

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DESEMPENHO EM  
CORRIDAS DE CAVALOS PURO SANGUE INGLÊS  
UTILIZANDO PROCEDIMENTOS *BAYESIANO* E  
*THURSTONIANO***

**Manuela Pires Monteiro da Gama  
Zootecnista**

JABOTICABAL – SÃO PAULO - BRASIL

Junho/2012

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DESEMPENHO EM  
CORRIDAS DE CAVALOS PURO SANGUE INGLÊS  
UTILIZANDO PROCEDIMENTOS *BAYESIANO* E  
*THURSTONIANO***

**Manuela Pires Monteiro da Gama**

Orientador: Prof. Dr. Marcílio Dias Silveira da Mota  
Co-Orientador: Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias- Unesp, Campus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do Título de Mestre em Melhoramento Genético Animal.

JABOTICABAL – SÃO PAULO - BRASIL

Junho/2012

## **DADOS CURRICULARES DA AUTORA**

**MANUELA PIRES MONTEIRO DA GAMA** - nascida em 30 de Junho de 1980, na cidade de São Paulo- SP, casada, é formada em Zootecnia pela Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia - UNESP , Câmpus de Botucatu em Novembro 2002. Em Dezembro de 2008, concluiu o curso de Especialização em Produção de Ruminantes pela Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”- ESALQ – USP, Piracicaba – SP. Em Março de 2010 iniciou o Mestrado em Genética e Melhoramento Animal , na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Câmpus de Jaboticabal, sob a orientação do Prof. Dr. Marcílio Dias Silveira da Mota e co-orientação do Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira.

"Há homens que lutam um dia e são bons, há outros que lutam um ano e são melhores, há os que lutam muitos anos e são muito bons. Mas há os que lutam toda a vida e estes são imprescindíveis"

Bertold Brecht

## **Dedico**

Ao meu marido José Ricardo,  
Ao meu filho José Eduardo,  
Aos meus pais Antônio Carlos e Maria de Jesus,  
Ao meu irmão Toninho e sua família,  
À minha tia Celeste,  
E aos meus grandes amigos,  
Sempre meus motivos para me tornar melhor.

## AGRADECIMENTOS

À Deus, pela vida, pela Fé,

À minha família, pelo amor,

Ao meu Orientador Prof. Dr. Marcílio Dias Silveira da Mota, pela oportunidade, confiança e amizade,

Ao meu Co-Orientador Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira, pela enorme contribuição e paciência,

À Dra. Anne Ricard, pesquisado do INRA, pela oportunidade de utilizar o programa TMCLA,

Ao Prof. José Nicolau P. Puoli Filho, pela amizade e por me apresentar a essa oportunidade,

Aos amigos Raul e Francisco que colaboraram imensamente para que esse trabalho fosse realizado,

À Patrícia Fonseca, uma amiga nas horas calmas e nas horas de turbulência,

À Talita, Ana Carolina e Anita, pela parceria,

À Dra. Carmen Balieiro, você foi fundamental,

À Dra. Vânia Fanelli, pela participação na minha literal caminhada,

Às amigas Raquel Bordignon, Elisabeth Pasquali, Moacirene Falaschi e Shirley Ignácio, pelo apoio e amizade,

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias de Veterinárias, por essa oportunidade ímpar,

Aos funcionários da Seção de Pós-Graduação e de toda a faculdade em geral,

À Capes e ao CNPq, pela possibilidade de cursar uma pós-graduação;

À empresa Turf Total Ltda. pela presteza nos auxílios solicitados para entendimento e atualização do Banco de Dados.

À todos, meus mais sinceros agradecimentos.

## SUMÁRIO

### CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais

1. Introdução.....	2
1.1. Critérios para avaliação de desempenho em corridas.....	4
1.1.1. Tempo.....	4
1.1.2. Colocação final (“Ranking”).....	5
2. Revisão Bibliográfica.....	7
2.1 Teorema de Bayes.....	7
2.2 Métodos de Monte Carlo e Cadeias de Markov .....	7
2.3 A amostragem de Gibbs.....	8
3. O modelo Thurstoniano e o programa TMCLA.....	9
4. Referências.....	13

### CAPÍTULO 2 – Parâmetros Genéticos para desempenho em corridas de cavalos Puro Sangue Inglês utilizando procedimentos *Bayesiano* e *Thustoniano*

Resumo.....	19
Introdução.....	21
Material e Métodos.....	22
Resultados e Discussão.....	27
Conclusões.....	31
Referências.....	31

### CAPÍTULO 3 – Estimativas de correlações genéticas para tempo em diferentes distâncias de corridas de cavalos Puro Sangue Inglês

Resumo.....	35
Introdução.....	37
Material e Métodos.....	37
Resultados e Discussão.....	40
Conclusões.....	42
Referências .....	43

## LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 2 – Parâmetros Genéticos para desempenho em corridas de cavalos Puro Sangue Inglês utilizando procedimentos *Bayesiano* e *Thustoniano*

Tabela 1. Número de corridas e porcentagem de distribuição nos diferentes hipódromos estudados.....23

Tabela 2. Número de observações de cada colocação final, de acordo com as distâncias.....26

Tabela 3. Números de páreos, números de observações (tempo) por sexo, média de animais por páreo, para as distâncias estudadas.....27

Tabela 4. Números de observações, média, mediana, moda, máxima, mínima e coeficiente de variação (CV) dos tempos, para as distâncias estudadas.....28

Tabela 5. Valores médios das variâncias aditivas ( $\sigma^2_a$ ), ambiente permanente ( $\sigma^2_{ep}$ ), residual ( $\sigma^2_r$ ), fenotípica ( $\sigma^2_p$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e repetibilidade (t), com seus respectivos desvios-padrão entre parênteses, estimados para tempo, nas distâncias estudadas.....28

Tabela 6. Valores médios das variâncias genéticas aditivas ( $\sigma^2_a$ ), variâncias residuais ( $\sigma^2_r$ ) e herdabilidades ( $h^2$ ) com seus respectivos desvios-padrão entre parênteses, estimados para colocação final, nas distâncias estudadas.....30

CAPÍTULO 3 – Estimativas de correlações genéticas para tempo em diferentes distâncias de corridas de cavalos Puro-Sangue Inglês.

Tabela 1. Números de páreos, porcentagem de observações por sexo, média de animais por páreo, para as distâncias descritas.....40



Tabela 2. Valores médios das variâncias aditivas ( $\sigma^2_a$ ), ambiente permanente ( $\sigma^2_{ep}$ ), residual ( $\sigma^2_r$ ), fenotípica ( $\sigma^2_p$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e repetibilidade ( $t$ ) com seus respectivos desvios-padrão entre parênteses, estimados para tempo nas distâncias estudadas.....41

Tabela 3. Estimativas de correlações genéticas aditivas com seus respectivos desvios-padrão entre parênteses, para tempo em diferentes distâncias para PSI.....42

## **Parâmetros genéticos para desempenho em corridas de cavalos Puro Sangue Inglês utilizando procedimentos *Bayesiano* e *Thurstoniano***

### **Resumo**

O objetivo desse trabalho foi estimar parâmetros genéticos para o caráter tempo e colocação final em corridas de cavalos Puro Sangue Inglês (PSI) com procedimentos Bayesiano e Thurstoniano, a fim de fornecer subsídios para a seleção de reprodutores e conseqüente melhoramento genético da raça no Brasil. A partir de dados fornecidos pela empresa Turf Total Ltda foram consideradas 251.754 informações de tempo e 272.277 informações de colocações finais em 34.316 corridas de cavalos PSI ocorridas entre 1992 e 2011 em 6 hipódromos do país, para as distâncias de 1.000, 1.300, 1.600 e 2.000 metros. Os efeitos considerados fixos foram idade, sexo, posição de largada e páreo para as análises de tempo, e sexo, idade, posição de largada, páreo e nível de dificuldade da corrida para as análises de colocações finais. As herdabilidades e correlações genéticas para tempo foram estimadas utilizando inferências bayesianas, ao passo que para as estimativas de herdabilidade de colocação final utilizou-se o modelo Thurstoniano. As estimativas de herdabilidade para tempo em análises unicaraterísticas. foram semelhantes às encontradas na literatura, e variaram entre 0,31 e 0,04 e as repetibilidades encontradas variaram de 0,61 a 0,22, respectivamente com o aumento das distâncias. As estimadas para colocação final variaram de 0,57 a 0,21, apresentando a mesma tendência que as herdabilidades para tempo. As estimativas de herdabilidade para tempo na análise multicaracterística variaram entre 0,34 e 0,15 com repetibilidade entre 0,63 e 0,36. Nessa análise, a seleção para tempo também mostrou-se mais eficiente em distâncias menores, onde as herdabilidades foram maiores. As estimativas de correlações genéticas foram positivas e variaram de 0,47 a 0,97. Conclui-se que, em distâncias mais curtas, a seleção tanto para tempo, quanto para colocação final é mais eficiente, além de ser viável a incorporação deste caráter em programas de seleção de PSI de corrida no Brasil.

**Palavras- chave:** amostrador de gibbs, equinos, TMCLA

## **Genetic parameters for racing performance of Thoroughbred horses using Bayesian and Thurstonian procedures**

### **Abstract**

The objective of this study was to estimate genetic parameters for racing time and final rank in Thoroughbred horses using Bayesian and Thurstonian procedures, in order to provide data that contribute for selection and the consequent genetic improvement of the breed in Brazil. Data were provided by the company Turf Total Ltda. and consisted of 251,754 racing time records and 272,277 final rank records obtained from 34,316 Thoroughbred races (distances of 1,000, 1,300, 1,600 and 2,000 m) that occurred between 1992 and 2011 on six race tracks. Fixed effects included age, sex, post-position and race for the analysis of racing time, and sex, age, post-position, race and level of difficulty for final rank analysis. The heritabilities for racing time and final rank and the genetic correlations between racing times were estimated by Bayesian inference. In addition, a Thurstonian model was used to estimate the heritability for final rank. The heritability estimates for racing time in one-trait analysis were similar to those reported in the literature and ranged from 0.31 to 0.04. Repeatability estimates tended to decrease with increasing race distance (0.61 to 0.22). The heritabilities estimates for final rank ranged from 0.57 to 0.21 and showed the same trend as the heritabilities for time. The heritability estimates for racing time obtained by multi-trait analysis ranged from 0.34 to 0.15, with repeatabilities of 0.63 to 0.36 at the distances studied. Multi-trait analysis also showed that selection for racing time was more efficient at shorter distances when heritabilities were higher. The genetic correlations were all positive and ranged from 0.47 to 0.97. In conclusion, selection for both racing time and final rank is more efficient at shorter distances. In addition, final rank can be included as a trait in selection programs of Thoroughbred racehorses in Brazil.

