genético. Vale ressaltar, que pelo conhecimento dos autores, este é o primeiro trabalho a avaliar os modelos Exponencial, Poisson e Threshold na análise genética de características físicas e morfológicas do ejaculado, dessa forma, mais estudos são recomendados para a validação dos resultados apresentados.

5.3. Componentes de variância e herdabilidade

Foram calculados parâmetros genéticos utilizando o modelo que apresentou melhor ajuste para as características MOT, DMA, DME, DT, PNS, VIG, TURB e DT01. Além disso, foram também calculadas estimativas de parâmetros genéticos para características biométricas do testículo (CTD, CTE, LTD, LTE, VTD, VTE, VT, PE) e da vesícula seminal (CVS e LVS) utilizando o modelo Gaussiano.

A motilidade, característica física do ejaculado usada para caracterizar a fertilidade em machos, apresentou herdabilidade de baixa magnitude (0,04), evidenciando ser uma característica que sofre grande influência de fatores ambientais. Resultados semelhantes foram reportados em diversos estudos (SARREIRO et al., 2002; SILVEIRA et al., 2012; CORBET et al., 2013, CARVALHO FILHO, 2018).

Observou-se herdabilidade de alta magnitude para defeitos maiores (0,55) e menores (0,51) e moderada para defeitos totais (0,36), sendo os valores para defeitos maiores e menores diferentes dos encontrados por CARVALHO FILHO (2018), em que encontraram 0,49 e 0,17, respectivamente, avaliando o mesmo conjunto de dados. No entanto, observando o intervalo de credibilidade para as estimativas de herdabilidade para as características defeitos maiores e menores no presente trabalho, não podemos afirmar que as estimativas de herdabilidade são diferentes entre os dois trabalhos. Tal diferença nos valores entre os dois trabalhos, em relação às características defeitos maiores e menores, pode ser explicada pela diferença no modelo e metodologia utilizada para a avaliação de tais características. CARVALHO FILHO (2018) avaliou DME e DMA utilizando abordagem frequentista e assumindo distribuição normal, enquanto no presente trabalho foi utilizada abordagem bayesiana e assumiu-se que os dados possuem distribuição exponencial, o qual foi adotado por apresentar melhor qualidade de ajuste aos dados para tais características. Ao utilizar um modelo que apresenta melhor ajuste aos dados, podemos ter estimativas de parâmetros genéticos mais precisas e acuradas.

Foi encontrada herdabilidade de alta magnitude (0,38) para a porcentagem de espermatozoides normais, valores inferiores de herdabilidade para essa característica, variando de 0,12 a 0,27, são reportados na literatura para diferentes raças (BERRY et al., 2014; CORBET et al., 2013). Essa diferença entre os resultados pode ser devido a divergência genética entre os grupos de animais ou devido a diferença de metodologia utilizada para avaliação dos dados, visto que nesse trabalho foi empregada

metodologia bayesiana e nos demais trabalhos foram empregadas metodologias de modelos mistos tradicionais.

A característica vigor espermático, apresentou estimativa de herdabilidade baixa (0,04), o que corrobora com os resultados encontrados por diversos autores (SARREIRO et al., 2002; SILVEIRA et al., 2012; CORBET et al., 2013). Já a característica turbilhonamento apresentou herdabilidade de alta magnitude (0,57), divergindo dos resultados obtidos pelos mesmos autores, que reportaram baixa herdabilidade para TURB. Uma justificativa para tal diferença de magnitude seria as diferenças dos modelos utilizados para a avaliação da característica, no presente trabalho o modelo Poisson foi preferido devido a sua melhor qualidade de ajuste comparado ao modelo que assume distribuição normal aos dados.

A característica DT01 apresentou valor de herdabilidade de 0,16, o qual é inferior ao da característica defeitos totais, que serve de base para o cálculo de DT01. Sendo assim, seria mais interessante a utilização da característica defeitos totais como critério de seleção uma vez que ela proporcionaria maiores ganhos genéticos. Contudo, bancos de dados de características morfológicas de sêmen são escassos, provavelmente devido aos custos relacionados a coleta e avaliação espermática, o que dificulta a inserção da característica em programas de melhoramento.

