

LUIZ ANTONIO JOSAHKIAN

**VALIDAÇÃO DAS PREDIÇÕES GENÉTICAS E INVESTIGAÇÃO DA
ASSOCIAÇÃO ENTRE DIFERENTES DEFINIÇÕES DE *STAYABILITY* NA RAÇA
NELORE**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2019

Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade Federal de Viçosa – Campus Viçosa

T

J83v
2019
Josahkian, Luiz Antonio, 1960-
Validação das predições genéticas e investigação da associação entre diferentes definições de stayability na raça Nelore / Luiz Antonio Josahkian. - Viçosa, MG, 2019.
vii, 29 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Henrique Torres Ventura.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f. 27-29.

1. Nelore (Bovino) - Genética. 2. Nelore (Bovino) - Reprodução.
3. Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Zootecnia. Mestrado Profissionalizante em Zootecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 636.20821

LUIZ ANTONIO JOSAHKIAN

VALIDAÇÃO DAS PREDIÇÕES GENÉTICAS E INVESTIGAÇÃO DA ASSOCIAÇÃO ENTRE DIFERENTES DEFINIÇÕES DE *STAYABILITY* NA RAÇA NELORE.

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

APROVADA: 28 de fevereiro de 2019.

Paulo Sávio Lopes

Moisés Nascimento

Henrique Torres Ventura
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

À minha esposa, Márcia Alves Josahkian, e aos meus dois filhos, Juliana Josahkian e Fernando Josahkian, por existirem na minha vida. Aos meus pais, pelos exemplos de honestidade e humildade. Aos meus irmãos e suas famílias estendidas, pelo apoio e compreensão de sempre.

À Diretoria da ABCZ, pelo apoio financeiro e, principalmente, por acreditar que investir na capacitação e aperfeiçoamento da sua equipe vale a pena.

Ao Prof. Dr. Fabyano Fonseca e Silva, pelo grande ser humano que é, sempre disposto a ajudar e estimular a todos de forma incondicional. Ao Prof. Dr. Paulo Sávio Lopes, um referencial no melhoramento genético animal, pela honra em ter aceitado ser membro de minha banca avaliadora. Ao Prof. Dr. Moysés Nascimento, meus sinceros agradecimentos pela atenção e pelas orientações recebidas.

A todos os professores do curso, que se desdobraram para compactar meses de conhecimento em poucas e riquíssimas aulas.

Ao Dr. Luiz Otávio Campos Silva, por estimular a pesquisa de novas alternativas da característica *stayability* e, especialmente, pela sincera amizade de décadas.

Aos amigos, companheiros de estudos, Adriano Garcia, Eric Luis Marques da Costa, Fábio Eduardo Ferreira e Roberto Winkler, pelo convívio saudável e alegre que amenizou o nosso desafio nessa etapa da vida, em especial à Gleida Marques, pelo companheirismo e amizade. Sua competência e vigilância a todos os detalhes nunca nos deixa à deriva.

À Jackeline Viegas, nossa companhia essencial e a melhor motorista que alguém pode querer quando se tem alguns milhares de quilômetros pela frente.

Ao Dr. Henrique Torres Ventura, meu muito mais que orientador: um amigo paciente, sempre disposto a mostrar todas as possibilidades e caminhos com competência e humildade, atitudes sem as quais esse trabalho não teria sido possível.

SUMÁRIO

RESUMO	iv
ABSTRACT	vi
1. INTRODUÇÃO	1
2. MATERIAL E MÉTODOS	7
3. RESULTADOS	12
4. DISCUSSÃO	22
5. CONCLUSÃO	26
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	27

RESUMO

JOSAHKIAN, Luiz Antonio, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2019. **Validação das Predições Genéticas e Investigação da Associação Entre Diferentes Definições de Stayability na Raça Nelore.** Orientador: Henrique Torres Ventura. Coorientador: Fabyano Fonseca e Silva.

Este estudo objetivou validar as predições genéticas e investigar a possível associação entre duas diferentes definições de *stayability* na raça Nelore utilizando dados reprodutivos e de genealogia disponibilizados pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). Foram estudadas as seguintes definições de *stayability*: STAY_3_76, com sucesso (1) para vacas com pelo menos 3 partos até 76 meses e STAY_2_52, com sucesso (1) para vacas com pelo menos 2 partos até os 52 meses. O arquivo de fenótipos foi dividido em duas partes, sendo a primeira contendo vacas nascidas até 2010 (população de treinamento, n=748.546 para STAY_3_76 e n=689.080 para STAY_2_52) e a segunda contendo vacas nascidas em 2011 (população de validação, n=50.254 para STAY_3_76 e n=51.765 para STAY_2_52). O arquivo de genealogia incluiu 12.129.928 animais. Foram conduzidas: i) análises genéticas com a genealogia completa da raça Nelore e os fenótipos da população de treinamento; e, ii) análises de regressão logística com os fenótipos e valores genéticos obtidos unicamente com informações de genealogia da população de validação. Além disso, foram realizadas análises de dispersão do percentual médio de sucesso (STAY_2_52 e STAY_3_76) em função dos valores genéticos preditos na população de validação. Investigou-se a relação dos valores genéticos preditos (VG) unicamente com informações de genealogia e a resposta fenotípica média realizada em ambas as características, assim como a associação entre as predições de valores genéticos da definição STAY_2_52 e a resposta fenotípica média em STAY_3_76. Adicionalmente, foi realizada uma análise genética global a partir da qual os valores genéticos e acurácias de touros foram investigados. Verificou-se um aumento na probabilidade de sucesso em função do aumento dos valores genéticos em STAY_2_52 e em STAY_3_76, com razão de chance para as duas em torno de 0,15. A resposta no percentual de sucesso em STAY_3_76 aumentou em função das classes de

valores genéticos preditos tanto para STAY 2_52 quanto para 3_76, com uma resposta superior para as predições de STAY 3_76 (com valores entre 4% e 7%), notadamente nas classes de maior valor genético. Os resultados obtidos indicam que as características Stay 2_52 e Stay 3_76, preditas unicamente com informações de genealogia, estão associadas, entretanto, o percentual de sucesso fenotípico médio na STAY 3_76 foi discordante, em alguns pontos, quando analisado em função da classe dos valores genéticos preditos de STAY 2_52 ou STAY 3_76. Os valores genéticos para STAY 2_52 e STAY 3_76 dos touros por ano de nascimento apresentaram correlação de 0,69 e as acurácias médias dos touros ao longo dos anos não diferiram consideravelmente (máximo de 2%). Em face dos resultados encontrados neste estudo, sugere-se o uso conjunto da STAY 2_52 e da STAY 3_76.

ABSTRACT

JOSAHKIAN, Luiz Antonio, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2019. **Validation of Genetic Predictions and Research of the Association Among Different Definitions of Stayability in the Nelore Breed.** Adviser: Henrique Torres Ventura. Co-adviser: Fabyano Fonseca e Silva.

The objective of this study was to validate genetic predictions and investigate the possible association between two different definitions of stayability in Nelore breed using reproductive and genealogical data provided by the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ). The following definitions of stayability were studied: STAY_3_76, successful (1) for cows that had at least 3 calves up to 76 months and STAY_2_52, successfully (1) for for cows that had at least 2 calves up to 52 months. The phenotype file was divided into two parts, the first with cows born until 2010 (training population, n = 748,546 for STAY_3_76 e n = 689,080 for STAY_2_52) and the second with cows born in 2011 (validation population, n = 50,254 for STAY_3_76 and n = 51,765 for STAY_2_52). The genealogy file included 12,129,928 animals. Genetic analyzes were conducted with the complete Nelore genealogy and training population phenotypes and logistic regression analyzes with the genetic value phenotypes obtained only with pedigree information from the validation population. In addition, dispersion analyzes of the mean success percentage (STAY_2_52 and STAY_3_76) were performed according to the genetic values predicted in the validation population. The relationship between predicted genetic values (GV) with parental information and the mean phenotypic response in both traits were investigated, as well as the association between the predictions of genetic values of STAY_2_52 and the mean phenotypic response in STAY_3_76. In addition, a global genetic analysis was performed from which the genetic values and accuracy of sires were investigated. There was an increase in the probability of success due to the increase of the genetic values in STAY_2_52 and in STAY_3_76, with odds ratio for both of them around 0.15. The response in the success rate in 3_76 increased as a function of the classes of genetic values predicted for both STAY_2_52 and 3_76, with a higher response for STAY_3_76 predictions (values between 4% and 7%), notably

in the classes with the highest genetic value. The results indicate that the characteristics Stay 2_52 and Stay 3_76, predicted solely with genealogy information, are associated, however, the mean phenotypic success percentage in STAY 3_76 was discordant in some points, when analyzed according to the class of genetic values predicted from STAY 2_52 or STAY 3_76. The genetic values for STAY 2_52 and STAY 3_76 of the sires per year of birth presented a correlation of 0.69 and the mean accuracies of the sires over the years did not differ considerably (maximum of 2%). In view of the results found in this study, it is suggested the joint use of STAY 2_52 and STAY 3_76.