**Keywords:** equine, gibbs samples, TMCLA

## CAPÍTULO 1

## 1. Introdução

O Puro Sangue Inglês (PSI) constitui a base de imensa indústria multinacional de criação de cavalos de corrida, sendo elemento essencial na produção de animais para este fim e o principal contribuinte para a formação e melhoramento de outras raças (Quarto de Milha, “Standardbreds”, Brasileiro de Hipismo, etc.). Desenvolvida na Inglaterra nos séculos XVII e XVIII, sob as influências dos cavalos Árabe, Espanhol e “Galloway”, este último elemento formativo dos cavalos corredores (“running horses”), o Puro Sangue Inglês distingue-se em dois tipos básicos: animais próprios para desempenho em distâncias de 800 a 2.000 metros são denominados “flyers” e apresentam espáduas mais verticais e garupas mais caídas, sendo de temperamento normalmente mais nervoso. Já cavalos conhecidos como “stayer” adaptam-se melhor a corridas mais longas, de 3.000 a 4.000 metros, sendo mais fortes, paletas mais oblíquas, garupa horizontal, de ângulos mais abertos e menores. Visto de frente, o Puro Sangue Inglês apresenta um peito ligeiramente estreito e pouca profundidade. Seu tórax deve ter grande capacidade para fornecer ampla capacidade pulmonar, com costelas compridas e pouco arqueadas em direção caudal (ACPCCP, 2012).

As corridas de cavalo no Brasil movimentam ao redor de 164 milhões de dólares ao ano, representando 5% do agronegócio do cavalo em nosso país. Neste contexto, a raça Puro Sangue Inglês destaca-se no cenário nacional, uma vez que representa 98% do montante envolvido em apostas de corrida. Adicionalmente, este seguimento garante cerca de 4 mil empregos diretos e 12 mil indiretos (LIMA et al., 2006).

Em 2010 ocorreram aproximadamente 155 mil corridas de cavalos da raça PSI no mundo, 4.555 delas no Brasil, oitavo país em número de páreos com animais desta raça. Em média, a premiação por corrida em 2010 girou em torno de 4.700 Euros, evolução de 16% em relação a 2009. Naquele ano, as premiações oferecidas eram capazes de cobrir 55% das despesas de manutenção e treinamento por animal que corria.

Dos 31 hipódromos brasileiros homologados para corridas de cavalos Puro Sangue Inglês, Gávea (Rio de Janeiro) e Cidade Jardim (São Paulo) são os únicos considerados de “Classe A”, em função de abrangerem aproximadamente 97% (60,5% e 36%, respectivamente) de toda a movimentação de apostas deste setor. Estas apostas podem ser realizadas de diferentes maneiras – Teleturf, internet, agências de aposta e nos próprios hipódromos. Segundo LIMA et al. (2006), do total apostado em corridas da Gávea e Cidade Jardim, 9,6% e 19,72% foram a partir de Teleturf/Internet, 15,4% e 22,28% realizadas nos próprios hipódromos e, 75% e 58% por meio de agências de aposta, respectivamente. Esses números indicam a capacidade de participação dos apostadores sem a necessidade de comparecimento aos locais das corridas e a possibilidade de apostar em páreos de interesse onde quer que ele ocorra.

A característica de interesse dos apostadores é a colocação do animal na corrida, mais especificamente, sua sequência e quanto ela trará de retorno financeiro, ou simplesmente, uma diversão. Para os criadores e melhoradores da raça, a colocação final e o respectivo retorno financeiro em corridas e em acasalamentos, passam a ter uma importância fundamental. Sendo esses os critérios de avaliação dos animais, suas mensurações e seus parâmetros genéticos são imprescindíveis para a avaliação e escolha dos animais que serão pais nas gerações seguintes e assim direcionar o melhoramento genético da raça.

Considerando-se que o tempo de corrida é um caráter normalmente negligenciado pelos criadores de PSI e somente mensurado de forma indireta para cavalos não vencedores, o conhecimento dos parâmetros genéticos da colocação final, avaliada por metodologias mais atuais é fundamental para o futuro direcionamento de programas de seleção na raça. Nesse sentido, o presente trabalho empregou metodologia inédita no país, chamado modelo “Thurstoniano”, o qual poderá ser empregado para estudos dos parâmetros genéticos não somente em equinos, mas também em outras espécies em que a colocação final estiver presente.

## **1.1 Critérios para avaliação de desempenho em corridas**

Existe grande quantidade de dados de desempenho de corrida e a habilidade herdada para correr tem recebido mais atenção que qualquer outra característica de desempenho em cavalos. Porém, os critérios disponíveis para medir esta capacidade de corrida não são, em sua maioria, realmente objetivos (LANGLOIS et al., 1983) e os comumente utilizados são classificados em três categorias: tempo, colocação final (“ranking”) e rendimento monetário (premiações). Os dois utilizados neste estudo serão descritos a seguir.

### **1.1.1. Tempo**

Este critério pode ser avaliado de diferentes formas: tempo final, melhor tempo (na vida ou ano de campanha), tempo médio, tempo atrás do cavalo vencedor, etc. O tempo final, ou tempo de corrida, corresponde a quantos segundos são necessários para que o cavalo complete o percurso, ou o páreo. Esta é uma medida direta da velocidade do animal, contudo, é influenciada por todas as circunstâncias de momento associadas à característica (TOLLEY et al., 1985).

Nas corridas de PSI, o único tempo diretamente registrado em um páreo é o do animal vencedor. Os demais são calculados a partir da diferença do número de corpos do ganhador, na proporção de 2/10 de segundos por corpo, em posição de corrida, atrás (CARROL, 1990; MARTIN et al, 1996, MOTA et al, 2005) .

A medida de desempenho em pista em função do tempo final é considerada por alguns autores como sendo de maior utilidade que as de rendimento monetário e de colocação final. O tempo em uma única corrida pode ser relativamente consistente para um animal durante toda uma temporada, além da estimativa da herdabilidade ser mais elevada para essa característica do que para as demais.(OJALA e VAN VLECK, 1981 ; LEYTEN e VANDEPITTE, 1991 e MOTA, 2010).

MORITSU et al (1994) e OKI et al (1994) citam que o tempo em cada corrida é a única medida direta e quantitativa que pode ser usada para avaliar o desempenho genético de cavalos. O tempo é o critério mais utilizado para seleção e pode-se observar progresso genético em muitos países (RICARD,1998).

As estimativas de herdabilidade publicadas para caracteres relacionados ao tempo em corridas de cavalos PSI no Brasil (0,08; 0,04-0,21 e 0,10-0,32 respectivamente por TAVEIRA et al., 2004, MOTA et al., 2005, e MOTA et al., 2006) e no exterior (0,23-0,39; 0,18-0,35 respectivamente por EKIZ et al., 2005, EKIZ e KOCAK, 2007 e ORHAN e KAYGISIZ, 2010) têm retratado a moderada possibilidade de alterações genéticas ocorrerem a partir de seleção fenotípica, especialmente quando considerado o desempenho nas menores distâncias de corridas.

### **1.1.2. Colocação final (“Ranking”)**

Baseada na colocação do cavalo em relação aos demais participantes ao término de um percurso ou páreo, a posição final corresponde à diferença de nível dos animais daquela competição. A colocação final indica o desempenho relativo do animal, mas não avalia sua velocidade. Este critério elimina alguns dos problemas associados à avaliação do desempenho em diferentes distâncias e condições de pista, desempenho inferior atípico e problemas com anormalidades no critério de desempenho (LANGLOIS, 1980; WILLIAMSON e BEILHARZ, 1996, 1998; BELHAJYAHIA et al., 2003; SOBCZYNSKA e LUKASZEWICZ, 2004 ; SVOBODOVA et al., 2005; BOKOR et al., 2007).

Os programas de corrida são estruturados em diferentes categorias de acordo com o nível de dificuldade técnica, embora não seja possível estimar as médias de desempenho dessas diferentes categorias a partir do efeito do evento quando as colocações finais são os únicos fenótipos disponíveis (RICARD e LEGARRA 2010). Segundo esses autores, isso ocorre porque este efeito não está envolvido na função de probabilidade das colocações finais em um evento condicional nos parâmetros do modelo. Mas para comparação entre corridas, o



nível de dificuldade da cada páreo deve ser levado em consideração no modelo de avaliação da colocação final.

Segundo TAVENIER (1991), o nível da corrida, ou seja, seu grau de dificuldade, deve ser levado em conta na avaliação das colocações finais. O critério mais comumente utilizado relacionado às colocações finais no período da publicação do seu trabalho, era o rendimento monetário, que estaria relacionado à colocação de animal e também seria proporcional ao nível de dificuldade da corrida. Cada animal em uma determinada corrida, teria sua colocação em relação ao primeiro colocado e receberia um valor para esse resultado. Porém, esse critério depende fortemente da forma pela qual o rendimento é distribuído, o que resulta em um grande problema, pois a divisão dos rendimentos dependem de regras técnicas e determinações de comitês de organização dos eventos, que podem apresentar grande variação. Dessa forma, o estudo e a utilização da colocação final não deve estar associada ao rendimento monetário do animal em uma determinada corrida. Por esse motivo, diferentes pesos de acordo com a corrida são instituídos e considerados no modelo.