Características biométricas do testículo são em geral de fácil mensuração e são utilizadas como indicadoras da puberdade dos animais (LOPES et al., 2016). Dentre essas características o perímetro escrotal é a mais utilizada em avaliações genéticas, apresentando herdabilidades de 0,18 a 0,81 (PANETO et al., 2002; QUIRINO, 1999) e correlação genética favorável com características reprodutivas tanto de machos quanto de fêmeas e de desenvolvimento ponderal (SIQUEIRA, GUIMARÃES e PINHO, 2013). A herdabilidade estimada para perímetro escrotal (0,47) no presente trabalho está em concordância com a encontrada em vários estudos (LOPES et al., 2011; CORBET et al., 2013; PIRES et al., 2017; SOARES et al., 2017; ABREU SILVA et al., 2018).

As características de comprimento e largura de ambos os testículos apresentaram herdabilidades altas, variando de 0,34 a 0,50, sendo um pouco superiores as relatadas por SILVEIRA et al. (2012), que encontraram herdabilidade de 0,37 para o comprimento de ambos os testículos, 0,31 para largura do testículo direito e 0,28

para largura do testículo esquerdo, no entanto, os intervalos de credibilidade para as estimativas de herdabilidade não indicam diferença significativa entre os dois estudos.

Para volume testicular, a herdabilidade também foi alta, seguindo o observado para as características biométricas, o que era esperado uma vez que ela é obtida a partir do comprimento e largura testicular. As herdabilidades estimadas para volume do testículo direito (0,34), esquerdo (0,35) e total (0,35) não diferiram. Esses resultados estão de acordo com os de BOLIGON et al. (2010), que encontraram herdabilidade de 0,39 para volume testicular para animais Nelore aos 18 meses.

A vesícula seminal é de grande importância para a fertilidade do animal, pois de acordo com JUYENA & STELLETTA (2012) ela é responsável pela produção de secreções presentes no ejaculado, que propiciam aos espermatozoides um ambiente nutritivo e protetor no momento em que entram em contato com o aparelho reprodutor da fêmea, sendo de extrema importância para a manutenção da motilidade espermática e assim, facilitando a ocorrência da fecundação. As herdabilidades encontradas para as características de comprimento e largura da vesícula seminal foram de baixa magnitude (0,04 para comprimento e 0,07 para largura), podendo ser explicado pela alta variância ambiental para ambas características, possivelmente causada pela dificuldade de coleta dos dados, visto que a mensuração foi feita por meio de palpação retal, o que pode causar erros de mensuração.

6. CONCLUSÃO

O modelo Exponencial demonstrou superioridade de ajuste sobre o modelo Gaussiano para DMA e DME. Para TURB o ajuste do modelo Poisson foi superior, enquanto para MOT, DT, PNS, VIG e DT01 o modelo Gaussiano apresentou o melhor ajuste.

As características biométricas testiculares (CTD, CTE, LTD, LTE, VTD, VTE, VT e PE) apresentaram altas estimativas de herdabilidade e para as características biométricas da vesícula seminal (CVS e LVS) foram encontradas baixas estimativas de herdabilidade, avaliadas via modelo Gaussiano.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU SILVA, B. C. et al. Genetic association between mature weight and early growth and heifer pregnancy traits in Nelore cattle. **Livestock Science**, v.211, p.61-65, 2018.

ARRUDA, R. P. et al. Métodos de avaliação da morfologia e função espermática: momento atual e desafios futuros. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, v. 35, n. 2, p. 145-151, 2011.

ARRUDA, R. P. et al. Morfologia espermática de touros: interpretação e impacto na fertilidade. **Rev. Bras. Reprod. Anim**, v. 39, n. 1, p. 47-60, 2015.

BAILEY, T. L. et al. Caliper and ultrasonographic measurements of bovine testicles and a mathematical formula for determining testicular volume and weight in vivo. **Theriogenology**, v. 49, p. 581–594, 1998.

BAILEY, T. L. et al. Testicular shape and its relationship to sperm production in mature Holstein bulls. **Theriogenology**, v. 46 p. 881–887, 1996.

BARTH, A. D.; OMINSKI, K. H. The relationship between scrotal circumference at weaning and at one year of age in beef bulls. **The Canadian Veterinary Journal**, v. 41, n. 7, p. 541–546, jul. 2000.