1. INTRODUÇÃO

O rebanho bovino brasileiro atingiu a marca de 218 milhões de cabeças em 2016 (IBGE, 2018), o que representa aproximadamente 22% do efetivo bovino mundial. O Brasil é o segundo maior rebanho bovino do planeta, sendo precedido pela Índia (303 milhões) e seguido pela China (100 milhões) e EUA (98 milhões), segundo dados divulgados pela agência Farmnews (2018). Com uma produção total de carne bovina da ordem de 9,47 milhões de toneladas equivalente carcaça em 2017 (FSA/USDA, 2017), o Brasil tem sido capaz de abastecer todo o mercado interno e ainda gerar excedentes para exportação. Neste cenário, o país assume a segunda posição mundial, sendo ultrapassado apenas pelos EUA, com uma produção de 11,8 milhões de toneladas equivalente carcaça (FSA/USDA, 2017). No mesmo ano, segundo a mesma fonte, o Brasil liderou o mercado mundial de exportação de carne bovina com um total de 1,95 milhão de toneladas equivalente carcaça colocada no mercado internacional.

De acordo com a ABIEC (2016) cerca de 80% do rebanho nacional é composto por animais de raças zebuínas (*Bos taurus indicus*), que são animais de comprovada rusticidade e adaptação ao ambiente predominante no Brasil e, dentre estas raças, destacam a Nelore com 90% desta parcela, o que demonstra a importância desse grupo genético para a produção de carne no país. O sistema de produção de carne bovina no Brasil se caracteriza por apresentar três principais segmentos da população bovina. O primeiro é constituído pelos núcleos de seleção, que aplicam as técnicas de melhoramento genético e são os principais fornecedores de insumos genéticos para os demais estratos da população. O segundo se caracteriza pela função de multiplicar a genética que flui do primeiro estrato e são, por definição, os fornecedores do produto que será utilizado pelo terceiro e último segmento que conforma o grande rebanho comercial. Nesses três segmentos, a unidade de trabalho mais expressiva, onde incidem as principais ações, sejam elas para seleção ou como unidade comercial, são os bezerros na fase de desmama. O fluxo do melhoramento genético, de forma geral, se dá no sentido dos núcleos de

seleção, passando pelos núcleos multiplicadores, até atingir a grande população de rebanhos comerciais, que são os efetivos produtores de carne. Dessa forma, compete aos núcleos de seleção estabelecer objetivos de seleção que sejam alcançáveis e que representem ganhos econômicos ao longo de toda a cadeia produtiva. Neste sentido, uma conexão com a base de produção é vital para que a atividade se torne rentável.

De fato, o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil vem evoluindo significativamente ao longo dos anos, partindo do uso de informações de pedigree e desempenho individual e, de acordo com Euclides Filho (2009), no final da década de 1970 e começo dos anos 1980, iniciaram-se as avaliações entre rebanhos com o método de índices de seleção. A partir de meados da década de 1980 iniciaram-se as avaliações genéticas usando a metodologia de modelos mistos de Henderson (Henderson, 1953), tendo como ponto de partida o modelo de touro, que evoluiu rapidamente para o uso do modelo animal. Essa trajetória é relativamente semelhante à de outros países de pecuária avançada onde predominam as raças taurinas como base da produção de carne. Todos os programas de melhoramento genético em operação no Brasil contemplam características das esferas reprodutivas, maternas, de crescimento e de carcaça, utilizando diferentes critérios de seleção.

A preocupação com critérios de seleção com fundamentação econômica é mais recente e, entre essas abordagens, figuram as pesquisas voltadas para a seleção de aspectos reprodutivos das fêmeas, dada sua importância. Nos rebanhos de cria, o componente representado pelas fêmeas em idade reprodutiva atinge ao redor de 2/3 da população, o que implica dizer que as fêmeas representam o maior custo de manutenção. Ritchie (1995), apud Perotto (2008), demonstra que do total de energia utilizada na produção de gado de corte, 71% são para manutenção dos animais e 70% dessa energia de manutenção é consumida pelo rebanho de cria. Portanto, 50% da energia exigida para a produção de gado de corte são demandados para manutenção das vacas. Se a isto forem acrescentadas as demandas para reprodução e para lactação, tem-se que 60 a 70% de toda a alimentação do sistema são gastos na fase de cria.

Segundo Mwansa et al. (2002) a produtividade das vacas geralmente se refere à medição dos resultados na produção de bezerros desmamados, sendo este aspecto considerado o mais importante no sistema de cria. Contudo, ressaltam os autores, a renda também é derivada do valor residual das vacas de descarte, uma característica composta influenciada por vários componentes subjacentes, incluindo fertilidade, permanência produtiva no rebanho e tamanho adulto. De acordo com Silva et al. (2003), a manutenção das matrizes é um dos principais componentes dos custos de produção da pecuária de corte, sendo tanto mais elevado quanto menores forem às taxas reprodutivas do rebanho. Além disto, os autores consideram que a fertilidade, por determinar a quantidade de animais produzidos para o mercado, pode ser considerada como o fator isolado mais importante na determinação da lucratividade da atividade pecuária. Exatamente pelo seu valor econômico, a habilidade de permanência no rebanho de vacas produtivas tem sido alvo de muitas pesquisas.

Dentre as diferentes abordagens para se avaliar essa condição das vacas, surgiu nos EUA o conceito de *stayability*. *Stayability* é definida como sendo a probabilidade de uma vaca sobreviver a uma idade específica, dada a oportunidade de alcançar essa idade (Hudson and Van Vleck, 1981), conceito reiterado por Teixeira et al (2017), que a consideraram uma característica reprodutiva importante em bovinos de corte, pois está diretamente relacionada à rentabilidade do rebanho. A *stayability* também é referenciada na literatura como habilidade de permanência (HP) no rebanho. Aplicada à seleção em gado de corte, a idade a ser considerada deve representar o tempo necessário para que uma vaca pague seus custos e comece a retornar com lucros para a propriedade. Essa condição foi realçada por Deland e Newman (1991) que argumentam ser a permanência produtiva de vacas no rebanho muito significativa, ressaltando que uma vaca lucrativa é aquela que permanece produzindo além do ponto temporal em que seus custos próprios já foram amortizados, sendo os partos a partir desse momento mais lucrativos. Usualmente tem sido adotado para a raça Nelore no Brasil o critério para se definir a *stayability* como uma característica binária, assumindo valor “1” para fêmeas que apresentem pelo menos três crias até os 76 meses de idade; e o valor “0”, para aquelas que não

tenham esse número de crias até esta idade (Marcondes et al., 2005).

Snelling et al. (1995) estimaram a herdabilidade e a predição de valores genéticos para *stayability* em quatro diferentes condições, sendo estas com dois, cinco, oito e onze partos. Entre os quatro cenários possíveis, consideraram a característica contemplando cinco partos a mais adequada pelo número de partos estar muito próximo para que a vaca já tenha seus custos amortizados, a herdabilidade ser suficientemente alta e a existência de uma possível correlação com comportamento reprodutivo futuro da vaca. Adicionalmente, concluíram que a *stayability* em uma idade específica é uma característica que pode ser muito útil para selecionar touros com maior mérito genético em produzir filhas com bom desempenho até a idade considerada, assim como para selecionar novilhas de reposição. Contudo, os autores destacam que ela não seria indicada para o descarte de vacas vazias, quando então o próprio desempenho do animal deve ser o indicador mais adequado.