Diferentemente do tempo, todos os animais PSI têm sua colocação final registrada nos páreos, sendo essa uma medida direta. Segundo CHICO (1994), em estudo realizado com PSI na Espanha, as colocações finais podem ser um bom critério de seleção para programas de incremento genético, graças às estimativas de seus parâmetros genéticos.

As herdabilidades estimadas para colocação final têm variado em 0,07-0,10 a 0,12, respectivamente obtidas CHICO (1994) e BELHAJYAHIA et al., (2003), 0,18 (0,33 de repetibilidade) em cavalos PSI na França, 0,06 (0,19 de repetibilidade) no Reino Unido e Irlanda (BOKOR et al, 2007), 0,14 em PSI (LEE et al, 1995) e 0,13 (repetibilidade=0,44) em Quarto de Milha (VILLELA et al, 2002). Em cavalos Árabe, as herdabilidades estimadas foram moderadas, sendo 0,25 com repetibilidade= 0,25 (SOBCZYNSKA E KOWNACKI, 1997).

## 2. Revisão Bibliográfica

### 2.1. Teorema de Bayes

Na teoria básica de probabilidade, temos que, dado um vetor  $v$  não observável e um vetor  $y$  observável, sua probabilidade conjunta é (adaptado de ARAÚJO NETO, 2009):

$$p(Y|v) \cdot p(v) = p(Y, v) = p(v|Y) \cdot p(Y)$$

onde:  $p(v)$  e  $p(Y)$  são densidades de probabilidade marginais de  $v$  e  $Y$ .

A partir dessa equação, podemos dizer que a distribuição condicional de  $v$ , tendo o vetor  $Y$  é:

$$p(v|Y) = \frac{p(Y|v) p(v)}{p(Y)}$$

levando-se em conta que  $p(Y)$  não depende do vetor  $v$ , pode-se escrever que:

$$p(v|Y) \propto p(v) p(Y|v)$$

onde:

$p(v)$  é a densidade de probabilidade a priori de  $v$ ;

$p(Y|v)$  é a função de verossimilhança de  $Y$ ; (contribuição de  $Y$  ao conhecimento de  $v$ )

$p(v|Y)$  é a densidade de probabilidade posterior do vetor  $v$ .

### 2.2 Métodos de Monte Carlo e Cadeias de Markov

Os métodos de Monte-Carlo são amplamente utilizados para aproximar as integrais, dentre as classes de algoritmos. Esses métodos realizam processos de aproximação de valores esperados (integrais de uma distribuição de

probabilidade) a partir de amostras. Na genética quantitativa, a grande dificuldade técnica está na obtenção de distribuições marginais. Para isso, utiliza-se a Amostragem de Gibbs, que pertence à classe de métodos denominada Monte-Carlo e Cadeias de Markov.

Uma Cadeia de Markov é um processo estocástico  $\{X_0, X_1, \dots\}$  tal que a distribuição de  $X_t$  dados todos os valores anteriores  $X_0, \dots, X_{t-1}$  depende apenas de  $X_{t-1}$  (EHLERS, 2003). Na forma matemática, temos:

$$P(X_t \in A | X_0, \dots, X_{t-1}) = P(X_t \in A | X_{t-1})$$

### 2.3 A amostragem de Gibbs

A amostragem de Gibbs é uma integração numérica utilizada para estimar distribuições conjunta e marginal dos parâmetros a serem estudados. Para utilização do amostrador de Gibbs, deve-se levar em consideração alguns pontos, como (NOGUEIRA et al, 2003) :

-distribuições iniciais: pode ser “flat” (ou não informativa), em que não é levado em conta conhecimentos prévios do parâmetro; simétrica, quando algumas informações são incorporadas; ou ainda “sharp” (ou informativa), que reflete conhecimento prévio do parâmetro.

-convergência: após um certo número de ciclos, se as iterações não apresentam mais grandes variações, pode-se dizer que a convergência foi alcançada. Programas podem ser utilizados para verificar se houve a convergência, por exemplo o programa Gibanal (VAN KAAM, 1997).

-descarte inicial da amostra ou “burn-in” – é o número de ciclos que devem ser desprezados, referente ao início das análises, antes de atingir a convergência. O programa Gibanal também avalia o “burn-in” ideal na análise.

- intervalo amostral: para a análise, é necessário que as amostras utilizadas não sejam muito correlacionadas, por isso, faz-se necessário que as amostras sejam selecionadas a cada intervalo pré-determinado.
- tamanho da cadeia de ciclos: esta deve ser suficiente para que ocorra a convergência. Alguns programas podem ser utilizados para estimar o tamanho ideal para a análise.

### **3. O modelo Thurstoniano e o programa TMCLA**

A colocação final em competições tem sido utilizada para avaliações genéticas em cavalos de corrida e de esporte já há algum tempo (RICARD e LEGARRA, 2010). Já foi utilizada vinculada ao rendimento monetário como forma de transcrever as colocações finais em uma escala contínua, porém dificuldades foram encontradas em decorrência dos diferentes critérios de definição do rendimento monetário.

A partir do modelo proposto por HENERY em 1981, TAVENIER (1991), passou a utilizar um modelo que incluía uma variável latente subjacente. Esse modelo explica as colocações finais como o resultado observável de uma hierarquia de desempenhos subjacentes em competições, podendo ser usado para estimar os valores genéticos dos animais.

Porém, as integrações numéricas necessárias, a partir dos parâmetros desse modelo eram difíceis de se calcular e, por isso, modelos mais simples foram propostos (pontuações).

Em 2006, GIANOLA e SIMIANIER (2006) propuseram a abordagem Bayesiana para estimar os parâmetros do modelo subjacente para colocações finais chamado de Modelo “Thurstoniano”, onde os cálculos são feitos utilizando os Métodos de Monte Carlo Cadeias de Markov, com Amostrador de Gibbs.

Nesse modelo, o efeito de “evento” foi incluído como efeito linear inerente à variável. Segundo RICARD e LEGARRA (2010), mesmo que alguma corrida seja mais difícil que a outra, não existe esse efeito, pois os páreos são estruturados, ou

seja os “melhores” cavalos tendem a ir para as “melhores” corridas, e seus concorrentes também deverão ser os “melhores” cavalos.

Assim, sendo  $y_k$  o vetor de colocação final na corrida  $k$  e  $y$  o vetor do dado completo, todas as colocações em todas as corridas  $y = (y'_1 \dots y'_m)$ , com  $m$  sendo o número total de provas. Ao modelo animal clássico, somou-se uma variável latente subjacente  $l$  responsável pelas colocações, este abaixo representado:

$$l_{ik} = x'_{ik}\beta + z'_{ik}a + z'_{ik}p + w'_{ik}h + e_{ik}$$

Onde:

$i$  é o cavalo,

$\beta$  são os efeitos fixos,

$a$  é o vetor de efeitos genéticos aditivos aleatórios,

$p$  é o vetor de efeitos ambientais permanentes aleatórios (comum ao mesmo cavalo em diferentes eventos),

$h$  é o vetor de efeitos de evento aleatório,

$e$  é o vetor de efeitos residuais e

$x_{ik}$ ,  $z_{ik}$ ,  $w_{ik}$  são as matrizes de incidência.

Como o efeito evento não afeta a probabilidade da colocação final, pode ser retirado do modelo, conforme segue:

$$l_{ik} = x'_{ik}\beta + z'_{ik}a + z'_{ik}p + e_{ik}.$$

Nota-se que, a variável latente subjacente é a média da colocação do animal  $i$  na corrida  $k$  somado ao erro relacionado ao mesmo animal e essa mesma corrida :

$$l_{ik} = \mu_{ik} + e_{ik}.$$

A probabilidade condicional de uma colocação particular em uma corrida  $k$  é dada por:

$$\begin{aligned}
Pr(\mathbf{y}_k = (1, \dots, n_k - 1, n_k)' | \beta, \mathbf{a}, \mathbf{p}, \mathbf{h}) \\
&= Pr(l_{(n_k)} < l_{(n_k-1)} < \dots < l_{(1)}) \\
&= \int_{-\infty}^{+\infty} \int_{l_{(n_k)}}^{+\infty} \dots \int_{l_{(2)}}^{+\infty} \prod_{j=1}^{n_k} \phi(l_{(j)} - \mu_{(j)}) \\
&\quad dl_{(1)} \dots dl_{(n_k-1)} dl_{(n_k)} \quad (2)
\end{aligned}$$

Em que (j) é a colocação subentendida do cavalo na corrida k,  $n_k$  o número de cavalos participantes no evento k e  $\phi$  a densidade de uma distribuição normal padrão. Para dados completos:

$$Pr\left(\bigcap_{k=1}^m \mathbf{y}_k | \beta, \mathbf{a}, \mathbf{p}, \mathbf{h}\right) = \prod_{k=1}^m Pr(\mathbf{y}_k | \beta, \mathbf{a}, \mathbf{p}, \mathbf{h}).$$

Sendo  $\Theta = [\beta', \mathbf{a}', \mathbf{p}', \mathbf{h}']$  um vetor de parâmetro local e  $\Lambda = [\sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_h^2, \sigma_c^2]$ , um vetor de parâmetros de variância, a variância residual  $\sigma_c^2$  foi fixada em 1 uma vez que era desconhecida. A densidade da distribuição conjunta à priori de  $\Theta$  e  $\Lambda$  teve o seguinte modelo (GIANOLA E SIMIANER, 2006) :

$$p(\Theta, \Lambda | H) = N(\beta | \mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_\beta^2)N(\mathbf{a} | \mathbf{0}, \mathbf{A}\sigma_a^2)N(\mathbf{p} | \mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_p^2)N(\mathbf{h} | \mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_h^2) \prod_{t=a,p,h} p(\sigma_t^2 | \nu_t, S_t^2).$$

em que:

$p(\sigma_t^2 | \nu_t, S_t^2)$  é a densidade de uma distribuição qui-quadrado em escala invertida com  $\nu_t$  graus de liberdade,

$S_t^2$  é uma estimativa prévia para  $\sigma_t^2$ ,

$H = [\sigma_\beta, \nu_a, \nu_p, \nu_h, S_a^2, S_p^2, S_h^2]$  um conjunto conhecido de hiperparâmetros e

$A =$  matriz de parentesco.

