

FREDERICO DE CASTRO FIGUEIREDO

AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM
REBANHOS NELORE

Tese apresentada à Universidade Federal
de Viçosa, como parte das exigências do
Programa de Pós-graduação em
Zootecnia, para obtenção do título de
Doctor Scientiae.

Viçosa
Minas Gerais
2009

FREDERICO DE CASTRO FIGUEIREDO

AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM
REBANHOS NELORE

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

Aprovada em 06 de fevereiro de 2009.

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Co-orientador)

Prof. Antônio Policarpo S. Carneiro
(Co-orientador)

Prof. Paulo Luiz Souza Carneiro

Prof. José Braccini Neto

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(orientador)

Aos meus pais, Marco Afonso e Solange.

Aos meus irmãos, Marcus Vinicius e Marina.

À Bê, minha esposa, amiga e companheira.

"Ninguém comete erro maior do que não fazer
nada porque só pode fazer pouco."
(Edmundo Burke)

A vida só pode ser entendida olhando-se para
trás. Mas só pode ser vivida olhando-se para
frente.
(S. Kierkegaard)

AGRADECIMENTOS

A Deus.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Departamento de Zootecnia, especialmente ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudo.

Ao Prof. Ricardo Frederico Euclides (Bajá) pela confiança, paciência, incentivo, amizade, oportunidades, ensinamentos e orientações.

Aos Prof. Robledo e Prof Policarpo, pelas contribuições, auxílios e amizade e co-orientação.

Aos professores Paulo Sávio, Fabyano, Paulinho Carneiro e José Braccini Neto e pelas contribuições.

Ao Prof. Raysildo e ANCP por terem disponibilizado o banco de dados

Aos professores Ana Lúcia, Juquinha, Mário Paulino, Odilon e Tião pela amizade e pela agradável convivência.

Aos amigos e colegas melhoristas Alex, Kleibe, Jane, Leandro, Luciara, Rachel, pelo convívio agradável, apoio, conselhos e amizade.

À minha amiga Karla, pela confiança, incentivo e amizade verdadeira, mesmo de longe.

Aos amigos Fernanda, Luigi e Mario Chizzotti, Fellipe, Fernanda e Mario DZO, Marcos, Patrícia Bhering, e todos os demais amigos pelo prazer da convivência, nas etapas boas e ruins desse trabalho.

Aos meus familiares, tios, tias, avós, primos e primas.

Aos funcionários do DZO/UFV, em particular, Adilson, Celeste, Edson, Márcia, Rosana e Venâncio.

BIOGRAFIA

Frederico de Castro Figueiredo, filho de Marco Afonso Figueiredo Caldeira e Solange Barroca de Castro Figueiredo, natural de Resplendor, Estado de Minas Gerais, nasceu em 27 de março de 1976.

Em março de 1998, iniciou o curso de Zootecnia pelo Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, onde foi bolsista de Iniciação Científica por alguns anos, acompanhando e conduzindo pesquisas junto ao Programa de Melhoramento Genético de Suínos do Departamento de Zootecnia da UFV.

Em setembro de 2002, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Federal de Viçosa e iniciou o Curso de mestrado pelo Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, concluído em julho de 2004.

Em Agosto de 2004 iniciou o curso de doutorado em Zootecnia, também pela Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se ao exame final de defesa de tese para obtenção do título de Doctor Scientiae em Zootecnia no dia 06 de fevereiro de 2009.

ÍNDICE

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Habilidade de Permanência no Rebanho (HP)	4
2.2. Idade ao Primeiro Parto (IPP)	7
2.3. Avaliação de características Categóricas	12
2.4. Metodologias de estimação de componentes genéticos.....	15
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	20
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
6. CONCLUSÕES	37
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFIAS	38

RESUMO

FIGUEIREDO, Frederico de Castro, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2009. **Avaliação genética de características reprodutivas em rebanhos Nelore**. Orientador: Ricardo Frederico Euclides. Co-orientadores: Robledo de Almeida Torres e Antônio Policarpo Souza Carneiro.