Embora a *stayability* seja considerada uma característica de alto impacto econômico na criação, a obtenção dos fenótipos é muito tardia, o que pode prejudicar a taxa de progresso genético médio dos rebanhos, especialmente no momento da seleção de touros quando, em geral, a informação não está disponível. Hudson e Van Vleck (1981) comentam que existem muitos argumentos contra a seleção para longevidade, que incluem a baixa herdabilidade, o aumento do intervalo entre gerações em função do tempo necessário para obtenção do fenótipo e a seleção automática, dado que as vacas longevas contribuem com mais descendentes para as gerações subsequentes do que as de vida produtiva mais curta. Contudo, os autores relatam que os procedimentos adequados para avaliação de touros para esta característica podem reduzir o tempo de espera para obtenção dos fenótipos. Neste sentido, MacNeil (2016) relata que a resposta à seleção para características maternas é potencializada entre 12% a 76% quando se usam preditores genômicos, com os maiores efeitos sobre a *stayability*.

Para Silva (2018), embora as características relativas à reprodução tenham grande importância econômica na produção de carne, os critérios de seleção propostos inicialmente nos programas de melhoramento não as enfatizavam

devidamente. Segundo o mesmo autor, hoje, com fenótipos que permitem discriminar com maior precisão diferenças genéticas para estas características entre os indivíduos e a disponibilidade de estimativas de seus parâmetros genéticos e de suas relações com outras características produtivas, é possível incluí-las nos critérios de seleção, não obstante, ressalta o autor, a herdabilidade da característica seja baixa, variando entre 0,10 e 0,20 e a obtenção dos fenótipos seja tardia e mereça mais estudos. Neste sentido, propõe estudos comparativos entre o conceito em voga de *stayability* (pelo menos três partos até os 76 meses) com a probabilidade de dois partos até os 40 meses para novilhas precoces ou 52 meses para novilhas que parirem até os três anos de idade, ambas sem falharem no segundo parto, relatando que em estudos preliminares do Programa Geneplus sobre a estimativa de correlação genética entre a *stayability* tradicional e a definição de *stayability* proposta foi 0,70.

Martinez et al. (2003) relatam que a longevidade de uma vaca de corte é uma característica complexa que reflete o seu desempenho durante toda a sua permanência no rebanho, sendo determinada pela sua fertilidade, habilidade materna e saúde (capacidade de evitar o seu próprio descarte), afetando a lucratividade geral da atividade pecuária. Os autores ressaltam que um problema em trabalhar com a longevidade é que a longevidade real só pode ser medida depois que as vacas foram abatidas ou morreram, sugerindo o uso de características que se manifestam ao longo da vida de uma vaca como indicadores da longevidade real. Neste sentido, os autores estudaram a correlação genética entre seis idades diferentes para estimar a *stayability*, sendo estas variando de 2 a 6 anos, dado que as vacas tivessem parido pela primeira vez até os 2 anos de idade. Os valores encontrados sugeriram aos autores concluírem que, embora a *stayability* possa ser medida a qualquer momento na vida de uma vaca, tal medida sempre conterà menos informação que a característica que mede toda a vida do animal e que a seleção para esta característica em idade precoce teria impacto limitado na melhoria da *stayability* em idades posteriores. Brigham et al. (2007), estudando as predições de valores genéticos para *stayability* aos 3, 4, 5 e 6 anos em animais das raças Gelbevieh, Simental e Angus, encontraram estimativas de herdabilidades 0,16; 0,17; 0,18 e 0,18

para definições de *stayability* considerando 3, 4, 5 e 6 anos, respectivamente e correlações genéticas de 0,18 a 0,47 entre as DEPs dos touros pais de vacas com fenótipo observado nas idades avaliadas. Os autores, considerando que uma das mais expressivas aplicações da *stayability* seria a seleção de touros pais de novilhas e ainda que a abordagem atual (6 anos com primeiro parto até os dois anos de idade) aumenta o tempo para que se obtenha uma estimativa confiável para os touros, concluíram que o desenvolvimento de um método que combine as informações destas diferentes idades seria desejável porque contribuiria para o aumento da acurácia dos touros e manteria o atual conceito da característica.

Considerando-se a importância das predições de valores genéticos como elementos decisórios de seleção, diversos estudos foram conduzidos para diferentes características por diferentes autores para validação da efetividade das predições genéticas considerando dados de raças taurinas (*Bos taurus taurus*), como pode ser verificado em Diaz et al. (1992), que encontraram correlação de 0,26 entre o valor predito e a real produção de leite de fêmeas F1 Hereford x Angus; em Miller e Wilton (1999) que encontraram correlação genética de 0,76 entre a predição do efeito materno e a produção de leite de vacas de oito raças taurinas; em Minick et al. (2001) que verificaram uma correspondência direta entre a magnitude dos valores preditos (altos e baixos) e os valores reais considerando a performance dos bezeros netos de touros Angus e Hereford; em Thrift e Thrift (2006) que analisaram as diferenças preditas e as reais para várias características de peso, carcaça, maternais e reprodutivas das raças Angus, Polled Hereford, Limousin, Simental, Brangus e Charolês, concluindo que as predições genéticas de touros tendem a se confirmar, salvo as exceções em que as acurácias das predições foram baixas ou quando as progênes foram criadas em condições muito distintas daquelas dos pais; e em McHugh et al. (2014) que, em um trabalho inédito em gado de corte irlandês, estudaram a associação entre as predições de valor genético (VG) para características maternais, de fertilidade e crescimento e a performance fenotípica dos animais, concluindo que a seleção de animais reprodutores para atributos genéticos maternos favoráveis resulta em melhorias favoráveis no desempenho e na lucratividade.

Não obstante a existência desses estudos que ratificam a efetividade das avaliações genéticas, até o momento não foram encontrados resultados referentes a investigações da qualidade de avaliações genéticas de abrangência nacional de qualquer raça zebuína (*Bos taurus indicus*) para características reprodutivas. Portanto, os objetivos deste estudo foram validar as predições genéticas e investigar possível associação entre duas diferentes definições de *stayability* na raça Nelore, avaliando, inclusive, a possibilidade de substituição da definição utilizada atualmente por uma definição com coleta de fenótipos mais precoce.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Para condução do presente estudo, a Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) disponibilizou todos os dados reprodutivos e de genealogia da raça Nelore. Foram estudadas as seguintes definições de *stayability*: STAY 3_76 e STAY 2_52.

A definição de STAY 3_76 foi a mesma utilizada por Ventura et al. (2017) e trata-se de uma característica categórica binária em que as vacas com pelo menos três partos até os 76 meses são avaliadas como sucesso (assumindo o valor 1) e as vacas que não pariram pelo menos três vezes até os 76 meses, com oportunidade de manifestar o fenótipo, são avaliadas como fracasso (assumindo o valor 0). As predições genéticas para *stayability* são expressas em percentual, e podem ser interpretadas como probabilidade de parir pelo menos três vezes até os 76 meses de idade.

A definição de STAY 2_52 também foi tratada como binária, sendo que as vacas com pelo menos dois partos até os 52 meses são avaliadas como sucesso (valor 1) e as vacas que não pariram pelo menos duas vezes até os 52 meses, com oportunidade de manifestar o fenótipo, são avaliadas como fracasso (valor 0).

Da mesma forma que em STAY 3_76, as predições genéticas são expressas

em percentual, indicando a probabilidade de parir pelo menos duas vezes até os 52 meses de idade. Para validação das predições genéticas das diferentes definições de *stayability*, foram utilizados dados fenotípicos de vacas nascidas até 2011, período em que se observou a melhor equivalência entre as quantidades de dados para as duas definições.

O arquivo de fenótipos foi dividido em duas partes, sendo a primeira contendo vacas nascidas até 2010 e a segunda contendo vacas nascidas em 2011. A primeira parte, em conjunto com a genealogia completa da raça Nelore (12.129.928 animais), foi utilizada como população de treinamento. Foram conduzidas análises genéticas com a população de treinamento para predição dos valores genéticos de todos os animais incluídos na genealogia da raça Nelore. A segunda parte, vacas nascidas em 2011, em conjunto com as predições de valores genéticos obtidas nas análises com a população de treinamento, foi utilizada como população de validação. As predições dos valores genéticos das vacas da população de validação foram obtidas sem contribuição de seus próprios fenótipos.

Na Figura 1 está apresentado o esquema de validação dos valores genéticos de STAY 2_52 e STAY 3_76.