A densidade de distribuição conjunta posterior é:

$$p(\Theta, \Lambda | y, H) = \prod_{k=1}^m Pr(y_k | \beta, a, p, h) N(\beta | 0, I\sigma_\beta^2) N(a | 0, \Lambda\sigma_a^2) N(p | 0, I\sigma_p^2) N(h | 0, I\sigma_h^2) \prod_{t=a,p,h} p(\sigma_t^2 | \nu_t, S_t^2). \quad (3)$$

### Amostrador de Gibbs

O procedimento sugerido para estimar as supostas possibilidades sugeridas por RICARD e LEGARRA (2010) segue abaixo:

1. Retratar o desempenho  $l_{(nk)}$  do último cavalo colocado no intervalo  $]-\infty, l_{(nk-1)}[$ , p.e., um baixo desempenho comparado ao desempenho do cavalo colocado logo anteriormente no ciclo MCMC (“MARKOV CHAIN MONTE CARLO”), então na distribuição Normal:  $T : N_{-\infty;l_{(nk-1)}}(\mu_{(nk)}, 1)$
2. Retratar o desempenho  $l_{(nk-1)}$  do cavalo colocado logo anteriormente ao último, no intervalo dado pelo desempenho do último cavalo colocado e dois anteriores ao último:  $l_{(nk)} < l_{(nk-1)} < l_{(nk-2)}$ , então na distribuição Normal:  $N_{l_{(nk)};l_{(nk-2)}}(\mu_{(nk-1)}, 1)$ , etc.

A densidade marginal de cada desempenho conhecendo todos os outros parâmetros é, portanto, a probabilidade de estar entre o desempenho do cavalo colocado anteriormente e o desempenho do cavalo colocado posteriormente ao animal em questão e não somente a probabilidade de estar colocado anteriormente ao cavalo específico. Os desempenhos devem sofrer várias análises para atingir a conversão da distribuição conjunta. A utilização de um desempenho anterior de um evento antecedente acelera a convergência.

Este procedimento foi proposto e validado pela verificação da distribuição dos desempenhos obtidos: suas médias e variâncias corresponderam à média e variância com distribuição normal quando o modelo envolveu a mesma  $\mu_i$  para todos os cavalos, utilizando dados simulados. O programa TM (LEGARRA, 2007) foi utilizado como base, onde foi incluído o caráter colocação final, passando a ser denominado TMCLA (RICARD e LEGARRA, 2010).

#### 4. Referências

ACPCCP. **Ficha técnica do cavalo Puro Sangue Inglês**. 2012. Disponível em: [www.acpccp.com.br](http://www.acpccp.com.br)

ARAÚJO NETO, F. R. **Estimativas de componentes de (co) variância de características de crescimento na raça Nelore, utilizando Inferência Bayesiana**. Tese de Doutorado. FCAV – UNESP, Jaboticabal, 2009.

BELHAJYAHIA, T., BLOUIN, C., LANGLOIS, B.; HARZALLA, H. Breeding evaluation of Arab horses from their Racing results in Tunisia by a BLUP with an animal model. **Animal Research**. v. 52, p. 481-488, 2003.

BOKOR, A., BLOUIN, C., LANGLOIS, B. Possibility of selecting racehorses on jumping ability based on their steeplechase race results in France, the United Kingdom and Ireland. **Journal of Animal Breeding and Genetics** 124, p. 124-132, 2007.

CARROL, C.H. Handicapping Speed: The thoroughbred and Quarter Horse sprinters Lyong and Burford. **Publishers**. New York, USA, p.226, 1990.

CHICO, M.D. Genetic analysis of Thoroughbred racing performance in Spain. **Annales de Zootechnie**. v. 43, p. 393-397, 1994.

EHLERS, R. S. Introdução à Inferência Bayesiana. Versão revisada em Junho de 2003. Disponível em : <http://www.leg.ufpr.br/~paulojus/CE227/ce227/>.

EKIZ, B., KOCAK, O. Estimates of genetic parameters for racing times of Thoroughbred horses. **Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences**. v. 31, p. 1-5, 2007.



EKIZ, B., KOCAK, O., YILMAZ, A. Phenotypic and genetic parameter estimates for racing traits of Thoroughbred horses in Turkey. **Archiv Tierzucht Dummerorf** v.48, p. 121-129, 2005.

GIANOLA D., SIMIANER H: A Thurstonian model for quantitative genetic analysis of ranks: A Bayesian approach. **Genetics**, v. 174:1613-1624, 2006.

HENERY, R. J. Permutation probabilities as models for horse races. **Journal of the Royal Statistical Society**. v. 43, p. 86-91, 1981.

KAAM, J.B.C.H.M. van. **GIBANAL: analyzing program for Markov Chain Monte Carlo sequences**. Wageningen: Department of Animal Sciences-Agricultural University, (Version 2.3) 1997.

LANGLOIS, B. Heritability of racing ability in Thoroughbreds – a review. **Livestock Production Science** v. 7, p. 387-408, 1980.

LANGLOIS, B., MINKEMA, D., BRUNS, E. Genetic problems in horse breeding. **Livestock Production Science**. v. 10, p. 69-81, 1983.

LEE K. J., PARK K. D., KANG M. G., KIM D. R., MOON Y. Y. Estimation of genetic parameters for racing performance of Thoroughbred horses. **Korean Journal of Animal Science**, v.37, p.11–18, 1995.

LEYTEN, J, VANDEPITTE, W. Analysis of the performances of Belgian trotters. **Revue de 1' Agriculture-Landbouwtijdschrift** v.4, p. 717-723, 1991.

LIMA, R. A. S., SHIROTA, R., BARROS, G. S. **Estudo do Complexo do Agronegócio do Cavalo-Relatório Final**, CEPEA/ESALQ/USP. p. 251, 2006.

MARTIN, G. S., STRAND, E., KEARNEY M. T. Use of statistical models to evaluate Racing performance in Thoroughbreds. **Journal of the American Veterinary Medical Association**, v. 209, p.1900-1906, 1996.

MORITSU, Y., FUNAKOSHI, H., ICHIKAWA, S. Genetic evaluation of sires and environmental factors influencing best racing times of Thoroughbred horses in Japan. **Journal of Equine Science** v. 5, p. 53-58, 1994.

MOTA, M.D.S. Genetic correlation between performances at different racing distances in Thoroughbreds. **Livestock Science**. 104, p. 227-232, 2006.

MOTA, M.D.S. **Considerações acerca do Melhoramento Genético de Equinos: corrida, conformação e reprodução**. Tese de Livre Docência. FMVZ – UNESP, Botucatu, 2010.

MOTA, M.D.S., ABRAHAO, A.R., OLIVEIRA, H.N. Genetic and environmental parameters for racing time at different distances in Brazilian Thoroughbreds. **Journal of Animal Breeding and Genetics** v.122, p. 393-399, 2005.

NOGUEIRA, D. A., SÁFADI, T., BEARZOTI, E., BUENO FILHO, J. S. S. Análise Clássica e Bayesiana de um modelo misto aplicado ao Melhoramento Animal: uma ilustração. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras . Edição Especial, p. 1614-1624, 2003.

OJALA, M. J., VAN VLECK, L. D. Measures of racetrack performance with regard to breeding evaluation of trotters. **Journal of Animal Science** v. 53, p. 611-619, 1981.

OKI, H., SASAKI, Y., WILHAM, R. L. Genetics of racing performance in the Japanese Thoroughbred horse: II. Environmental variation of racing time on turf and dirt tracks and the influence of sex, age, and weight carried on racing time.

**Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 1, p. 128-137, 1994.

ORHAN, H., KAYGISIZ, A. Genetic and Environmental Parameters Effecting Racing Performance of Turk-Arabian Horses Raised at Anatolian State Farm. **Asian Journal of Animal and Veterinary Advances**, v.5, p. 112-119, 2010.

RICARD, A. Developments in the genetic evaluation of performance traits in horses. **6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, Armidale, Australia. p.388-395, 1998.

RICARD, A. LEGARRA, A. Validation of models for analysis of ranks in horse breeding evaluation. **Genetics Selection Evolution**. v.42:3, 2010. Disponível em: <http://www.gsejournal.org/content/42/1/3>.

SOBCZYNSKA, M., KOWNACKI, M. Genetic aspects of racing performance in Polish purebred Arab horses. I. Genetic parameters. **Journal of Applied Genetics**, v.38, p.179–186, 1997.

SOBCZYNSKA, M., LUKASZEWICZ, M. Genetic parameters of racing merit of Thoroughbred horses in Poland. **Journal of Animal Breeding and Genetics** v.121, p. 302-306, 2004.

SVOBODOVA, S., BLOUIN, C., LANGLOIS, B. Estimation of genetic parameter of Thoroughbred Racing performance in Czech Republic. **Animal Research**. v.54, p. 499-509, 2005.

TAVEIRA, R. Z., MOTA, M. D. S.; OLIVEIRA, H. N. Population parameter in Brazilian Thoroughbred. **Journal of Animal Breeding and Genetics** v.121, p. 384-391, 2004.

TAVERNIER, A. Genetic evaluation of horses based on ranks in competitions.

**Genetics Selection Evolution**, v. 23,p.159-173, 1991.

**TM Threshold Model**. <http://snp.toulouse.inra.fr/~alegarra>.

TOLLEY, E. S., NOTTER, D. R., MARLOWE, T. J. A review of the inheritance of racing performance in horses. **Animal Breeding Abstracts** v.53, p. 163-185, 1985.

VILLELA, L. C. V., MOTA, M. D. S., OLIVEIRA, H. N. Genetic parameters of racing performance traits of Quarter horses in Brazil. **Journal of Animal Breeding and Genetics** ,v.119, p.229–234, 2002.

WILLIAMSON, S. A., BEILHARZ, R. G., Heritabilities of racing performance in Thoroughbreds: a study of Australian data. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.113, p. 505-524, 1996.

WILLIAMSON, S. A., BEILHARZ, R. G. The inheritance of speed, stamina and other racing performance characteristics in the Australian Thoroughbred. **Journal of Animal Breeding**, v.115, p. 1-16, 1998.