Os principais objetivos deste trabalho foi realizar a avaliação genética de rebanhos Nelore para a característica categórica Habilidade de Permanência no Rebanho (HP) utilizando modelos lineares generalizados, com funções de ligação Probit e Logit, e Idade ao Primeiro Parto (IPP), sob modelo linear, para a determinação de herdabilidades e comparar, através dos coeficientes das correlações de Pearson, Spearman e Kendall, os resultados encontrados. Para HP, foram utilizados dados referentes a 5404 matrizes da raça Nelore, provenientes da ANCP (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores) e a característica foi definida para as matrizes que apresentaram registros de pelo menos um parto até a idade de 36 meses. Para IPP, definiu-se o ponto de descarte a idade de 36 meses, assim, foram utilizados dados de 3385 fêmeas para determinação da herdabilidade da característica. O modelo utilizado nas análises foi o modelo de Touro, que incluiu o efeito fixo de

grupos contemporâneos formados pela combinação de rebanho e ano. Para estimação dos parâmetros genéticos, a metodologia utilizada foi a Máxima Verossimilhança Restrita (REML), sendo as análises realizadas utilizando-se o software ASREML e o programa SAS. As herdabilidades estimadas foram de $0,1009 \pm 0,03$, $0,123 \pm 0,08$ e $0,4738 \pm 0,16$ para HP_{Logit} , HP_{Probit} e IPP, respectivamente. Os coeficientes de correlação de Pearson estimados foram $HP_{LOGIT}/HP_{PROBIT} = 0,9453$, $HP_{LOGIT}/IPP = -0,6182$ e $HP_{PROBIT}/IPP = -0,6555$. Os coeficientes de Correlação de Spearman (correlação de ordem) determinados foram $HP_{LOGIT}/HP_{PROBIT} = 1,0000$, $HP_{LOGIT}/IPP = -0,9333$ e $HP_{PROBIT}/IPP = -0,9333$. Os coeficientes de Correlação de Kendall (correlação de ordem) encontrados foram $HP_{LOGIT}/HP_{PROBIT} = 0,9998$, $HP_{LOGIT}/IPP = -0,9294$ e $HP_{PROBIT}/IPP = -0,9295$. As estimativas de herdabilidade para HP, embora não possam ser consideradas altas, sugerem que ganhos genéticos podem ser alcançados, indicando que é possível incluir esta característica em programas de seleção. As correlações encontradas entre a metodologia Probit e Logit para HP foram elevadas, concluindo-se que não existe diferença entre as metodologias para a estimação dos valores genéticos e herdabilidades e IPP apresentou alta herdabilidade e altas correlações com a HP sugerindo que seria melhor selecionar para IPP, uma vez que a herdabilidade estimada é maior e que existe uma alta correlação de ordem com HP.

ABSTRACT

FIGUEIREDO, Frederico de Castro, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2009. **Genetic evaluation of reproductive trait in Nellore Cattle**. Adviser: Ricardo Frederico Euclides. Co-Advisers: Robledo de Almeida Torres and Antônio Policarpo Souza Carneiro.

The main goal of this paper was to realize a genetic evaluation of Nellore cattle for the categorical trait of Stayability (HP), using generalized linear models, with Probit link and Logit link, and Age at First Calving (IPP), by linear model, to determine the heritability and compare through the coefficient correlations of Pearson, Spearman and Kendall, the results found. For HP, it was used data regarding 5404 Nellore cows coming from ANCP (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores – National Association of Breeders and Researchers) and the characteristic was defined for the cow that presented registration of at least one calving up to 36 months of age. For IPP, a discard point was decided up to 36 months of age; therefore 3385 cows data were used to determine the heritability of the characteristic. The model used in the analysis was the Sire Model, which included a stable effect of cotemporary group formed by the combination of herd and year. For the estimate of genetic

parameters, the used methodology was REML (Restricted Maximum Likelihood), being the analysis realized using the ASREML software and the SAS program. The estimated heritability was of 0.1009 ± 0.03 , 0.123 ± 0.08 and 0.4738 ± 0.16 for HP_{Logit} , HP_{Probit} and IPP, respectively. The estimated Pearson correlation coefficients were $HP_{LOGIT}/HP_{PROBIT} = 0.9453$, $HP_{LOGIT}/IPP = -0.6182$ and $HP_{PROBIT}/IPP = -0.6555$. The determined Spearman correlation coefficients (order correlation) were $HP_{LOGIT}/HP_{PROBIT} = 1.0000$, $HP_{LOGIT}/IPP = -0.9333$ and $HP_{PROBIT}/IPP = -0.9333$. Kendall correlation coefficients (order correlation) found were $HP_{LOGIT}/HP_{PROBIT} = 0.9998$, $HP_{LOGIT}/IPP = -0.9294$ and $HP_{PROBIT}/IPP = -0.9295$. The estimated heritability for HP, even if it not considered high, suggests that a genetic gain may be reached; pointing out that it is possible to include this characteristic in selection programs. The correlation found between the Probit and Logit methodologies for HP were elevated, concluding then that there are no differences between the methodologies for the estimation of genetic values and heritability. IPP presented a high heritability of genetic values with HP suggesting that better results would be obtained when selecting animals for IPP, once the estimated heritability is bigger and that exist a high order correlation with HP.