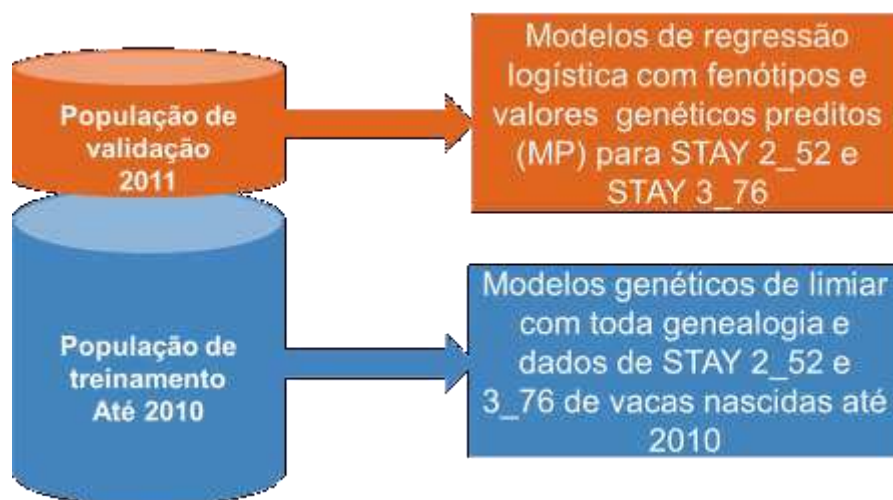


Figura 1: Esquema de validação dos valores genéticos de STAY 2_52 e STAY 3_76.

Na Tabela 1 estão apresentados os dados fenotípicos das populações de treinamento e de validação, para as duas definições de *stayability*. Os grupos de contemporâneos das diferentes definições da característica *stayability* (STAY 2_52 e STAY 3_76) foram definidos a partir das informações de rebanho, ano e estação de nascimento. A diferença máxima de idade entre as vacas do mesmo grupo de contemporâneos foi de 90 dias.

Os dados foram submetidos à análise crítica com o uso de rotinas escritas em ambiente SAS para Windows versão 9.4 (2018-2019). Foram conduzidas análises genéticas utilizando-se o programa CBLUP90IOD (Misztal et al., 2002), considerando um modelo animal de limiar unicaracterístico, pelo fato de as características aqui estudadas serem categóricas. As acurácias foram calculadas por meio do programa ACCF90 (Misztal et al., 2002).

Tabela 1: Total de observações e percentual de sucesso nas diferentes definições de *stayability* nas populações de treinamento e de validação.

n STAY 2_52	% de sucesso STAY 2_52	n STAY 3_76	% de sucesso STAY 3_76
População de treinamento			
689.080	26,79	748.546	33,64
População de validação			
51.765	28,38	50.254	33,78

n STAY 2_52: número de vacas com dados em STAY 2_52; % de sucesso STAY 2_52: percentual de vacas que pariram 2 vezes até os 52 meses; n STAY 3_76: número de vacas com dados em STAY 3_76; % de sucesso STAY 3_76: percentual de vacas que pariram 3 vezes até os 76 meses.

O modelo utilizado para as análises genéticas de STAY 2_52 e STAY 3_76 pode ser representado da seguinte forma:

$$\mathbf{l} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{e},$$

em que: \mathbf{l} é o vetor de “liabilities” (variável latente relacionada com a probabilidade de sucesso) para a característica categórica *stayability*, $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos de grupos de contemporâneos, \mathbf{X} é a matriz de incidência dos efeitos fixos, \mathbf{g} é o vetor de valores genéticos aditivos, \mathbf{Z} é a matriz de incidência dos valores genéticos aditivos e, \mathbf{e} é o vetor de efeitos residuais. O modelo em questão assume:

$\mathbf{a}|\sigma_{\mathbf{g}}^2 \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{A}\sigma_{\mathbf{g}}^2)$, onde \mathbf{A} é a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco e $\sigma_{\mathbf{g}}^2$ é a variância genética aditiva direta e $\mathbf{e}|\sigma_{\mathbf{e}}^2 \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_{\mathbf{e}}^2)$, onde \mathbf{I} e $\sigma_{\mathbf{e}}^2$ são uma matriz identidade apropriada e a variância residual, respectivamente.

Segundo Sorensen e Gianola (2002), a resposta na *stayability* pode ser definida por:

$$f(\mathbf{y}|\mathbf{l}) = \prod_{i=1}^N f(y_i|l_i) = \prod_{i=1}^N [(l_i < \tau)I(y_i = 0) + (l_i > \tau)I(y_i = 1)],$$

em que τ é o limiar de resposta. Foram utilizados componentes de variância previamente estimados em avaliações genéticas prévias realizadas na ABCZ. Após as análises genéticas, os fenótipos de STAY 2_52 e STAY 3_76 das vacas da população de validação foram regredidos em função dos valores genéticos desses animais, os quais foram obtidos exclusivamente com informações de genealogia, corrigindo-se para fatores não genéticos controlados.

O procedimento LOGISTIC do programa SAS para Windows versão 9.4 (SAS® Institute, 2018 - 2019) foi utilizado para as análises de regressão logística, de acordo com o seguinte modelo:

$$\text{Logit}\{P(Y = 1|X)\} = \text{VG} + \text{GC} + \mathbf{e}$$

em que: Y é o fenótipo da característica binária (STAY 2_52 ou STAY 3_76), com valores 0 ou 1. X são as variáveis independentes do modelo. VG é o valor genético aditivo direto do animal para STAY 2_52 ou STAY 3_76, de acordo com a definição

de *stayability* considerada. GC é o grupo de contemporâneo em que a vaca foi agrupada e, e é o resíduo da regressão.

O critério de convergência considerado para regressão logística foi $GCONV=1E^{-8}$. Para avaliar o ajuste dos modelos utilizou-se o teste de Hosmer e Lemeshow e para testar a significância dos modelos foi utilizado o chi-quadrado de Wald, ambos obtidos através do PROC LOGISTIC do SAS (SAS® Institute, 2018 - 2019). Foram calculadas razões de chance para a probabilidade do evento sucesso e seus respectivos intervalos de confiança.

Foi investigada a relação dos valores genéticos preditos (VG) unicamente com informações de genealogia e a resposta fenotípica média realizada. Os VG foram subdivididos em 10 classes proporcionalmente distribuídas dentro da amplitude observada. A classe 1 agrupou os piores valores genéticos, e a classe 10 agrupou os melhores valores genéticos. Para cada classe de valor genético (STAY 2_52 ou STAY 3_76) foi calculado o percentual médio de sucesso no fenótipo considerado (STAY 2_52 ou STAY 3_76). Deste modo, foi possível obter gráficos de dispersão do percentual médio de sucesso no fenótipo em função da classe de valor genético predito.

Com o objetivo de avaliar a associação entre as predições de valores genéticos da definição STAY 2_52 e a resposta fenotípica média de STAY 3_76, foi construído um gráfico de dispersão do percentual de sucesso médio em STAY 3_76 em função das classes de valor genético predito para STAY 2_52. Foram considerados somente dados de vacas com fenótipos STAY 2_52 e STAY 3_76, além do valor genético predito para STAY 2_52. Nas três análises gráficas foram retiradas as classes 1, 9 e 10 por conterem menos de 1% do total de indivíduos em todas as classes.

Adicionalmente, foram conduzidas análises genéticas para STAY 2_52 e 3_76 com todos os dados disponíveis (população total) para investigação da acurácia média dos touros nas duas definições de *stayability* e para estimar a correlação entre os valores genéticos dos machos com filhas fenotipadas em ambas as definições. A

população total inclui, além dos dados da população de treinamento e da população de validação, dados de vacas nascidas entre 2012 e 2014.

O modelo genético, bem como os softwares utilizados, foram exatamente os mesmos aplicados para as análises da população de treinamento do presente estudo. As correlações de Spearman entre os valores genéticos dos touros foram calculadas utilizando-se o procedimento CORR do programa SAS para Windows versão 9.4 (SAS® Institute, 2018 - 2019).

Na Tabela 2 estão apresentados os dados fenotípicos da população total.

Tabela 2: Total de observações e percentual de sucesso nas diferentes definições de *stayability* da população total.

n STAY 2_52	% de sucesso STAY 2_52	n STAY 3_76	% de sucesso STAY 3_76
858.884	27,30	802.459	33,72

n STAY 2_52: número de vacas com dados em STAY 2_52; % de sucesso STAY 2_52: percentual de vacas que pariram 2 vezes até os 52 meses; n STAY 3_76: número de vacas com dados em STAY 3_76; % de sucesso STAY 3_76: percentual de vacas que pariram 3 vezes até os 76 meses.

3. RESULTADOS

Os modelos de regressão logística utilizados para validar STAY 2_52 e STAY 3_76, considerando a população de vacas nascidas em 2011, convergiram (GCONV=1E⁻⁸) e não tiveram problemas de ajuste, de acordo com o teste de Hosmer e Lemeshow (P>0,21 para STAY 2_52 e P>0,87 para STAY 3_76).