## CAPÍTULO 2

## **Parâmetros genéticos para desempenho em corridas de cavalos Puro Sangue Inglês utilizando procedimentos *Bayesiano* e *Thurstoniano***

### **Resumo**

O objetivo desse trabalho foi estimar parâmetros genéticos para tempo e colocação final em corridas de cavalos Puro Sangue Inglês (PSI) a fim de fornecer subsídios para programas de seleção que visem melhorar o desempenho em corridas de animais desta raça no Brasil. A partir de dados fornecidos pela empresa Turf Total Ltda foram consideradas 251.754 informações de tempo e 272.277 informações de colocações finais em 34.316 corridas de cavalos PSI ocorridas entre 1992 e 2011 em 6 hipódromos do país, para as distâncias de 1.000, 1.300, 1.600 e 2.000 metros. Os efeitos fixos foram idade, sexo, posição de largada e páreo para as análises de tempo, e sexo, idade, posição de largada, páreo e nível de dificuldade da corrida para as análises de colocações finais. As herdabilidades e repetibilidades de tempo foram estimadas utilizando inferências bayesianas em análise unicaracterística, sendo que para as estimativas de herdabilidade de colocação final foi utilizado o modelo Thurstoniano, também em avaliações considerando uma só característica. As estimativas de herdabilidade para tempo foram semelhantes às encontradas na literatura, e variaram entre 0,31 e 0,04 e as repetibilidades encontradas variaram de 0,61 a 0,22, respectivamente com o aumento das distâncias. As estimadas para colocação final variaram de 0,57 a 0,21, apresentando a mesma tendência que as herdabilidades para tempo.

**Palavras- chave:** Amostrador de Gibbs, eqüinos, TMCLA

## **Genetic parameters for racing performance of Thoroughbred horses using Bayesian and Thurstonian procedures**

### **Abstract**

The objective of this study was to estimate genetic parameters for racing time and final rank in Thoroughbred horses using Bayesian and Thurstonian procedures, in order to provide data that contribute for selection and the consequent genetic improvement of the breed in Brazil. Data were provided by the company Turf Total Ltda. and consisted of 251,754 racing time records and 272,277 final rank records obtained from 34,316 Thoroughbred races (distances of 1,000, 1,300, 1,600 and 2,000 m) that occurred between 1992 and 2011 on six race tracks. Fixed effects included age, sex, post-position and race for the analysis of racing time, and sex, age, post-position, race and level of difficulty for final rank analysis. The heritabilities for racing time and final rank were estimated by Bayesian inference. In addition, a Thurstonian model was used to estimate the heritability for final rank. The heritability estimates for racing time in one-trait analysis were similar to those reported in the literature and ranged from 0.31 to 0.04. Repeatability estimates tended to decrease with increasing race distance (0.61 to 0.22). The heritabilities estimates for final rank ranged from 0.57 to 0.21 and showed the same trend as the heritabilities for time. In conclusion, selection for both racing time and final rank is more efficient at shorter distances. In addition, final rank can be included as a trait in selection programs of Thoroughbred racehorses in Brazil.

**Keywords:** equine, gibbs samples, TMCLA

## Introdução

As medidas mais comuns de desempenho de cavalos de corrida Puro Sangue Inglês (PSI) são tempo final de corrida, colocação final (“ranking”) e rendimento monetário. O estudo dos parâmetros genéticos dessas medidas é importante para que a escolha do critério de seleção dos animais para a reprodução possa oferecer maior ganho genético possível nas gerações seguintes.

A escolha do critério de seleção é um dos maiores entraves na avaliação genética de cavalos (TAVERNIER,1991). Segundo esta autora, a carreira de um animal é constituída de uma série de colocações em diversas competições ao longo de sua vida, porém não há uma medida “física” do desempenho do animal.

Em corridas de cavalos PSI, o tempo do animal vencedor é registrado e os demais são calculados a partir da diferença de corpos do outro colocado em relação ao vencedor, ou seja, de forma indireta. Já a colocação final de todos os animais do páreo é registrada.

O tempo de corrida é o critério que apresenta maior herdabilidade que as medidas baseadas em colocações finais e rendimento monetário e pode ser mais interessante para a avaliação de animais para habilidade de corrida (OJALA e VAN VLECK,1981). Apesar de apresentar a maior herdabilidade dentre os critérios de avaliação do desempenho do cavalo, a falta de medição direta pode resultar em uma indicação fraca do real nível de desempenho dos animais, os quais devem ser rápidos nas corridas que participam, mas devem se adaptar às condições particulares de cada evento. (TAVERNIER, 1991).

A possibilidade de utilização de caracteres ligados à colocação final em corridas ao invés do tempo, poderia se ajustar melhor às informações registradas na prática das corridas nacionais. As colocações finais possibilitam que animais que participam do mesmo evento possam ser comparados com outros em outro evento, mas para isso, o nível de dificuldade da corrida deve ser determinado e incluído no modelo de análise.



Em diversos países estuda-se a colocação final em cavalos com o objetivo de sua utilização em programas de seleção (WILLIAMSON e BEILHARZ (1996, 1998), na Austrália, SOBCZYNKA e LUKASZEWICZ (2004) em cavalos Árabes na Polônia).

A partir da estimativa dos parâmetros genéticos para tempo e colocação final objetivou-se verificar em qual distância de corrida os caracteres apresentam maior resposta à seleção, e estudar a viabilidade de se incorporar esta última característica, avaliada pela metodologia proposta por LEGARRA e RICARD (2010) utilizando o modelo Thurstoniano, em programas de melhoramento genético da raça Puro Sangue Inglês no Brasil

## **Material e Métodos**

### *Origem e descrição dos dados*

O banco de dados utilizado foi fornecido pela empresa Turf Total Ltda, e consistia originalmente em 589.030 registros de tempo em segundos e colocações finais de cavalos PSI em corridas ocorridas nos hipódromos da Gávea (RJ), Campos (RJ), Cidade Jardim (SP), Tarumã (PR), Cristal (RS) e São Vicente (SP), no período de 01/07/1992 a 06/03/2011.

Para a montagem dos arquivos, consistência dos dados, análise descritiva e estudo dos fatores ambientais para os caracteres tempo e colocação final utilizou-se o programa estatístico SAS (2005).

Com a análise exploratória do banco de dados, problemas com registros foram encontrados e excluídos, como por exemplo, erros no pedigree, nas idades dos animais, entre outros.

Inicialmente, o banco de dados apresentava informações de 30 diferentes distâncias, que foram restringidas a quatro para a avaliação em decorrência do baixo número de observações presentes em algumas delas e da importância das distâncias selecionadas.

Também foram eliminados os registros que se apresentavam 3 desvios-padrão acima e abaixo da média para cada distância estudada, assim como animais com idade inferior a 2 anos.

Após a consistência, o banco de dados contou com 34.316 páreos e 251.754 registros de tempo e 272.277 de colocações finais para as distâncias de 1000, 1300, 1600 e 2000 metros.

Tabela 1. Número de corridas e porcentagem de distribuição nos diferentes hipódromos estudados.

<b>Hipódromos</b>	<b>Nº de corridas</b>	<b>%</b>
Cidade Jardim- SP	139.678	51,3
Gávea – RJ	99.381	36,5
Tarumã – PR	12.797	4,7
Cristal – RS	11.436	4,2
Campos – RJ	7.896	2,9
São Vicente- SP	1.089	0,4
<b>TOTAL</b>	<b>272.277</b>	<b>100</b>

Os grupos de contemporâneos foram definidos como sendo formado por animais que participaram do mesmo páreo.

#### *Análise do caráter tempo*

Os componentes de (co)variância necessários para a obtenção dos parâmetros genéticos, sob abordagem bayesiana, foram estimados pelo programa Gibbs2f90 (MISZTAL,2007), sob modelo animal. O modelo utilizado pode ser apresentado na forma matricial da seguinte forma:

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

em que:

y = vetores de registros de tempo (s);

$\beta$  = vetor de efeitos fixos idade, sexo, posição de largada e páreo, associados aos registros em  $y$  por  $X$ ;

$a$  = vetor dos efeitos genéticos aditivos associados aos registros de  $y$  por  $Z$ ;

$p$  = vetor dos efeitos de ambiente permanente associados aos registros de  $y$  por  $Z$ ;

$X$  e  $Z$  = matrizes de incidências relacionando um particular registro a um determinado animal;

$e$  = vetor de efeitos residuais

Inferências a respeito da dispersão dos parâmetros foram efetuadas a partir das distribuições “a posteriori” obtidas via amostrador de Gibbs. O número de amostras a serem descartadas, o “burn-in”, utilizado foi de 10.000 ciclos, o intervalo de amostragem foi de 50.

A convergência, bem como o número total de amostras efetivas foram determinados pelo Programa Gibanal (VAN KAAM, 1998), após 200.000 de ciclos.

Para as (co)variâncias genética aditiva, ambiente permanente e residual foram utilizadas “priors” não informativas (“Flat”).

#### *Herdabilidades e Repetibilidades para tempo*

As herdabilidades foram estimadas pela divisão das estimativas das variâncias genéticas aditivas pelas estimativas das variâncias fenotípicas e as repetibilidades foram estimadas pela divisão da soma das estimativas das variâncias genéticas aditivas e de ambiente permanente, pelas estimativas das variâncias fenotípicas.

#### *Análise do caráter colocação final*

Os componentes de (co)variância necessários para a obtenção dos parâmetros genéticos, sob abordagem bayesiana, foram estimados por meio do modelo Thurstoniano (GIANOLA e SIMIANER, 2006), cujas análises foram realizadas no programa TMCLA (RICARD e LEGARRA, 2010), a partir das

colocações finais dos animais em cada páreo. O programa TMCLA é uma modificação do programa TM (2007).