1. INTRODUÇÃO

Em animais domésticos, características de importância econômica são, normalmente, dependentes de muitos pares de genes. Fatores ambientais interagem com os efeitos dos genes promovendo variação nas características. O progresso genético das características desejáveis irá depender, entre vários fatores, da identificação dos animais geneticamente superiores. Desta forma, necessita-se de metodologias eficientes na predição de valores genéticos para que se selecionem os melhores animais.

O conhecimento das propriedades genéticas das populações baseia-se nos parâmetros genéticos, que são obtidos por meio de componentes de variância, os quais podem ser estimados por vários métodos. A aplicação da estatística, aliada a programas computacionais, torna-se de fundamental importância no isolamento do componente genético dos demais componentes referentes a diferentes causas que participam do valor fenotípico de cada indivíduo.

Duas classes gerais de fenótipos são medidas em dados de melhoramento animal, contínuos e discretos. Muitas características, como a facilidade de parto, resistência a doença e Habilidade de Permanência são medidas em uma escala discreta ou categórica. A avaliação genética para características categóricas é conseguida com metodologias diferentes da avaliação de características contínuas. O BLUP (Best linear unbiased prediction) é o melhor método para a predição de efeitos aleatórios se a variável for contínua (HENDERSON, 1973). As variáveis categóricas violam muitas pré-suposições para modelos lineares mistos; conseqüentemente, BLUP não é apropriado (ABDEL-AZIN e BERGER, 1999).

O desenvolvimento de metodologias específicas para análise de dados categóricos surgiu graças às necessidades dos pesquisadores em estudar e utilizar características como dificuldade de parição e probabilidade de permanência no rebanho. Para raças de gado de corte, no Brasil, existem poucos estudos sobre a estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos e predição de valores genéticos para a Habilidade de Permanência no Rebanho (HP). A característica HP é binária ou dicotômica, indicando se a vaca permanece no rebanho a uma idade específica (1) ou não (0). Portanto, a estimação do coeficiente de herdabilidade requer a utilização de metodologia específica para análise de dados categóricos.

Os principais objetivos deste trabalho foi realizar a avaliação genética de rebanhos Nelore para a característica categórica Habilidade de Permanência no Rebanho utilizando modelos lineares generalizados, com funções de ligação Probit e Logit, para a determinação da herdabilidade e

comparar, através dos coeficientes de correlação de Pearson, Spearman e Kendall, os resultados encontrados.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Habilidade de Permanência no Rebanho (HP)

Matrizes representam a categoria animal que consome grande parte dos recursos alimentares disponíveis para as espécies em que a taxa reprodutiva é baixa. Por isso, a manutenção de matrizes é um dos principais componentes dos custos de produção da pecuária de corte, sendo mais elevado quanto menores forem às taxas reprodutivas do rebanho. Além disto, a fertilidade determina a quantidade de animais produzidos para o mercado e pode ser considerada como o fator isolado mais importante na determinação da lucratividade da atividade pecuária. Do ponto de vista econômico, o conjunto de características indicadoras do desempenho reprodutivo são as mais importantes características do sistema de produção e, do ponto de vista genético, é o aspecto mais restritivo para a adoção de programas de

melhoramento, pois impõe limites às intensidades de seleção e, em consequência, reduz os ganhos genéticos (PEREIRA, 2001).

Apenas recentemente tem ocorrido algum movimento no sentido de incluir a predição do mérito genético de características reprodutivas em avaliações genéticas e poucas são as características desta categoria para as quais os sumários de avaliação genética publicam DEPs (Diferença Esperada na Progênie). No Brasil, as características Dias Para o Parto e a Idade ao Primeiro Parto já foram incluídas em sumários da raça Nelore (FERRAZ e ELER, 1998; LÔBO et. al., 1999).