Foi observada significância no teste global de Wald, com valores de chi-quadrado 5766,9107 (P<0,001) e 6224,4233 (P<0,001), respectivamente para STAY

2_52 e STAY 3_76. Todos os efeitos incluídos nos modelos de regressão logística (EBV e grupos de contemporâneos) para STAY 2_52 e STAY 3_76 foram significativos, considerando o chi-quadrado de Wald ($P < 0,001$). Na Tabela 3 estão apresentadas as razões de chance para os valores genéticos preditos de STAY 2_52 e 3_76.

As razões de chance indicam que para cada variação unitária no desvio-padrão do valor genético predito, expresso na escala latente, espera-se um aumento na chance de manifestação de sucesso da ordem 24,9% e 28,1% para STAY 2_52 e STAY 3_76, respectivamente. Os resultados observados permitem inferir que a seleção de animais pelos valores genéticos preditos unicamente com informação parental de STAY 2_52 e STAY 3_76 pode resultar em ganhos em desempenho reprodutivo no rebanho de matrizes.

Tabela 3 – Razão de chance para os valores genéticos preditos de STAY 2_52 e STAY 3_76 na regressão logística

Parâmetro	Unidade	Estimativa	IC-LI*	IC-LS*
EBV 2_52	0,1513	1,249	1,219	1,280
EBV 3_76	0,1525	1,281	1,249	1,313

*IC 95%; EBV 2_52: valores genéticos preditos para STAY 2_52; EBV 3_76: valores genéticos preditos para STAY 3_76; Unidade: unidade utilizada na regressão logística que é igual a um desvio-padrão do valor genético predito na escala latente; IC-LI: limite inferior do intervalo de confiança de Wald; IC-LS: limite superior do intervalo de confiança de Wald.

Nas Figuras 1 e 2 estão os gráficos de dispersão do desempenho fenotípico médio em função da classe de valor genético, predito unicamente com informações parentais, das vacas da população de validação, respectivamente, para STAY 2_52 e STAY 3_76. Os percentuais médios de sucesso fenotípico e o número de vacas em

cada classe de valor genético para STAY 2_52 e STAY 3_76 podem ser observados, respectivamente, nas Tabelas 4 e 5. O percentual médio de sucesso no fenótipo evoluiu consideravelmente na medida em que a classe de valor genético aumentou, tanto para STAY 2_52 quanto para STAY 3_76 (Figuras 1 e 2).

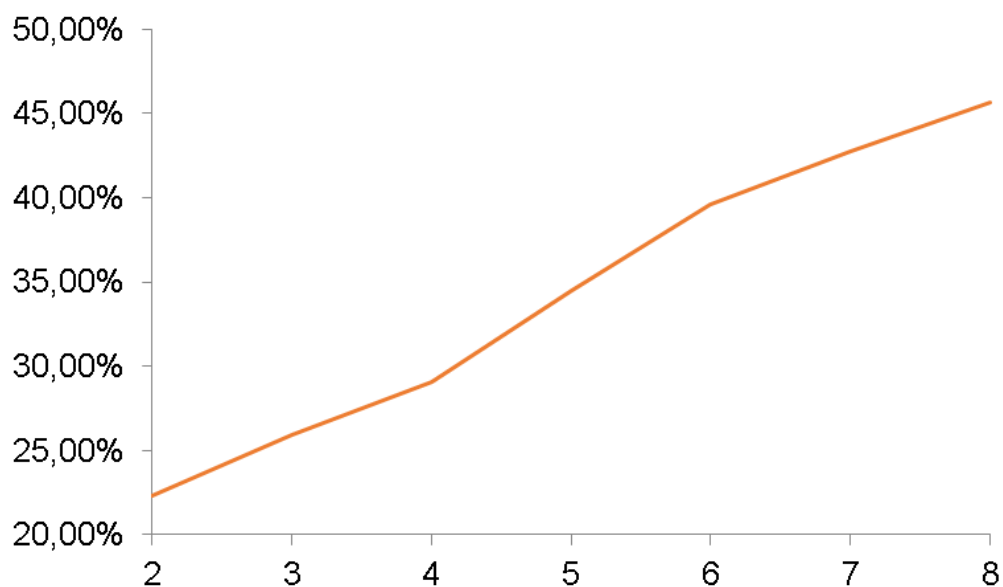


Figura 1 - Percentual médio de sucesso fenotípico em STAY 2_52 em função da classe de valor genético, das vacas da população de validação, predito unicamente com informações de genealogia.

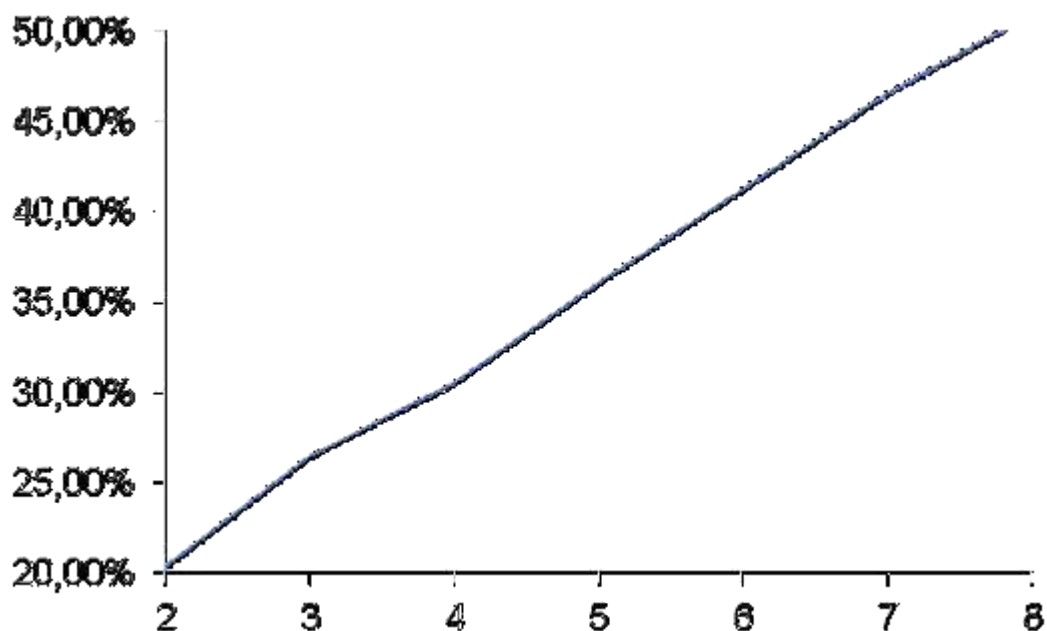


Figura 2 - Percentual médio de sucesso fenotípico em STAY 3_76 em função da classe de valor genético, das vacas da população de validação, predito unicamente com informações de genealogia.

É possível verificar que o percentual de sucesso fenotípico médio nas classes 7 e 8 foi, respectivamente, 43% e 46%, maior para STAY 3_76 (Tabela 4) ao comparar com STAY 2_52 (Tabela 5).

Tabela 4 - Percentual de sucesso fenotípico médio na STAY 2_52 em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52.

CL_VG	Sucesso (%)	n
2	22	712
3	26	5.057
4	29	12.270
5	34	12.914
6	40	7.147
7	43	2.406
8	46	425

CL_VG: Classe de valor genético predito unicamente com informações parentais para STAY 2_52; Sucesso (%): percentual médio de sucesso fenotípico em STAY 2_52; n: número de vacas na classe.

Tabela 5 - Percentual de sucesso fenotípico médio na STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 3_76.

CL_VG	Sucesso (%)	n
2	20	1.012
3	26	5.606
4	30	13545
5	36	11.978
6	41	6.562
7	47	1.865
8	51	267

CL_VG: Classe de valor genético predito unicamente com informações parentais para STAY 3_76; Sucesso (%): percentual médio de sucesso fenotípico em STAY 3_76; n: número de vacas na classe.

Na Figura 3 estão apresentados o percentual de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 3_76, o percentual de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52 e a diferença entre os percentuais médios de sucesso em STAY 3_76 de acordo com o valor genético predito considerado.

Os resultados observados estão de acordo com o esperado, considerando-se que o percentual de sucesso aumentou no mesmo sentido de crescimento das classes de valor genético.