O modelo usado para analisar estes resultados inclui uma variável subjacente responsável pela colocação. Sendo  $y_k$  o vetor de colocação final na corrida  $k$  e  $y$  o vetor do dado completo, todas as colocações em todas as corridas  $y = (y'_1, \dots, y'_m)$ , com  $m$  sendo o número total de provas. Ao modelo animal clássico, somou-se uma variável latente subjacente  $l$  responsável pelas colocações, este abaixo representado:

$$l_{ik} = x'_{ik}\beta + z'_{ik}a + z'_{ik}p + w'_{ik}h + e_{ik}$$

em que:

$i$  é o cavalo,

$\beta$  são os efeitos fixos,

$a$  é o vetor de efeitos genéticos aditivos aleatórios,

$p$  é o vetor de efeitos ambientais permanentes aleatórios (comum ao mesmo cavalo em diferentes eventos),

$h$  é o vetor de efeitos de evento aleatório,

$e$  é o vetor de efeitos residuais e

$x_{ik}, z_{ik}, w_{ik}$  são as matrizes de incidência.

Nota-se que, a variável latente subjacente é a média da colocação do animal  $i$  na corrida  $k$  somado ao erro relacionado ao mesmo animal e essa mesma corrida :

$$l_{ik} = \mu_{ik} + e_{ik}.$$

Para a validação do modelo apresentado não foi feita distinção entre os efeitos genéticos aditivos e de ambiente permanente, pois todas as fórmulas utilizadas no trabalho foram derivadas do modelo completo, mostrando que não houve influência na distribuição dos efeitos genéticos e de ambiente permanente na probabilidade da colocação final em um evento. Concomitantemente, os efeitos residuais foram determinados com distribuição normal e variância igual a 1.

Na Tabela 2 são apresentadas as frequências das colocações finais para cada distância estudada. Por exigência do programa TMCLA, dados de corridas com apenas um animal foram excluídos. Por isso, a quantidade de primeiros colocados é sempre igual a de segundos colocados. Essa exigência justifica-se pois a comparação entre os animais ocorre dentro do seu grupo de contemporâneo, nesse caso, o páreo.

Tabela 2. Número de observações de cada colocação final, de acordo com as distâncias.

<i>Colocação final</i>	<i>Distâncias (m)</i>			
	<i>1.000</i>	<i>1.300</i>	<i>1.600</i>	<i>2.000</i>
1°.	6770	15233	12165	3105
2°.	6770	15233	12165	3105
3°.	6751	15180	12111	3082
4°.	6673	14923	11870	2977
5°.	6412	14019	11092	2678
6°.	5775	12077	9443	2163
7°.	4678	9289	7212	1536
8°.	3408	6399	4936	1030
9°.	2281	3937	3122	676
10°.	1424	2287	1768	433
11°.	844	1178	938	282
12°.	459	525	439	193
13°.	231	202	176	120
14°.	83	63	59	71
15°.	27	11	24	48
16°.	8	3	14	37
17°.	4	1	4	25
18°.	1	0	1	14
19°.	1	0	0	2
20°.	1	0	0	0
<b>TOTAL</b>	<b>52.601</b>	<b>110.560</b>	<b>87.539</b>	<b>21.577</b>

### *Herdabilidades e Repetibilidades para colocação final*

As herdabilidades para colocação final foram estimadas pelo próprio programa TMCLA. A convergência, bem como o número total de amostras efetivas foram determinados pelo Programa Gibanal (VAN KAAM, 1998), após 700.000 iterações, “burn-in” de 1.000 e com intervalo amostral de 100 iterações.

A fim de incluir o nível de dificuldade da cada páreo no modelo de avaliação da colocação final, diferentes pesos foram atribuídos às corridas dependendo da idade dos animais competidores, sexo, número de vitórias anteriores, hipódromo onde foi realizado o páreo e tipo de páreo.

## **Resultados e Discussão**

### *Medidas descritivas*

As informações acerca dos números de páreos, de observações por sexo e a média de animais por páreo para tempo, de acordo com a distância, são apresentadas na Tabela 3. Observa-se que a média de animais por páreo permaneceu próxima a 7 e com o aumento da distância, a participação das fêmeas tende a diminuir, sendo superior apenas aos 1.000 metros.

Tabela 3. Números de páreos, números de observações (tempo) por sexo, média de animais por páreo, para as distâncias estudadas.

<i>Distâncias (m)</i>	<i>Nº de Páreos</i>	<i>Nº de observações</i>		<i>Média animais/ páreo</i>
		<i>Machos</i>	<i>Fêmeas</i>	
1000	6.793	23.915	28.847	7,76
1300	15.282	63.270	47.606	7,25
1600	9.133	46.523	20.002	7,28
2000	3.108	14.051	7.540	6,95

Nos páreos com distância de 1.300 metros há maior número de observações, como mostra a Tabela 4. Isso ocorre porque muitos criadores, a

partir dos resultados dos seus animais obtidos nessa distância, decidem se eles participarão ou não de páreos mais longos.

Tabela 4. Números de observações, média, mediana, moda, máxima, mínima e coeficiente de variação (CV) dos tempos, para as distâncias estudadas.

Distância	Número de observações	Média (s)	Mediana (s)	Moda (s)	Máxima (s)	Mínima (s)	CV (%)
1000	52.762	58,935	58,600	57,900	71,900	53,700	3,653
1300	110.876	81,764	81,600	80,800	92,800	74,200	3,378
1600	66.525	100,208	99,800	97,600	112,100	91,900	3,336
2000	21.591	125,837	125,200	124,000	137,000	116,300	2,912

#### *Parâmetros Genéticos para Tempo*

O “burn-in”, ou seja, o descarte inicial utilizado pelo programa Gibanal, nas amostras das cadeias geradas pelo programa Gibbs2F90, utilizando o amostrador de Gibbs, foi suficiente para a convergência dos dados.

Na Tabela 5 são apresentados os componentes de variância para o caráter tempo, em segundos, para as distâncias avaliadas.

Tabela 5. Valores médios das variâncias aditivas ( $\sigma^2_a$ ), ambiente permanente ( $\sigma^2_{ep}$ ), residual ( $\sigma^2_r$ ), fenotípica ( $\sigma^2_p$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e repetibilidade ( $t$ ), com seus respectivos desvios-padrão entre parênteses, estimados para tempo, nas distâncias estudadas.

Distância	$\sigma^2_a$	$\sigma^2_{ep}$	$\sigma^2_r$	$\sigma^2_p$	$h^2$	$t$
1000	0,5750 (0,032)	0,5627 (0,032)	0,7084 (0,032)	1,8464 (0,032)	0,3124 (0,032)	0,6162 (0,006)
1300	0,3745 (0,025)	0,4046 (0,021)	1,5580 (0,008)	2,3384 (0,016)	0,1610 (0,010)	0,3334 (0,006)
1600	0,2278 (0,026)	0,4265 (0,026)	1,9691 (0,014)	2,6219 (0,020)	0,0866 (0,010)	0,2489 (0,007)
2000	0,1301 (0,035)	0,5259 (0,047)	2,2938 (0,031)	2,9547 (0,035)	0,0452 (0,013)	0,2231 (0,012)

Os resultados apresentados na Tabela 5 indicam clara tendência da variância genética aditiva diminuir à medida em que a distância da corrida aumenta, concordando com os relatos de MOTA et al. (2005) e MOTA (2006) no Brasil e EKIZ et al. (2005) em PSI estrangeiros. Isso é explicado em razão de normalmente os animais começarem a correr distâncias mais curtas e, dependendo do desempenho, passarem a disputar páreos mais longos. Assim, de certa forma há pré-seleção quando as distâncias são mais elevadas.

Variâncias de ambiente permanente foram mais elevadas nas distâncias extremas de 1000 e 2000 metros, sendo a mais baixa aos 1200 m, como mostra a Tabela 5. As variâncias genética aditiva e de ambiente permanente são bastante próximas para 1000m e as mais altas em relação as demais variâncias, ao passo que as residual e fenotípica as mais baixas, resultando na maior estimativa de herdabilidade para tempo entre as distâncias estudadas.

Assim, dentro da amplitude de distâncias estudadas, a estimativa de herdabilidade para tempo em 1000 metros é sete vezes maior que os valores encontrados para o dobro da distância, indicando a dificuldade em se selecionar diretamente caracteres ligados a tempo em páreos de maior distância. A influência de efeitos não genéticos aumentam proporcionalmente mais em corridas mais longas de PSI.

As herdabilidades estimadas para tempo apresentadas na Tabela 5 diferem dos valores encontrados por EKIZ e KOCAK (2007), que apresentaram valores muito superiores variando de 0,35 a 0,22, entre as distâncias de 1200 a 2000 m.

Da mesma forma, as estimativas de repetibilidade para tempo (Tabela 5) diminuíram a medida que a distância da corrida aumentou, indicando que o descarte dos animais é mais difícil em distâncias mais longas. Esses resultados diferem dos encontrados por EKIZ e KOCAK (2007), os quais analisando cavalos PSI entre 1200 e 2000 m, relataram maior estabilidade das estimativas de repetibilidade (0,36-0,40), excetuando-se 1200 m, valores superiores aos estimados no presente trabalho.



A diferença entre os dois parâmetros ( $h^2$  e  $t$ ) reflete a magnitude dos efeitos genéticos não aditivos e de ambiente permanente (influências do criador, injúrias, condição nutricional do animal nas fases iniciais da vida), os quais variaram de 0,16 (1300 m) a 0,30 (1000 m), com média de 0,20.

Excetuando-se 2000 m, distância não considerada por MOTA et al. (2005) e MOTA (2006), a tendência dos caracteres estudados mostrou variâncias relativamente mais elevadas, embora as estimativas de herdabilidade e repetibilidade tenham sido relativamente próximas, quando comparadas com estimativas da tabela 5 e os valores encontrados pelo autor.

#### *Estimativas de herdabilidade para colocação final*

Na Tabela 6 são apresentadas as variâncias genéticas aditivas para o caráter colocação final. Pode-se notar a tendência de diminuição da variância a medida que aumenta a distância dos páreos, tendência essa também observada para o caráter tempo.

O mesmo pode ser observado quanto às herdabilidades, que variaram de 0,57 a 0,21 e de acordo com o incremento na distância.