Segundo QUEIROZ et al. (2007) e PEARSON e MILLER (1981), como benefícios do maior tempo de permanência das fêmeas no rebanho, tem-se: 1) a redução do custo de reposição; 2) o aumento do número de fêmeas na faixa etária de maior produção de leite, na qual ocorre a desmama de bezerros mais pesados; 3) a redução na quantidade de alimento às novilhas que não estão produzindo e 4) o aumento do descarte voluntário.

Assim, a duração da vida produtiva (DVP) da vaca é uma característica que engloba critérios reprodutivos, produtivos e econômicos e que pode ser utilizada na avaliação da eficiência do animal no sistema de produção. Entretanto, apresenta limitações para ser empregada como critério de seleção, pois, se a medida for feita tardiamente, aumenta o intervalo de gerações e, conseqüentemente, diminui o ganho genético anual.

Uma medida indireta da característica contínua DVP é a habilidade de permanência da vaca no rebanho (HP) que foi definida por HUDSON e VAN VLECK (1981) como a probabilidade da vaca estar presente no rebanho a uma idade específica, dado que teve a oportunidade de alcançar esta idade.

A HP é uma importante característica em gado de corte e uma das medidas reprodutivas de fêmeas que, recentemente, têm recebido maior atenção por parte dos pesquisadores. A inclusão desta característica nos programas de avaliação genética poderia permitir a seleção de touros que produziriam filhas com maior probabilidade de permanecerem produtivas no rebanho por um período mais longo (SILVA et al., 2003).

Características como a HP são denominadas características de limiar (threshold). Segundo FALCONER e MACKAY (1996), características de limiar são aquelas que apresentam distribuição descontínua, mas que, quando submetidas à análise genética, são influenciadas por muitos genes, de maneira semelhante à das características quantitativas.

De acordo com RIBEIRO et al. (2005), o maior tempo de permanência da fêmea em produção no rebanho tem sido associado a maior lucratividade, pois, em bovinos, o investimento no animal do nascimento até o primeiro parto só começa a ser amortizado na primeira lactação, de modo que seriam necessárias pelo menos duas partições para que os investimentos com a vaca em fase de crescimento fossem recuperados pelo produtor. Como o tempo de permanência da vaca no rebanho geralmente é determinado pelos desempenhos reprodutivo e produtivo, vacas mais longevas tendem a ser mais rentáveis, pois têm maior oportunidade para retornar a receita sobre custos fixos e variáveis.

Para um produtor ser bem sucedido, deve manter vacas de reposição suficientemente longevas para produzir número elevado de bezerros para cobrir custos das reposições (DOYLE et al., 2000). As predições do valor genético para habilidade de permanência a uma idade específica de vacas

podem ser usadas para identificar os pais potenciais cujas filhas seriam mais prováveis de permanecer na produção por um tempo mais longo.

A HP é um indicador do desempenho reprodutivo e, portanto, um componente importante na tomada de decisão (MARTINEZ et al., 2005). A possibilidade de utilização da característica HP como critério de seleção para melhoramento genético da fertilidade de vacas e verificar as mudanças genéticas e ambientais da característica, determinando o impacto da sua utilização como critério de seleção, assim como correlações entre a HP e características produtivas em gado de corte pode ser uma via importante para melhoria da eficiência reprodutiva e produtiva de rebanhos.

2.2. Idade ao Primeiro Parto (IPP)

O Brasil destaca-se como um dos cinco países de maior efetivo bovino no mundo, com rebanho estimado em 159,3 milhões de cabeças (ANUALPEC, 2007), do qual fazem parte 60 milhões de fêmeas aptas à reprodução, que produzem, anualmente, 33 milhões de bezerros, correspondendo a um índice de natalidade de 55%.

Aliado ao baixo índice de parição, o qual afeta a taxa de desfrute e impossibilita o melhoramento genético, por meio da seleção, em virtude da indisponibilidade de fêmeas para reposição, dois outros fatores contribuem para reduzir a produtividade dos rebanhos na maioria das regiões do país: as deficiências de pastagens e a aplicação de técnicas reprodutivas inadequadas. Os baixos índices reprodutivos das raças zebuínas, constantemente mencionados pela literatura científica, impõem prejuízos

econômicos graves à atividade e limitam a implementação de programas de melhoramento genético.