Contudo, observa-se que o progresso do percentual médio fenotípico foi maior na STAY 3_76 quando em função do valor genético predito da própria característica ao comparar com o progresso do percentual médio fenotípico de STAY 3_76 em função do valor genético predito para STAY 2_52.

Além disso, é possível observar que essa diferença foi mais acentuada nas classes 7 e 8 de valor genético predito, unicamente com as informações parentais, para as vacas da população de validação. As classes 7 e 8 são as que agrupam os maiores valores genéticos preditos.

Estão apresentados na Tabela 6 o percentual de sucesso fenotípico médio na

STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52 e o percentual de sucesso fenotípico médio na STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 3_76.

O número de vacas incluídas nas classes de valor genético foi diferente, pois nem todos os animais tiveram valor genético predito com acurácia mínima de 1%, tanto para STAY 2_52 quanto para STAY 3_76 e fenótipo expresso para STAY 3_76. A maior concentração dos animais está nas classes 4 e 5, cujos valores genéticos preditos estão em torno da média, o que está dentro do esperado.

A Figura 4 mostra a dispersão das acurácias médias dos valores genéticos por ano de nascimento de touros que tiveram pelo menos uma filha. Os valores são apresentados a partir do ano de 1992, momento em que se observou nas análises uma melhor consistência nos dados, possivelmente resultante da reestruturação do programa de melhoramento genético da ABCZ que se deu naquele momento, o que melhorou a qualidade dos dados coletados e ampliou o número de criadores efetivamente participantes do programa.

A correlação de Spearman entre os valores genéticos dos touros ($n=23.602$) cujas filhas foram fenotipadas, concomitantemente, para STAY 2_52 e STAY 3_76 foi de 0,69 ($p<0,001$). Os resultados observados indicam que existe uma associação positiva entre as duas características avaliadas e que, a seleção para uma poderá resultar em ganhos genéticos na outra.

Na figura 5 está apresentada a dispersão dos valores genéticos preditos para STAY 2_52 em função dos valores genéticos preditos para STAY 3_76, dos touros ($n=23.602$) com filhas fenotipadas nas duas características avaliadas no presente estudo.

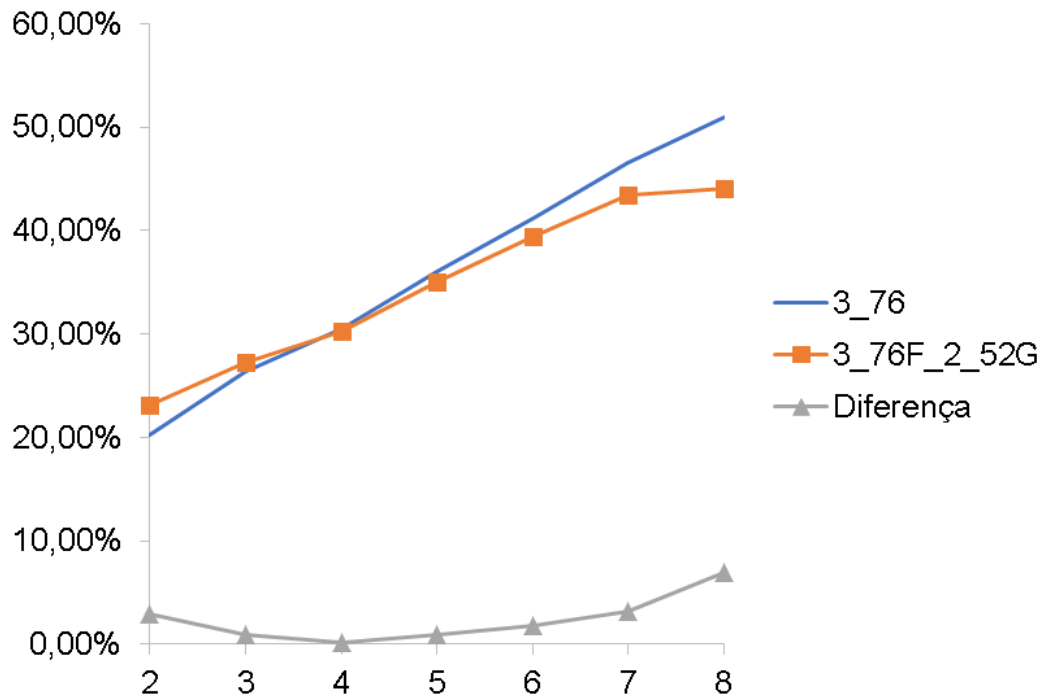


Figura 3 - Percentual de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 3_76, percentual de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52 e diferença entre os percentuais médios de sucesso. 3_76: percentual de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 3_76; 3_76F_2_52G: Percentual de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52; Diferença: diferença entre os percentuais médios de sucesso.

Tabela 6: Percentual de sucesso fenotípico médio na STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52 e percentual de sucesso fenotípico médio na STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 3_76.

CL VG	n*	Sucesso (%) STAY 3_76 ^a	n**	Sucesso (%) STAY 3_76 ^b	Diferença (%)
2	712	23	1.012	20	3
3	5.057	27	5.606	26	1
4	12.270	30	13.545	30	0
5	12.914	35	11.978	36	-1
6	7.147	39	6.562	41	-2
7	2.406	43	1.865	47	-4
8	425	44	267	51	-7

*Número de vacas por classe de valor genético, com valor genético predito para STAY 2_52 e fenótipo expresso para STAY 3_76; ** Número de vacas por classe de valor genético, com valor genético predito para STAY 3_76 e fenótipo expresso para STAY 3_76; ^a Percentual de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52. ^b Percentual de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 3_76; Diferença: Sucesso (%) STAY 3_76^a menos Sucesso (%) STAY 3_76^b.

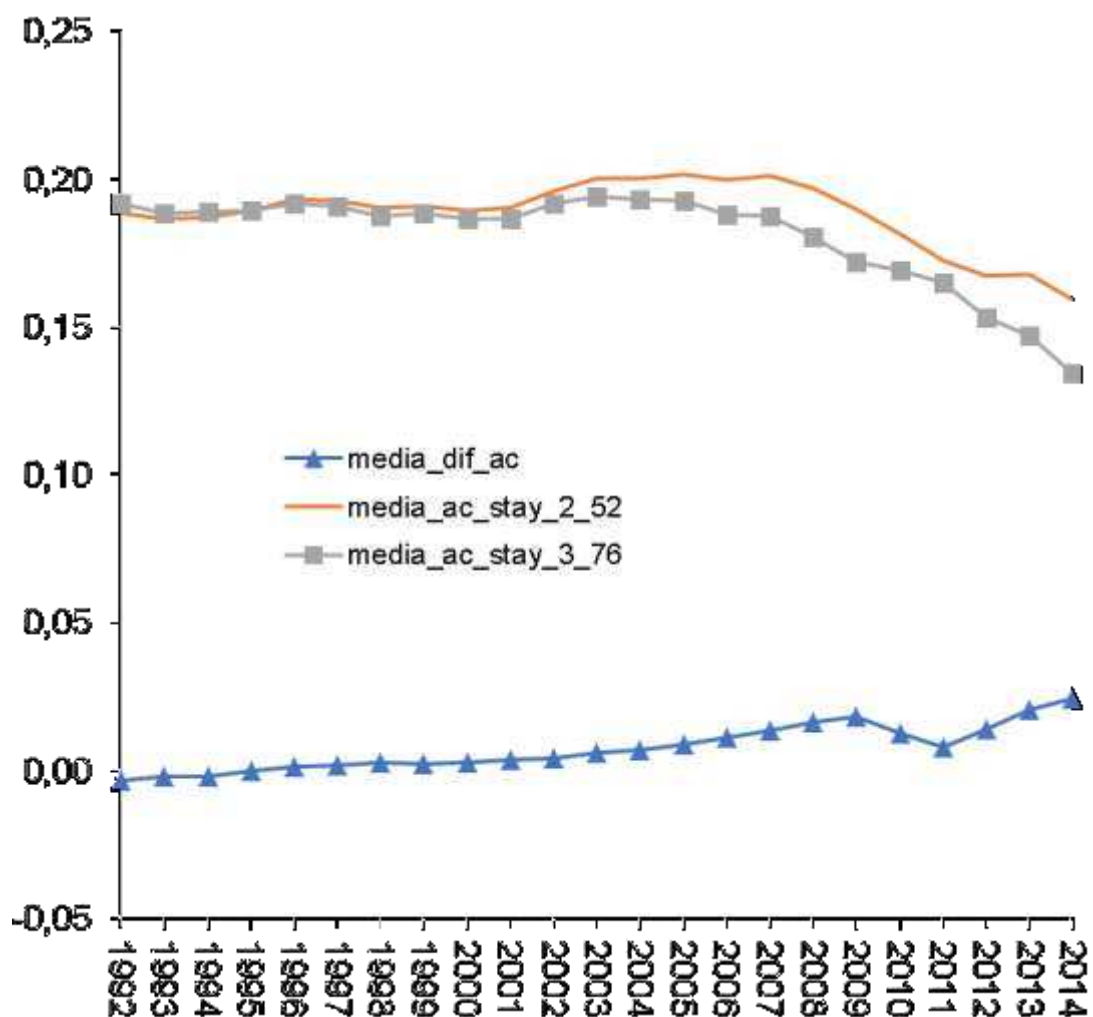


Figura 4 – Acurácia média de STAY 2_52, acurácia média de STAY 3_76 e diferença entre as acurácias médias, por ano de nascimento, de touros com pelo menos uma filha. media_ac_stay_2_52: acurácia média em STAY 2_52; media_ac_stay_3_76: acurácia média em STAY 3_76; media_dif_ac: diferença entre as acurácias médias.