BERGMANN, J. A. G. et al. Herdabilidades e correlações genéticas entre medições testiculares e característica espermáticas em touros Nelore. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v. 5, p. 473-475, 1997.

BERRY, D. P. et al. Genetics and genomics of reproductive performance in dairy and beef cattle, p.105–121, 2014.

BERRY, D. P. et al. Genetics of bull semen characteristics in a multi-breed cattle population, *Theriogenology*, v. 123, p. 202-208, 2019.

BLASCO, A. Bayesian Data Analysis for Animal Scientists. Springer International Publishing AG. 275p, 2017.

BLOM E. The ultrastructure of some characteristic sperm defects and a proposal for a new classification of the bull spermogram. **Nord Vet Med**, v. 25, p. 383-339, 1973.

BLOM E. The ultrastructure of some characteristic sperm deffects and a proposal for a new classification of the bull spermogram. **In: Symposium Internationale de Zootechnie**, Italy. Proceedings... Milano: SIZ, 1972.

BOLIGON, A. A. et al. Estimation of genetic parameters for body weights, scrotal circumference, and testicular volume measured at different ages in Nelore cattle. **J Anim Sci**, v. 88, p. 1215–1219, 2010.

BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N.; DE ALBUQUERQUE, L. G. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n. 3, p. 565–571, 2007.

BRASIL. Ministério da Agricultura Pecuária e do Abastecimento. Portaria n° 109, de 25 de maio de 2009. Institui Grupo de Trabalho no âmbito do Departamento de Fiscalização de Insumos Pecuários - DFIP/SDA, com a finalidade de atualizar o Manual de Procedimentos para Exame Andrológico e Avaliação de Sêmen Animal. **Diário Oficial da União**, Brasília, DF, Seç. 1, p. 5, 2009.

BRETTTHORST, G. L. et al. Exponential model selection (in NMR) using Bayesian probability theory. **Concepts Magn Reson Part A**, v.27 p. 64–72, 2005.

BUZANSKAS, M. E. et al. Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology**, v. 92, p. 204–209, 2017.

CARVALHO FILHO, I. Parâmetros genéticos para características reprodutivas de touros da raça nelore. Universidade Federal de Viçosa, 2018.

CBRA - Colégio Brasileiro De Reprodução Animal. Manual para exame andrológico e avaliação de sêmen animal. 2.ed. Belo Horizonte, p. 49, 1998.

CORBET, N. J. et al. Male traits and herd reproductive capability in tropical beef cattle. 2. Genetic parameters of bull traits. **Anim Prod Sci**, v. 53 p. 101–113, 2013.

COSTA, E. V. Modelos bayesianos multicaracterísticos para dados censurados na avaliação genética de características reprodutivas em bovinos nelore. Universidade Federal de Viçosa, 2017.

de SÁ JÚNIOR A. et al. Application of the Köppen classification for climatic zoning in the state of Minas Gerais, Brazil. **Theor. Appl. Climatol**, v. 108, p. 1–7, 2012.

DIAS, J. C. et al. 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.

DIAS, J. C. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características reprodutivas de touros Nelore, de dois e três anos de idade. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec**, v. 58, n. 3, p. 388-393, 2006.

DRUET, T. et al. Estimation of genetic parameters and genome scan for 15 semen characteristics traits of Holstein bulls. **J Anim Breed Genet**; v. 126, p. 269-277, 2009.

FERRARI, S. & CRIBARI-NETO, F. Beta Regression for Modelling Rates and Proportions, **Journal of Applied Statistics**, v. 31, n. 7, p. 799-815, 2004.

FIELDS, M. J. et al. Age, season and breed effects on testicular volume and semen traits in young beef bulls. **Journal of Animal Science**, v. 48, n. 6, p. 1299-1304, 1979.

FOULLEY, J. L. et al. Genetic evaluation of traits distributed as Poisson-binomial with reference to reproductive traits. **Theor. Appl. Genet.**, v. 73, p. 870–877, 1987.

GARCIA, D. A. et al. Modelos lineares generalizados mistos na avaliação genética da prenhez precoce na raça Nelore. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec**, v. 64, n. 3, p. 675-682, 2012.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. IN: Bernardo, J. M., Berger, J. O., Dawid, A. P., Smith, A. F. M. (eds.), *Bayesian Statistics 4*, Clarendon, Oxford, p. 625-631, 1992.