Os processos seletivos em pecuária de corte tropical, especialmente em bovinos *Bos indicus*, têm sido dedicados principalmente ao desenvolvimento ponderal, mas, recentemente, a atenção tem se voltado, também, para as características reprodutivas.

As metodologias de análise de características reprodutivas, medidas diretamente na fêmea, tiveram desenvolvimento mais lento e têm sido, até agora, pouco exploradas em termos práticos, principalmente por: 1) o conceito “pré-estabelecido” de que características reprodutivas são de baixa herdabilidade e por isto de difícil mudança genética; 2) ineficiência na coleta de dados reprodutivos, não permitindo o estabelecimento confiável do mérito genético dos animais para tais características; 3) natureza categórica de limiar (sim ou não) das características mais importantes, demandando procedimentos analíticos especiais só desenvolvidos mais recentemente. Esses procedimentos são mais complexos do que aqueles utilizados para características representadas por variáveis contínuas, como as de desempenho ponderal.

Uma das características adotadas para medir a precocidade sexual em fêmeas é a Idade ao Primeiro Parto. Essa característica registra o início da vida produtiva das novilhas e reflete a produtividade dos rebanhos.

A antecipação da idade ao primeiro parto está diretamente ligada à eficiência e à lucratividade da produção de carne bovina. Vários trabalhos na literatura têm demonstrado a vantagem em iniciar mais cedo a vida reprodutiva das novilhas. Segundo Martin et al. (1992), citados por DIAS et al.

(2004), o desempenho reprodutivo das novilhas depende da idade em que essas fêmeas criam pela primeira vez. Novilhas que criam mais cedo têm maior vida produtiva que as fêmeas mais tardias; assim, novilhas que criam pela primeira vez aos 2 anos de idade deverão produzir mais bezerros do que as que criam aos 3 anos de idade.

Entre as principais vantagens em emprenhar as novilhas mais jovens estão: a) menor tempo para obter retorno do investimento, b) aumento da vida reprodutiva da vaca e c) aumento do número de bezerros.

A probabilidade de prenhez de novilhas pode ser definida como a observação referente a uma novilha conceber e permanecer prenhe até o diagnóstico de gestação, dado que ela teve oportunidade de ser acasalada.

Em meados da década de 90, pesquisadores da Universidade Estadual do Colorado, EUA, iniciaram estudos relacionados com a avaliação genética de dados de prenhez de novilhas. Esta característica categórica de limiar (prenhe ou vazia) está relacionada com a puberdade e depende da exposição das fêmeas ao touro por monta natural ou por inseminação artificial e do diagnóstico de gestação. No entanto, para uma avaliação correta, todas as fêmeas jovens devem participar da estação de monta, independente do seu peso ou estado corporal. Ao final da estação de monta, as fêmeas prenhes recebem valor 1 e as vazias, 0.

Em 1999 e 2000 alguns desses trabalhos sobre prenhez de novilhas, desenvolvidos na Universidade do Colorado, foram publicados (EVANS et al., 1999 e DOYLE et al., 2000), sugerindo que a característica apresentava herdabilidade mediana. Em 2001, o Grupo de Melhoramento Animal (GMA) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de

São Paulo iniciou o processamento de análises dos dados da Agropecuária CFM acumulados até então. Os modelos estatísticos propostos para o gado europeu foram adequados para utilização em análises de dados referentes ao sistema de criação na raça Nelore.

Os resultados obtidos (ELER et al., 2002) foram surpreendentes. Enquanto os coeficientes de herdabilidade estimados por vários autores ficavam entre 14 e 27% (EVANS et al., 1999 e DOYLE et al., 2000), as estimativas para *Bos indicus*, na raça Nelore, chegaram a 57%. A alta herdabilidade obtida na raça Nelore pode ter sua explicação na pequena pressão de seleção direta para precocidade. Os dados de campo mostraram que a raça Nelore apresenta grande variabilidade para prenhez aos 14 meses. Alguns touros chegaram a apresentar 55% das filhas emprenhando enquanto outros, apenas 1 ou 2%. Isto indicava claramente que filhas de determinados touros atingem a puberdade mais cedo e que filhas de outros touros atingem mais tarde. Esta variabilidade entre os touros (pais das novilhas) é responsável, pelo menos em parte, pelo coeficiente de herdabilidade elevado. Essas diferenças só puderam ser detectadas a partir do momento que a CFM decidiu pelo desafio das novilhas aos 14 meses e também pela utilização da nova metodologia de análise de dados.