Tabela 6. Valores médios das variâncias genéticas aditivas ( $\sigma^2_a$ ), variâncias residuais ( $\sigma^2_r$ ) e herdabilidades ( $h^2$ ) com seus respectivos desvios-padrão entre parênteses, estimados para colocação final, nas distâncias estudadas.

<i>Distância</i>	$\sigma^2_a$	$\sigma^2_r$	$h^2$
1000	1,3213 (0,045)	1 (0)	0,57 (0,008)
1300	0,4112 (0,013)	1 (0)	0,29 (0,007)
1600	0,3407 (0,015)	1 (0)	0,25 (0,008)
2000	0,2585 (0,023)	1 (0)	0,21 (0,014)

Os valores de herdabilidade para colocação final são maiores que os apresentados na literatura. Em estudo com PSI no Irã, as herdabilidades variaram entre 0,17 (1.000m) e 0,11 (+ 1.600m), sendo de 0,15 para o banco de dados geral (BAKHTIARI e KASHAN, 2009). Em PSI na Espanha, as herdabilidades

variaram de 0,10 a 0,07 de acordo com o modelo utilizado (CHICO, 94). Com PSI na Polônia, as herdabilidades variaram de 0,16 (1.000m) e 0,06 (> 1.800m), e de 0,08 (1.800m) a 0,02 (1.400m) em cavalos Árabes (SOBCZYNSKA, 2006). Em 2002, com animais Quarto de Milha, a herdabilidade estimada foi 0,13, com repetibilidade = 0,44 (VILLELA et al.,2002), valor semelhante ao estimado em 2003, com cavalos árabes, que foi de 0,12, para colocação final (BELHAJYAHIA et al, 2003). A tendência de diminuição da herdabilidade ao passo que a distância do páreo fica maior, é clara e corrobora com a tendência dos dados de diversos pesquisadores.

### **Conclusões**

Em distâncias mais curtas, a seleção tanto para tempo, quanto para colocação final é mais eficiente em corridas de PSI no Brasil, pois apresentam maior variância genética aditiva e maior herdabilidade. Além disso, as herdabilidades estimadas indicam ser viável a incorporação do caráter colocação final em programas de seleção de PSI de corrida no Brasil.

### **Referências**

- BAKHTIARI, J., KASHAN, N. E. J. Estimation of genetic parameters of Racing performance in Iranian Thoroughbred horses. **Livestock Science**. v. 120, p. 151-157, 2009.
- BELHAJYAHIA, T., BLOUIN, C., LANGLOIS, B., HARZALLA, H. Breeding evaluation of Arab horses from their Racing results in Tunisia by a BLUP with an animal model. **Animal Research**. v.52, p. 481-488, 2003.
- CHICO, M.D. Genetic analysis of Thoroughbred racing performance in Spain. **Annuaire de Zootechnie**. v. 43, p. 393-397, 1994.

EKIZ, B., KOCAK, O. Estimates of genetic parameters for racing times of Thoroughbred horses. **Turkish Journal Veterinary and Animal Sciences** v.31, p. 1-5, 2007.

EKIZ, B., KOCAK, O., YILMAZ, A. Phenotypic and genetic parameter estimates for racing traits of Thoroughbred horses in Turkey. **Archiv Tierzucht Dummerorf** v.48, p. 121-129, 2005.

GIANOLA, D., SIMIANER, H. A thurstonian model for quantitative genetic analysis of ranks: A Bayesian approach. **Genetics**, v.174, p.1613-1624, 2006.

KAAM, J. B. C. H. M. van. GIBANAL: analyzing program for Markov Chain Monte Carlo sequences. Wageningen: Dep. of Animal Sciences - Agricultural University, (Version 2.3) 1997 . Disponível em:

[www.student.Wau.nl/~janthijs/breedingsite/edagibanal.html](http://www.student.Wau.nl/~janthijs/breedingsite/edagibanal.html). 1998

MISZTAL, I. 2007. Disponível em:

<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>

MOTA, M. D. S. Genetic correlation between performances at different racing distances in Thoroughbreds. **Livestock Science**, v.104, p. 227-232, 2006.

MOTA, M. D. S.; ABRAHAO, A. R.; OLIVEIRA, H. N. Genetic and environmental parameters for racing time at different distances in Brazilian Thoroughbreds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p. 393-399, 2005.

OJALA, M. J.; VAN VLECK, L. D. Measures of racetrack performance with regard to breeding evaluation of trotters. **Journal of Animal Science**, v.53, p. 611-619, 1981.

RICARD, A. LEGARRA, A. Validation of models for analysis of ranks in horse breeding evaluation. **Genetics Selection Evolution**. v.42:3, 2010. Disponível em: <http://www.gsejournal.org/content/42/1/3>.

SAS - **Statistical Analysis System**. SAS/STAR user's guide, Cary,NC:SAS Institute ,2005,vol.1-3

SOBCZYNSKA, M. Genetic correlations between racing performance at different racing distances in Thoroughbreds and Arab horses. **Czech Journal of Animal Science**, v.51, p. 523–528, 2006.

SOBCZYNSKA, M.; LUKASZEWICZ, M. Genetic parameters of racing merit of Thoroughbred horses in Poland. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.121, p. 302-306, 2004.

TAVERNIER, A. Genetic evaluation of horses based on ranks in competitions. **Genetics Selection Evolution**, v.23, p.159-173, 1991.

TM Threshold Model, 2010. [<http://cat.toulouse.inra.fr/~{alegarra}>]

VILLELA, L. C. V., MOTA, M. D. S., OLIVEIRA, H. N. Genetic parameters of racing performance traits of Quarter horses in Brazil. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 119, p.229–234, 2002.

WILLIAMSON, S. A.; BEILHARZ, R. G., Heritabilities of racing performance in Thoroughbreds: a study of Australian data. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.113, p. 505-524, 1996.

WILLIAMSON, S. A.; BEILHARZ, R. G. The inheritance of speed, stamina and other racing performance characteristics in the Australian Thoroughbred. **Journal of Animal Breeding**, v. 115, p. 1-16, 1998.

## CAPÍTULO 3

## **Estimativas de correlações genéticas para tempo em diferentes distâncias de corridas de cavalos Puro Sangue Inglês**

### **Resumo**

O objetivo desse estudo foi estimar correlações genéticas para tempo em diferentes distâncias de corridas de cavalos Puro Sangue Inglês ocorridas no Brasil entre 1992 e 2011. Os dados foram fornecidos pela empresa Turf Total Ltda e consistiram 251.754 registros de tempo final em corridas de 6 hipódromos no país, avaliadas em análise multicaracterística com abordagem Bayesiana, para as distâncias 1.000, 1.300, 1.600 e 2.000 metros. Idade, sexo, posição de largada e páreo foram considerados efeitos fixos no modelo utilizado. As estimativas de herdabilidade para tempo variaram entre 0,34 e 0,15 com repetibilidade entre 0,63 e 0,36 para as distâncias estudadas. A seleção para tempo mostrou-se mais eficiente em distâncias menores, onde as herdabilidades e repetibilidades foram maiores. As estimativas de correlações genéticas, todas foram positivas e variaram de 0,47 a 0,97 .

**Palavras-chave:** equinos, amostrador de gibbs, tempo final

## **Estimation of genetic correlations between racing times at different distances in Thoroughbred horses**

### **Abstract**

The objective of this study was to estimate genetic correlations between racing times recorded at different distances in Thoroughbred horses participating in races in Brazil between 1992 and 2011. Data were obtained from the company Turf Total Ltda. and consisted of 251,754 records of final race time in competitions that occurred on six race tracks in the country. The data were evaluated by multi-trait analysis using a Bayesian approach for distances of 1,000, 1,300, 1,600 and 2,000 m. Age, sex, post-position and race were included in the model as fixed effects. The heritability estimates for racing time ranged from 0.34 to 0.15, with repeatabilities of 0.63 to 0.36 at the distances studied. Selection for racing time was found to be more efficient at shorter distances when heritabilities and repeatabilities were higher. The genetic correlations were all positive and ranged from 0.47 to 0.97.

**Keywords:** equine, gibbs samples, final time

## **Introdução**

Os programas de melhoramento genético normalmente não envolvem a seleção para apenas uma característica, uma vez que o valor econômico dos animais é influenciado por um conjunto delas. Assim, em qualquer esquema eficiente para a seleção em mais de uma característica é necessário o conhecimento de como os caracteres considerados estão associados.

Nesse sentido, em equinos de corrida da raça Puro Sangue Inglês os animais geralmente competem em diferentes distâncias, de modo que seus desempenhos podem ser considerados caracteres distintos, dependendo da distância que percorram (OKI et al., 1995).

Considerando-se que no Brasil os animais iniciam carreira competindo em distâncias mais curtas, e que os criadores desejam cavalos com bom desempenho em mais de uma delas, o conhecimento das relações entre diferentes distâncias tem papel fundamental para monitorar a magnitude das alterações correlacionadas que ocorrem durante o processo de seleção (MOTA, 2006).

Nesse contexto, o presente trabalho objetivou estimar correlações genéticas para tempo em diferentes distâncias de corridas de cavalos Puro Sangue Inglês.

## **Material e métodos**

Os dados utilizados foram fornecidos pela empresa Turf Total Ltda, empresa privada que compila os resultados dos páreos no País. As corridas ocorreram em seis hipódromos, Gávea (RJ), Campos (RJ), Cidade Jardim (SP), São Vicente (SP), Tarumã (PR) e Cristal (RS) no período de 01/07/1992 a 06/03/2011.

As características avaliadas foram os tempos finais em segundos em para as distâncias de 1.000, 1.300, 1.600 e 2.000 metros, num total 34.316 corridas e 251.754 registros analisados.



Para a montagem dos arquivos, consistência dos dados, análise descritiva e estudo dos fatores ambientais para a característica tempo, utilizou-se o programa estatístico SAS (2005).