GIANOLA, D.; FOULLEY, J. L. Sire evaluation for ordered categorical data with threshold model. *Genetics Selection Evolution*, v. 15, n. 2, p. 201-224, 1983.

GIANOLA, D.; ROSA, G. J. M. One hundred years of statistical developments in animal breeding. **Annual Review of Animal Biosciences**, v. 3, p. 19-56, 2015.

GILMOUR, A. R. et al. The analysis of binomial data by generalized linear mixed model. **Biometrika**, v. 72, n. 3, p. 539-599, 1985.

GILMOUR, A. R. et al. Variance components on an underlying scale for ordered multiple threshold categorical data using a generalized linear mixed model. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 104, p. 149-155, 1987.

GROSSI, D. A. et al. Genetic associations between accumulated productivity, and reproductive and growth traits in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 117, n. 2-3, p. 139-146, 2008.

HADFIELD, J. D. MCMC methods for multi-response generalized linear mixed models: the MCMCglmm R package. **Journal of Statistical Software**, v. 33, n. 2, p. 1-22, 2010.

HADFIELD, J. D.; NAKAGAWA, S. General quantitative genetic methods for comparative biology: phylogenies, taxonomies, and multi-trait models for continuous and categorical characters. **Journal of evolutionary biology**, v. 23, n. 3, p. 494-508, 2010.

HARVILLE, D. A.; MEE, R. W. A mixed model procedure for analysing ordered categorical data. **Biometrics**, v. 40, p. 393-408, 1984.

JUYENA, N. S.; STELLETTA, C. Seminal Plasma: An Essential Attribute to Spermatozoa. v. 33, p. 536-551, 2012.

LOPES, D. T. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características andrológicas de touros jovens da raça Nelore por meio da inferência bayesiana. **Rev. Bras. Saúde Prod. An**, v. 12, n. 1, p. 72-83, 2011.

LOPES, F. G. et al. Avaliação da Maturidade Sexual e Classificação Andrológica por Pontos (CAP) de Touros Jovens da Raça Nelore, Criados no Noroeste do Estado do Paraná. **Uniciências**, v. 20, n. 2, p. 108-112, 2016.

MOTA, R. R. et al. Genome-wide association study and annotating candidate gene networks affecting age at first calving in Nelore cattle. **J Anim Breed Genet**, v. 134, p. 484-492, 2017.

MRODE, R. A. *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values: 3rd Edition*. CABI, Oxford, 360p., 2014.

NAYA, H. et al. A comparison between Poisson and zero-inflated Poisson regression models with an application to number of black spots in Corriedale sheep. **Genetics Selection Evolution**, v. 40, n. 4, p. 379-394, 2008.

NTZOUFRAS, I. Bayesian modeling using WinBUGS. Canada, Hoboken-New Jersey, 520p., 2009.

OLIVEIRA, L. Z. et al. Assessment of field fertility and several in vitro sperm characteristics following the use of different Angus sires in a timed-AI program with suckled Nelore cows. **Livestock Science**, v. 146, n. 1, p. 38–46, 2012.

PANETO, J. C. C. et al. Estudo de características quantitativas de crescimento dos 120 aos 550 dias de idade em gado Nelore. **Rev Bras Zootec**, v. 31, p. 668-674, 2002.

PASTORE A. A. et al. Biometric, testicular, seminal characteristics and genetic parameters of pertaining bulls to the program of genetic improvement of the nellore race. **Ars Vet**, v. 24, n. 2, p. 134-141, 2008.

PEREZ, B. C. et al. Count Bayesian models for genetic analysis of in vitro embryo production traits in Guzerá cattle. **Animal**, v. 11, n.9, p. 1440-1448, 2017.

PEREZ-ENCISO, M. et al. A comparison between linear and Poisson mixed models for litter size in Iberian pigs. **Livest. Prod. Sci.**, v. 35, p. 303-316, 1993.

PIRES, B. C. et al. Genetic analyses on bodyweight, reproductive, and carcass traits in composite beef cattle. **Anim Prod Sci**, v. 57, p. 415–421, 2017.

QUIRINO, C. R. et al. Evaluation of four mathematical functions to describe scrotal circumference maturation in Nellore cattle. **Theriogenology**, v. 52, p. 25-34, 1999.