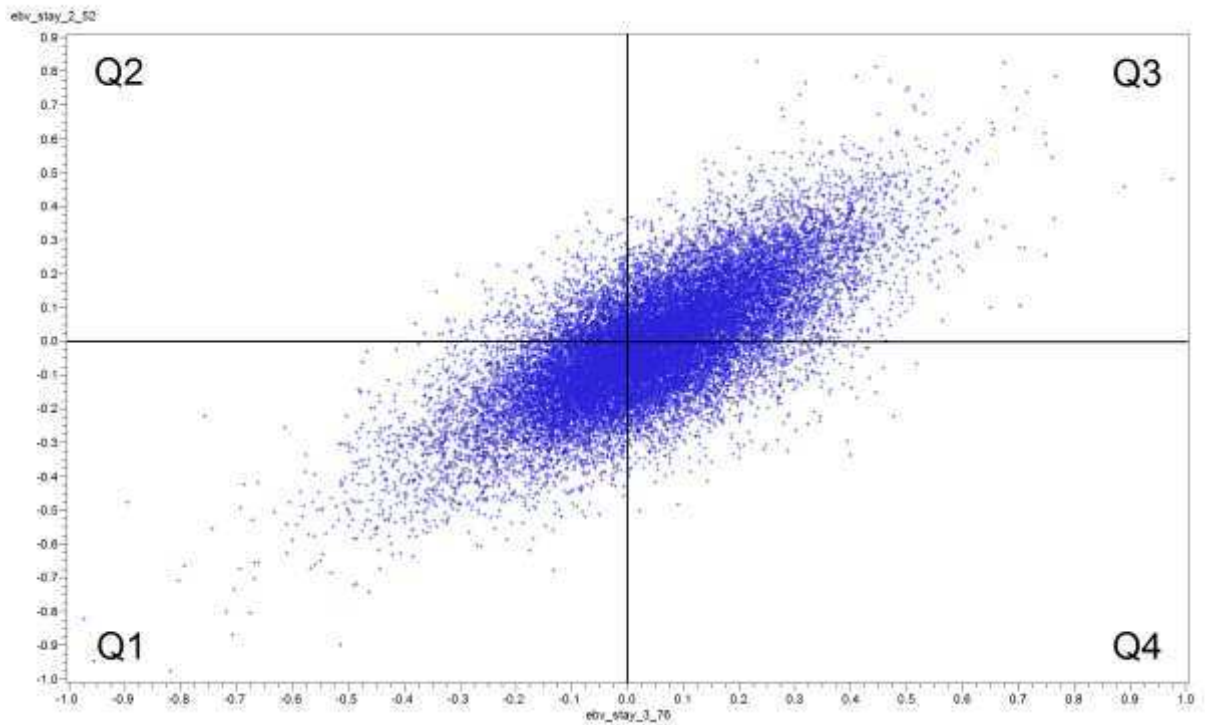


Figura 5 – Dispersão dos valores genéticos preditos, expressos na escala latente, para STAY 2_52 em função dos valores genéticos preditos para STAY 3_76 dos touros (n=23.602) com filhas fenotipadas em ambas as características.

Tabela 6: Percentual de sucesso fenotípico médio na STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52 e percentual de sucesso fenotípico médio na STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 3_76.

CL VG	n*	Sucesso (%) STAY 3_76 ^a	n**	Sucesso (%) STAY 3_76 ^b	Diferença (%)
2	712	23	1.012	20	3
3	5.057	27	5.606	26	1
4	12.270	30	13.545	30	0
5	12.914	35	11.978	36	-1
6	7.147	39	6.562	41	-2
7	2.406	43	1.865	47	-4
8	425	44	267	51	-7

*Número de vacas por classe de valor genético, com valor genético predito para STAY 2_52 e fenótipo expresso para STAY 3_76; ** Número de vacas por classe de valor genético, com valor genético predito para STAY 3_76 e fenótipo expresso para STAY 3_76; ^a Percentual de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52. ^b Percentual de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 3_76; Diferença: Sucesso (%) STAY 3_76^a menos Sucesso (%) STAY 3_76^b.

4. DISCUSSÃO

As razões de chance para os valores genéticos preditos de STAY 2_52 e STAY 3_76 indicam que as predições disponíveis no momento da seleção de animais jovens, quando se tem acesso apenas às informações dos ancestrais para processamento das avaliações genéticas, podem indicar quais são as futuras vacas com maior probabilidade de ter 2 partos até os 52 meses e/ou 3 partos até os 76 meses.

Corroborando com os resultados da regressão logística, a dispersão do desempenho fenotípico médio de STAY 2_52 e STAY 3_76 em função das classes

de valores genéticos das próprias características, indicou aumento no percentual de sucesso em função do aumento dos valores genéticos. Esses resultados validam os valores genéticos de STAY 2_52 e STAY 3_76, com uma superioridade para STAY 3_76, notadamente nas classes de maior valor genético.

Com base nestes resultados é possível inferir que as características STAY 3_76 e STAY 2_52, com valores genéticos preditos unicamente com informações parentais, apresentaram capacidades preditivas semelhantes quanto à efetiva realização do fenótipo. Este é um aspecto importante quando se considera a necessidade de seleção, especialmente de touros, de forma mais precoce, o que pode contribuir efetivamente para o sucesso da seleção e redução do intervalo entre gerações.

A STAY 2_52, por possibilitar a coleta de fenótipos mais precocemente pode ser uma boa alternativa, corroborando as afirmativas de Hudson e Van Vleck (1981) de que procedimentos adequados para avaliação de touros para esta característica podem reduzir o tempo de espera para obtenção dos fenótipos, assim como a de Brigham et al. (2007), que consideraram a abordagem atual (6 anos com primeiro parto até os dois anos de idade) um fator que aumenta o tempo para que se obtenha uma predição confiável do valor genético para os touros, sugerindo o desenvolvimento de um critério que combine as informações destas diferentes idades.

A relação entre os percentuais médios de sucesso quando em função dos valores genéticos para STAY 2_52 ou STAY 3_76, preditos unicamente com dados de genealogia, quando agrupados em classes crescentes de valor genético, indica uma forte associação entre as duas características. Entretanto, a capacidade preditiva dos valores genéticos para o percentual de sucesso fenotípico médio na STAY 3_76 foi, em média, maior quando em função da classe de valor genético predito da própria característica, se comparada ao percentual de sucesso fenotípico médio em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52.

A associação entre as duas características é truncada exatamente onde se

esperaria maior convergência, ou seja, nas classes de maior valor genético (classes 7 e 8), cujos percentuais de coincidências se reduzem em 4% e 7%, respectivamente. Este aspecto demanda mais estudos para verificação da hipótese de adoção da STAY 2_52 em substituição à STAY 3_76, especialmente porque ambas podem ser obtidas unicamente com dados de genealogia e/ou a partir de poucas filhas fenotipadas, com estimativas de herdabilidades baixas (0,12 para STAY 2_52 e 0,11 para STAY 3_76, obtidas em análises prévias) e acurácias dos valores genéticos muito semelhantes em um mesmo momento.