Estudando uma população da raça Nelore, com cerca de 25.000 novilhas expostas à reprodução aos 14 meses de idade, ELER et al. (2002) e ELER et al. (2004) obtiveram valores de herdabilidade em torno de 0,67, também utilizando modelos não lineares. Em outra população, utilizando a mesma metodologia, SILVA et al. (2005) obtiveram valores de herdabilidade

iguais a 0,52 para novilhas expostas aos 16 meses de idade e 0,12 para novilhas expostas aos 24 meses.

A complexidade biológica para medir a eficiência reprodutiva, poucas informações existentes sobre as características a serem avaliadas e o processo de obtenção dos dados em nível de rebanho constituem entraves que dificultam a implantação de algum tipo de seleção visando a identificação de animais precoces sexualmente.

No Brasil, TEIXEIRA (1997), ao simular três sistemas de produção para novilhas Nelore, verificou que a antecipação do primeiro parto para os 27-30 meses de idade acarretaria, entre outras vantagens, o aumento na receita bruta da atividade pecuária.

Grande parte dos criadores comerciais de gado Nelore diz não ter condições de clima, pastagens e manejo para fazerem a primeira estação de monta das novilhas aos 14 meses. Mesmo assumindo como verdadeira tal afirmação, a utilização de touros identificados como de alto mérito genético para precocidade sexual, permitiria a esses criadores uma redução na idade à puberdade em seus plantéis, prenhez antes dos 24 meses de idade e aumento das taxas de prenhez no início da estação de monta para as novilhas que entram na referida estação com idade em torno de 24 meses. Consequentemente haveria uma diminuição da idade ao primeiro parto dessas novilhas.

Entretanto, selecionar para precocidade sexual das fêmeas não é simples, pois as características reprodutivas, geralmente, têm baixas herdabilidades e não são facilmente mensuradas. Além disso, alguns produtores atrasam a entrada das fêmeas na reprodução determinando uma

idade ou um peso para que estas iniciem sua vida reprodutiva, dificultando ainda mais a identificação das fêmeas mais precoces sexualmente.

2.3. Avaliação de características Categóricas

O desenvolvimento de metodologias específicas para análises de dados categóricos veio ao encontro das necessidades dos pesquisadores, pois auxiliou no estudo e viabilizou a utilização de características como Habilidade de Permanência no Rebanho. Como alternativa aos modelos lineares, modelos não-lineares, principalmente o de limiar, têm sido propostos para análises de variáveis categóricas em melhoramento animal. ABDEL-AZIM e BERGER (1999) destacaram que a principal importância do uso de modelos de limiar seria a estimação de componentes de variância quando se tem apenas um limiar e que a acurácia das estimativas aumentaria se aumentasse o número de categorias da característica, se a distribuição estivesse mais próxima da normal ou se houvesse número balanceado de dados.

Segundo revisão de SILVA et al. (2003), várias análises de HP utilizando modelos lineares resultaram em estimativas de herdabilidade menores que 0,10. Utilizando abordagens não-lineares, as herdabilidades para habilidade de permanência aos 41 e 54 meses foram estimadas em 0,12 e 0,15, não corrigindo, e 0,28 e 0,26, corrigindo para escala subjacente, pelo método de Van Vleck (1972). Estes resultados sugerem que os métodos não-lineares podem ter maior habilidade para detectar variação genética que os métodos lineares (DUCROCQ et al., 1988).

A Melhor Predição Linear Não Viesada (BLUP), conforme salientado por THOMPSON (1979), GIANOLA (1980; 1982) e HOESCHELE (1988), não seria apropriada para as variáveis categóricas, pois elas violariam várias pressuposições existentes nas metodologias de modelos mistos. Os autores identificaram e discutiram alguns problemas nas análises de dados binomiais com modelo linear. Alguns dos problemas mais críticos são: 1) as variâncias das características categóricas são heterogêneas, 2) as soluções do BLUP não tomam em consideração a restrição de que a soma das probabilidades de resposta tenha que ser igual a 1 entre todas as categorias de resposta, 3) a variância genética aditiva na escala observada depende da incidência da característica na população, 4) a possibilidade que o efeito genético não aditivo esteja presente na escala observada no caso em que toda a variação genética é aditiva na escala subjacente e 5) quando a esperança condicional das predições dado os dados é não linear, as propriedades de classificação do melhor preditor linear não parecem ser otimizados.