SARREIRO, L. C. et al. Herdabilidade e correlação genética entre perímetro escrotal, libido e características seminais de touros Nelore. **Arq Bras Med Veterinária e Zootec**, v. 54, n. 6, p. 602-608, 2002.

SILVA, H. T. et al. Alternative count Bayesian models for genetic evaluation of litter traits in pigs, **Livestock Science**, v. 225, p. 140-143, 2019.

SILVEIRA, T. S. et al. Estimativas de herdabilidades e correlações genéticas entre características reprodutivas em touros da raça Nelore. **Arq Bras Med Veterinária e Zootec**, v. 64, p. 1427–1435, 2012.

SIQUEIRA, J. B. et al. Heritability Estimate and Genetic Correlations of Reproductive Features in Nellore Bulls, Offspring of Super Precocious, Precocious and Normal Cows Under Extensive Farming Conditions. **Reproduction in Domestic Animals**, v. 47, n. 2, p. 313–318, 2012.

SIQUEIRA, J. B.; GUIMARÃES, J. D.; PINHO, R. O. Relação entre perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas em bovinos de corte: uma revisão. **Rev. Bras. Reprod. Anim**, v. 37, n. 1, p. 3–13, 2013.

SMITH, B. J. boa: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistical Software**, v. 21, n. 11, p. 1-37, 2007.

SOARES, A. C. C. et al. Multiple-trait genomewide mapping and gene network analysis for scrotal circumference growth curves in Brahman cattle. **J Anim Sci**, v. 95, p. 3331–3345, 2017.

SORENSEN, D. & GIANOLA, D. Likelihood, Bayesian and MCMC Methods in Quantitative Genetics. Statistics for Biology and Health. Springer-Verlag, New York, 2002.

SORENSEN, D. Developments in statistical analysis in quantitative genetics. **Genetica**, v. 136, n. 2, p. 319-332, 2009.

SPIEGELHALTER, D. J. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology)**, v. 64, n. 4, p. 583-639, 2002.

STROUP, W. W. Rethinking the Analysis of Non-Normal Data in Plant and Soil Science. **Agron. J.**, v. 107, p. 811-827, 2015.

SUDANO, M. J. et al. Use of bayesian inference to correlate in vitro embryo production and in vivo fertility in Zebu Bulls. **Veterinary Medicine International**, v. 2011, p. 10–12, 2011.

TEMPELMAN, R. J. Generalized linear mixed models in dairy cattle breeding. **Journal of Dairy Science**, v. 81, p. 1428-1444, 1998.

TEMPELMAN, R. J.; GIANOLA, D. Marginal maximum likelihood estimation of variance components in Poisson mixed models using Laplacian integration. **Genet. Sel. Evol.**, v. 25, p. 305-319, 1993.

THOMPSON, R. Sire evaluation. **Biometrics**, v.35, p.339-353, 1979.

UNANIAN, M. M. et al. Características Biométricas Testiculares para Avaliação de Touros Zebuínos da Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 1, p. 136–144, 2000.

VARONA, L.; SORENSEN, D. A genetic analysis of mortality in pigs. **Genetics**, v. 184, n. 1, p. 277-284, 2010.

VENTURA, H. T., et al. Comparing multi-trait Poisson and Gaussian Bayesian models for genetic evaluation of litter traits in pigs. **Livestock Science**, v. 176, p. 47-53, 2015.

WILBERG, M. J.; BENCE, J. R. Performance of deviance information criterion model selection in statistical catch-at-age analysis. **Fisheries Research**, v. 93, p. 212-221, 2008.

WILLIAMS W. W. Technique of collecting semen for laboratory examination with review of several diseased bulls. **Cornell Vet**, v. 10, p. 87-94, 1920.

WILLIAMS W. W.; SAVAGE A. Observations on the seminal micropathology of bulls. **Cornell Vet**, v. 15, p. 353-375, 1925.

WRIGHT, S. An analysis of variability in number of digits in an inbred strain of guinea pigs. **Genetics**, v. 19, p. 0506–0536, 1934a.

WRIGHT, S. The results of crosses between inbred strains of guinea pigs, differing in number of digits. **Genetics**, v. 19, p. 0537–0551, 1934b.