As correlações de Spearman entre os valores genéticos dos touros ($n=23.602$) cujas filhas foram fenotipadas, concomitantemente, para STAY 2_52 e STAY 3_76 de 0,69 ($p<0,001$), indicam uma associação positiva entre as duas características. Além disso, observou-se que as acurácias entre a STAY 2_52 e STAY 3_76 não diferiram de forma significativa nos touros mais velhos, mas, para os touros com menos de 10 anos de idade, a acurácia média da STAY 2_52 apresentou uma ligeira superioridade, muito possivelmente pela incorporação de fenótipos de filhas para STAY 2_52 que se manifestam mais precocemente.

Essa tendência se acentua nos touros jovens de forma que, os resultados, sugerem um possível benefício da STAY 2_52 na seleção de touros jovens. Todavia, é preciso considerar que a dispersão dos valores genéticos preditos dos touros para STAY 2_52 em função dos valores genéticos preditos para STAY 3_76, mostrou a existência de inversão dos valores genéticos preditos entre as características STAY 2_52 e STAY 3_76 de forma considerável.

Além disso, pode ser observado na Figura 5 que as avaliações genéticas de alguns touros foram muito discrepantes entre as duas características (Q2 e Q4). Isso implica em que o uso da STAY 2_52 como critério de seleção pode resultar na retenção de touros negativos para STAY 3_76 (Q2) e, de forma contrária, ou seja, o uso da STAY 2_52 como critério de descarte, pode levar a perda de genótipos de touros positivos para STAY 3_76, que é a definição mais próxima do objetivo de seleção longevidade reprodutiva.

É importante observar que a fixação do número de três crias se fundamenta no tempo em que uma vaca demanda para amortizar seus próprios custos, sendo que a partir desse ponto os lucros obtidos com as crias seriam maiores.

Observa-se também que, embora a STAY 2_52 se utilize de fenótipos colhidos mais cedo no rebanho, o número de informações não variou de forma expressiva entre as duas características, revelando que, possivelmente, o ganho em termos de tempo não seria absolutamente representativo. Essa condição pode estar possivelmente vinculada à realidade da pecuária nacional no que diz respeito ao manejo reprodutivo, em especial, a idade inicial mais tardia de acasalamento das novilhas.

Adicionalmente, é preciso considerar as ponderações de Martinez et al. (2003) de que, embora a *stayability* possa ser medida a qualquer momento na vida de uma vaca, tal medida sempre conterà menos informação que a característica que mede toda a vida do animal e que a seleção para esta característica em idade precoce poderia ter impacto limitado na melhoria da *stayability* em idades posteriores.

5. CONCLUSÃO

Os valores genéticos das características STAY 3_76 e STAY 2_52, preditos unicamente com informações de genealogia, foram efetivos e semelhantes em suas capacidades preditivas dos fenótipos reais.

A utilização apenas de STAY 2_52 merece mais estudos, especialmente no que concerne aos objetivos subjacentes da *stayability*, dentre eles, a amortização do custo da matriz através de seu desempenho reprodutivo.

A definição de *stayability* STAY 2_52 pode ser usada em combinação com a definição STAY 3_76 para a seleção dos animais, especialmente na escolha de reprodutores jovens, a partir do estudo e desenvolvimento de um critério de seleção que combine ambas as características.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BARRETO AMARAL TEIXEIRA, D., ALVES FERNANDES JÚNIOR, G., BERALDO DOS SANTOS SILVA, D., BERMAL COSTA, R., TAKADA, L., GUSTAVO MANSAN GORDO, D., BRESOLIN, T., CARVALHEIRO, R., BALDI, F.,...GALVÃO DE ALBUQUERQUE, L. (2017). **Genomic analysis of stayability in Nellore cattle.** *PloS one*, 12(6), e0179076. doi:10.1371/journal.pone.0179076.

BRIGHAM, S.E.; SPEIDEL, R.M.; ENNS, R.M.; GARRICK, D.J. **Stayability to alternate ages.** In: Proceedings, Western Section, American Society of Animal Science. Vol.58. 2007. Colorado State University.

DELAND, M.P.; NEWMAN, S., 1991: **Lifetime productivity of crossbred cows. 1. Experimental design, growth and carcass characteristics of progeny.** *Aust. J. Exp. Ag.* 31: 285–292.

DIAZ, C.; NOTTER, D. R.; BEAL, W. E. **Relationship Between Milk Expected Progeny Differences of Polled Hereford Sires and Actual Milk Production of Their Crossbred Daughterd.** *J. Anim. Sci.* 1992. 70:396-402.

EUCLIDES FILHO, K. **Rev. Ceres**, Viçosa, v. 56, n.5, p. 620-626, set/out, 2009.

HENDERSON, C. R. **Estimation of variance and covariance components.** *Biometrics*, v.9, p. 226-252,1953.

HUDSON, G.F.S.; VAN VLECK L.D. **Relationship Between Production and Stayability in Holstein Cattle.** *J. Dairy Sci.*1981; 64: 2246 – 2250.

MACNEIL, M. D. **Value of genomics in breeding objectives for beef cattle.** *R. Bras. Zootec.*, 45(12):794-801, 2016.

MARCONDES, Cintia Righetti et al. **Estudo de definição alternativa da probabilidade de permanência no rebanho para a raça Nelore**. R. Bras. Zootec., Viçosa, v. 34, n. 5, p. 1563-1567, Oct. 2005.

MARTINEZ, GONZALO; KACHMAN, S. D.; and VAN VLECK, L. D. (2003). **Threshold Sire Models For Estimating Genetic Parameters For Stayability in Beef Cows**. *Conference on Applied Statistics in Agriculture*.

MILLER; S. P.; WILTON, J. W. **Genetic Relationships Among Direct and Maternal Components of Milk Yield and Maternal Weaning Gain in a Multibreed Beef Herd**. J. Anim. Sci. 1999. 77:1155–1161.

MINICK, J. A.; BUCHANAN, D. S.; RUPERT. S. D. **Milk production of crossbred daughters of high- and low-milk EPD Angus and Hereford bulls**. J. Anim. Sci. 2001. 79:1386–1393.

MISZTAL I, TSURUTA S, STRABEL T, AUVRAY B, DRUET T, LEE DH. **BLUPF90 and related programs (BGF90)**. Proc. 7th World Congr Genet Appl Livest Prod, Montpellier, France 2002.

N. MCHUGH, A. R. CROMIE, R. D. EVANS, D. P. BERRY. **Validation of national genetic evaluations for maternal beef cattle traits using Irish field data**. *Journal of Animal Science*, Volume 92, Issue 4, 1 April 2014, Pages 1423–1432.

P. B. MWANSA; D. H. CREWS, JR.; J. W. WILTON; R. A. KEMP. **Multiple trait selection for maternal productivity in beef cattle**. J. Anim. Breed. Genet. 119 (2002), 391–399. 2002 Blackwell Verlag, Berlin.

PEROTTO, D. **Habilidade Materna em Bovinos de Corte**. In: **VII Congresso Brasileiro de Raças Zebuínas**. ABCZ: Uberaba-MG. 17a 22 de agosto de 2008.

SILVA, J. A. II de V.; ELER, J. P; FERRAZ , J. B.S.; OLIVEIRA, H. N. **Análise Genética da Habilidade de Permanência em Fêmeas da Raça Nelore.** R. Bras. Zootec., v.32, n.3, p.598-604, 2003.

SILVA, L.O.C. **Aptidão de vacas em permanecer no rebanho. Encontro dos encontros da Scot Consultoria**, 5, 1 a 5 de outubro de 2018. Ribeirão Preto – SP. Ed. Alcides de Moura Torres Júnior, Francisco Pedro Woolf de Oliveira Filho. Anais. São Carlos: Suprema Gráfica e Editora, 2018. 324p.II.

SNELLING, W. M., GOLDEN, B. L.; BOURDON, R. M. **Within-Herd Genetic Analyses of Stayability of Beef Females.** J. Anim. Sci. 1995. 73:993-1001.

SORENSEN D, Gianola D: **Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics.** Springer-Verlag, New York, 2002.

THRIFT, F. A.; THRIFT, T. A. **REVIEW: Expected Versus Realized Progeny Differences for Various Beef Cattle Traits.** The Professional Animal Scientist 22 (2006):413–423. Kentucky Agricultural Experiment Station.

VENTURA, H. T.; COSTA, E. V.; SILVA, F. F.; CARDOSO, F. F.; BERGMANN, J. A. G.; JOSAHKIAN, L. A. **Sumário de touros 2017: Avaliação nacional de touros das raças zebuínas Brahman, Gir, Guzerá, Indubrasil, Nelore, Sindi e Tabapuã:** agosto 2017. Uberaba: ABCZ, 2017.