Os procedimentos para análise de dados genéticos descontínuos estão divididos em dois grupos e a distinção entre eles depende se assume-se, ou não, a distribuição contínua subjacente. O segundo grupo inclui métodos que ignoram a natureza discreta dos dados categóricos e a análise procede ao se usar o procedimento linear como se os dados fossem contínuos. O primeiro envolve o conceito de limiar, ou threshold (FALCONER, 1989), que assume uma distribuição normal, não observável, subjacente para a variável discreta mensurada. A conexão da variável discreta e a escala contínua subjacente é gerada por um conjunto de limiares fixos. Enfim, a variável subjacente é descrita pelo modelo linear, mas a relação da variável subjacente e a externa

ou escala observada é não linear. Vários autores (FOULLEY et al., 1987; SOTO-MURRILLO, 1991) apresentaram e discutiram várias estratégias de análises genéticas de dados discretos em melhoramento animal. Os procedimentos lineares são descritos como não apropriados para quantificar a natureza discreta dos dados categóricos.

Segundo revisão de GIANOLA e NORTON (1981), DEMPSTER e LERNER (1950) mostraram que, para variáveis binárias, a seleção na escala observada resulta em ganhos genéticos menores do que seriam realizados da seleção na escala subjacente.

Segundo RAMIREZ-VALVERDE et al. (2001), o modelo de limiar ofereceria vantagens sobre o modelo linear nas análises sob modelo animal, mas não sob modelo de touro-avô materno, para a característica de dificuldade de parição da raça Gelbvieh americana.

SNELLING et al. (1995) comparando métodos lineares e não-lineares para obtenção dos parâmetros genéticos para habilidade de permanência, utilizaram os métodos de máxima verossimilhança restrita, REML (PATTERSON e THOMPSON, 1971) e de máxima verossimilhança marginal, utilizando abordagem Bayesiana, MML (HOESCHELE et al., 1987), na análise de dados de dois rebanhos da raça Hereford e reportaram estimativas de herdabilidade não diferentes de zero obtida por REML, e estimativas iguais a 0,21 e 0,30 para os dois rebanhos, por MML. Os autores sugeriram que o MML seria um método analítico mais apropriado para dados categóricos.

Outra opção de análise para variáveis binárias seria a utilização da técnica de modelos lineares generalizados (MLG), desenvolvida por NELDER e WEDDERBURN (1972). Os MLG permitem a generalização ou

flexibilização dos modelos lineares, possibilitando, assim, a utilização da estrutura para a estimação e predição em modelos lineares convencionais em modelos não lineares.

Segundo RESENDE e BIELE (2002), o modelo linear generalizado pode ser definido por: (i) um componente aleatório associado à distribuição da variável resposta; (ii) um componente sistemático linear nos parâmetros, denominado preditor linear ou estrutura linear do modelo; (iii) uma função de ligação, a qual combina o componente aleatório e o componente sistemático, Em modelos mistos, o componente sistemático dos MLG refere-se aos modelos lineares clássicos exceto o termo do erro. Para o caso de variáveis binomiais, a função de ligação deve ser incorporada aos preditores (BLUP) dos efeitos aleatórios e estimadores (REML) dos componentes de variância dos efeitos aleatórios (GILMOUR et al. ,1985 e SCHALL ,1991).

2.4. Metodologias de estimação de componentes genéticos

Para estimação dos parâmetros genéticos a modelagem é um aspecto muito importante. A escolha dos modelos estatísticos a serem utilizados na predição dos valores genéticos da população é um dos primeiros passos para obtenção do sucesso nos programas de melhoramento genético.

O conhecimento prévio dos componentes de (co)variância é necessário na predição dos valores genéticos, quando se faz uso de métodos de predição como o BLUP. Entretanto, estes componentes não são geralmente conhecidos e podem ser estimados por vários métodos.

O método da Máxima Verossimilhança (ML), derivado por Hartley e Rao (1967), citados por THOMPSON (1979), utiliza-se de formas quadráticas calculadas, levando-se em consideração os próprios valores dos parâmetros, portanto, as esperanças dessas formas quadráticas não são lineares nos parâmetros e devem ser solucionadas iterativamente, o que dificulta a obtenção das estimativas.