Os componentes de (co)variância necessários para a obtenção das correlações genéticas foram estimados pelo programa Gibbs2f90 (MISZTAL,2007), sob modelo animal. O modelo utilizado é similar ao utilizado por MOTA et al (2005) e pode ser apresentado na forma matricial da seguinte maneira:

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

em que:

y = vetores de registros de tempo (s);

$\beta$  = vetor de efeitos fixos idade, sexo, posição de largada e páreo, associados aos registros em y por X;

a = vetor dos efeitos genéticos aditivos associados aos registros de y por Z;

p = vetor dos efeitos de ambiente permanente associados aos registros de y por Z;

X e Z = matrizes de incidências dos efeitos fixos e aleatórios;

e = vetor de efeitos residuais

Inferências a respeito da dispersão dos parâmetros foram efetuadas a partir das distribuições “a posteriori” obtidas via Amostrador de Gibbs. O número de amostras iniciais a serem descartadas, também chamado de “burn-in”, utilizado foi de 50.000 ciclos e o intervalo de amostral foi de 50.

A convergência, bem como o número total de amostras efetivas foram determinados pelo Programa Gibanal (VAN KAAM, 1998), após 1.000.000 de ciclos. Para as (co)variâncias genética aditiva, ambiente permanente e residual foram utilizadas “priors” não informativas (“Flat”).

### *Correlações Genéticas*

As correlações genéticas foram estimadas utilizando a seguinte equação:

$$r_{12} = \frac{\sigma_{12}}{\sqrt{\sigma_1^2 \times \sigma_2^2}}$$

Em que:

$r_{12}$  é a correlação genética entre 2 características;

$\sigma_{12}$  é o componente de covariância genética aditiva entre duas características;

$\sigma_1^2$  e  $\sigma_2^2$  são os componentes de variância genética aditiva de duas características.

#### *Taxa de eficiência relativa de seleção*

A fim de determinar se a seleção indireta é mais eficiente que a seleção direta e quantificá-la, para as distâncias estudadas, foi utilizada a equação descrita por MOTA (2006) , adaptada de VAN VLECK et al. (1987):

$$\frac{RC_{1(2)}}{RD_1} = \left[ r_{A1:A2} \cdot \frac{\sqrt{h_2^2}}{\sqrt{h_1^2}} - 1 \right] \times 100$$

em que :

$RC_{1(2)}$  é a resposta correlacionada da característica 1 quando selecionada para a característica 2;

$RD_1$  é a resposta direta da característica 1;

$r_{A1:A2}$  é a correlação genética entre duas características;

$h_2^2$  é a herdabilidade da característica 2;

$h_1^2$  é a herdabilidade da característica 1.

## Resultados e discussão

A análise descritiva dos dados pode ser vista na Tabela 1, onde observa-se que, com o aumento da distância, a participação das fêmeas tende a diminuir, sendo superior apenas aos 1.000 metros.

Tabela 1. Números de páreos, porcentagem de observações por sexo, média de animais por páreo, para as distâncias descritas.

<i>Distância (m)</i>	<i>Nº de Páreos</i>	<i>% de observações</i>		<i>Média animais/ páreo</i>
		<i>Machos</i>	<i>Fêmeas</i>	
1000	6.793	45,3%	54,7%	7,76
1300	15.282	57,1%	42,9%	7,25
1600	9.133	69,9%	30,1%	7,28
2000	3.108	65,1%	34,9%	6,95

As estimativas médias das variâncias, herdabilidade e repetibilidade encontram-se na Tabela 2, onde nota-se clara tendência de diminuição destes dois últimos parâmetros genéticos a medida de a distância do páreo aumenta. Essa tendência, para herdabilidade, também foi observada por BUTTRAM et al. (1988), OKI et al. (1995), WILLIAMSON e BEILHARZ (1998) e MOTA (2006), indicando que a seleção baseada no tempo em corridas torna-se menos efetiva a medida que a distância aumenta. Com efeito, com o crescimento da distância, mais efeitos, provavelmente ambientais, influenciam o desempenho (OKI et al, 1995). Por exemplo, em corridas mais longas os jóqueis dos animais que estão na frente ditam o passo da corrida e, portanto, contribuem (mesmo que indiretamente) para aumentar a influência ambiental, diminuindo as estimativas de herdabilidade, que variaram de 0,15 (2.000 m) a 0,34 (1.000 m).

Além disso, o fato de os cavalos normalmente começarem a correr distâncias mais curtas, e dependendo do desempenho favorável, passarem a disputar páreos mais longos pode acentuar este declínio, em razão da pré-seleção ocorrida em distâncias menores (MOTA et al., 2005).

Tabela 2. Valores médios das variâncias aditivas ( $\sigma^2_a$ ), ambiente permanente ( $\sigma^2_{ep}$ ), residual ( $\sigma^2_r$ ), fenotípica ( $\sigma^2_p$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e repetibilidade ( $t$ ) com seus respectivos desvios-padrão entre parênteses, estimados para tempo nas distâncias estudadas.

<i>Distância (m)</i>	$\sigma^2_a$	$\sigma^2_{ep}$	$\sigma^2_r$	$\sigma^2_p$	$h^2$	$t$
1000	0,6631	0,5637	0,6971	1,9234	0,34 (0,015)	0,63 (0,005)
1300	0,5378	0,5028	1,5072	2,5488	0,21 (0,010)	0,40 (0,005)
1600	0,4903	0,5845	1,8797	2,9551	0,16 (0,009)	0,36 (0,007)
2000	0,5432	0,6735	2,1544	3,3637	0,15 (0,018)	0,36 (0,011)

As repetibilidades variaram entre 0,36 (1.600 e 2.000 m) e 0,63 (1.000 m), valores inferiores aos encontrados por OKI et al. (1995), que se situaram entre 0,50 (1.400 m) e 0,70 (1.000 m), em distâncias entre 1.000 e 1.600 metros e MOTA et al (2005), os quais relataram estimativas entre 0,19 (1.600 m) e 0,63 (1.600 m) estudando PSI no Brasil.

As estimativas de repetibilidade encontradas no presente trabalho indicam que descartes mais precoces de cavalos com desempenho inferior em tempo de corrida podem ser realizados em páreos com distâncias mais curtas.

### *Correlações genéticas*

As correlações genéticas variaram de moderada (0,47 entre 1.000 e 2.000 metros) a alta (0,97 entre 1.300 e 1.600 metros), evidenciando que a seleção aplicada ao tempo em uma destas distâncias deve provocar respostas correlacionadas (em maior ou menor intensidade) favoráveis nas demais (Tabela 3). Além disso, observou-se correlações genéticas menores à medida que a diferença entre as distâncias consideradas crescia. Tendência semelhante foi constatada por OKI et al. (1997) em Puro Sangue Inglês no Japão. Assim, existem efeitos maiores de genes atuando conjuntamente nas distâncias de 1.300 e 1.600 m, do que entre 1.000 e 2.000 metros.

Tabela 3. Estimativas de correlações genéticas aditivas com seus respectivos desvios-padrão entre parênteses, para tempo em diferentes distâncias para PSI.

Distância	1000	1300	1600
1000			
1300	0,8139 (0,020)		
1600	0,7186 (0,030)	0,9755 (0,006)	
2000	0,4762 (0,065)	0,7506 (0,041)	0,8686 (0,025)

#### *Taxa de eficiência relativa de seleção*

Para corridas de 1000 metros constatou-se que a seleção aplicada ao tempo nesta distância promoveria ganhos genéticos por seleção indireta (correlacionado), em 1.300 e 1.600 metros superiores àqueles que se obteria por seleção direta (4,4% e 4,7%, respectivamente). Da mesma forma, a seleção para tempo nesta última distância seria 11,69% mais eficiente se feita de modo indireto a partir dos 1.300 metros.

Por outro lado, para distância de 2000 m sempre é mais eficiente selecioná-la para tempo de maneira direta, embora isso não seja recomendável em função da sua baixa herdabilidade.

#### **Conclusões**

A seleção para tempo em cavalos PSI mostrou-se mais eficiente em distâncias menores, onde as herdabilidades foram maiores, em especial 1.000 metros. Nas respostas correlacionadas, a mesma distância de 1.000 metros também mostrou-se eficiente, apresentando ganhos genéticos superiores aos apresentados para seleção direta para tempo em 1.300 e 1.600 metros.

## Referências

BUTTRAM, S. T., WILSON, D. E., WILHAM, R. L. Genetics of racing performance in the American Quarter horse: III Estimation of variance components. **Journal of Animal Science**, v. 66, p.2808–2816, 1988.

KAAM, J. B. C. H. M. van. GIBANAL: analyzing program for Markov Chain Monte Carlo sequences. Wageningen: Dep. of Animal Sciences - Agricultural University, (Version 2.3) 1997 . Disponível em:  
[www.student.Wau.nl/~janthijs/breedingsite/edagibanal.html](http://www.student.Wau.nl/~janthijs/breedingsite/edagibanal.html). 1998

MISZTAL, I. 2007. Disponível em:  
<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>

MOTA, M. D. S. Genetic correlation between performances at different racing distances in Thoroughbreds. **Livestock Science**, v.104, p. 227-232, 2006.

MOTA, M. D. S., ABRAHAO, A. R., OLIVEIRA, H. N. Genetic and environmental parameters for racing time at different distances in Brazilian Thoroughbreds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p. 393-399, 2005.

OKI, H., SASAKI, Y., WILHAM, R.L. Genetic parameter estimates for racing time by restricted maximum likelihood in the Thoroughbred horse of Japan. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.112, p.146-150, 1995.

OKI, H., SASAKI, Y., WILHAM, R. L. Estimation of the genetic correlations between racing times recorded at different racing distance by restricted maximum likelihood in Thoroughbred racehorses. **Journal of Animal Breeding and Genetics** v.114, p.185–189, 1997.

SAS - **Statistical Analysis System**. SAS/STAR user's guide, Cary, NC: SAS Institute, 2005, vol. 1-3.

VAN VLECK, L. D., POLLAK, J., OLTENACU, E. A. B. **Genetics for the Animal Sciences**. W.H. Freeman and Company, New York, 1987.

WILLIAMSON, S. A., BEILHARZ, R. G. The inheritance of speed, stamina and other racing performance characteristics in the Australian Thoroughbred. **Journal of Animal Breeding**, v.115, p. 1-16, 1998.