Para obtenção dos estimadores ML, é necessário o conhecimento da distribuição da variável em estudo. De acordo com ANDERSON (1984), este método é iterativo, fornece estimativas não-negativas dos componentes de variância e elimina o “viés” atribuído às mudanças nas frequências gênicas resultantes da seleção (ROTHSCHILD et al., 1979), porém não considera a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos do modelo. A estimação por meio do método ML requer a inversa da matriz da parte de efeitos aleatórios das equações de modelos mistos e isto pode ser computacionalmente difícil para esquemas complexos que envolvem vários fatores aleatórios com números grandes de níveis e por isso, segundo BLASCO (2001), o ML não foi utilizado para determinação do valor genético até recentemente. Outra limitação do ML é que a normalidade é requerida para que os estimadores tenham a propriedade de máxima verossimilhança (KENNEDY, 1981).

PATTERSON e THOMPSON (1971) desenvolveram o método que é atualmente utilizado, denominado método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). A diferença deste para o método ML é que, ao invés de se utilizar toda a função de verossimilhança, se utilizam apenas dos termos da verossimilhança relativos a contrastes ortogonais da parte aleatória das

observações, pois os contrastes entre os efeitos fixos fornecem nenhuma informação adicional sobre o resíduo, ou sobre os efeitos aleatórios. O método REML tem a vantagem de dar o mesmo resultado da ANOVA – Análise de Variância – em dados balanceados (ANOVA é não viesada com variância mínima para tal situação).

De acordo com MEYER (1986) o método da máxima verossimilhança restrita é o mais recomendado para dados desbalanceados. A mesma autora considera o método do REML mais adequado para estimação de parâmetros genéticos dos dados de melhoramento animal, pois além de considerar a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos, as estimativas permanecem sempre dentro do espaço paramétrico. Esse método evita erros de pequenas amostras associadas aos efeitos fixos e erros provenientes de seleção nos dados.

De acordo com PATTERSON e THOMPSON (1971), o REML baseia-se na maximização da função densidade probabilidade da parte referente aos efeitos aleatórios em relação aos componentes de variância. Deste modo, não ocorre o “viés” resultante da perda de graus de liberdade na estimação dos efeitos fixos. No REML, cada observação é dividida em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos e outra aos aleatórios, portanto, as estimativas para estes efeitos são também independentes.

Existem alguns autores que questionam a superioridade do método REML, mas GIANOLA e FERNANDO (1986), utilizando-se de argumentos Bayesianos, apresentaram razões consistentes para que o método REML seja considerado superior ao ML. Segundo esses autores, os chamados efeitos fixos são parâmetros de distúrbio, quando os interesses são os

componentes de variância dos efeitos aleatórios, e o que se faz, quando se excluem os contrastes dos efeitos fixos e se utilizam apenas a verossimilhança dos contrastes entre as partes aleatórias das observações, é eliminar os parâmetros de distúrbio por meio de integração. Isto equivale a fazer inferências sobre a distribuição marginal dos componentes de (co)variância, o que é coerente, visto que esses componentes são obtidos numa etapa anterior e, portanto, devem ser válidos para quaisquer que sejam os valores dos efeitos fixos a serem estimados.

De modo geral, a obtenção das estimativas pelo REML implica no uso de métodos que demandam grande esforço computacional, em termos de memória e tempo de processamento. Para contornar esse problema GRASER et al. (1987) propuseram um algoritmo para análise de uma característica, no qual o ponto de máximo do logaritmo da função densidade de probabilidade da parte aleatória das observações é determinado por meio de sucessivas avaliações da função, a partir de valores atribuídos à razão entre os componentes de variância genética aditiva e residual. Este algoritmo não envolve a derivação da função densidade de probabilidade, em relação aos componentes de variância, para o estabelecimento do sistema de equações. Em razão disso, foi denominado DFREML (Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood ou Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas). BOLDMAN et al. (1995) desenvolveram um aplicativo, o MTDFREML (Multiple-Trait Derivative-Free Maximum Likelihood ou Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas - Características Múltiplas), para características múltiplas, em modelos com dois ou mais fatores aleatórios.

A não-normalidade dos dados, a assimetria e a curtose associadas aos dados também influenciam as inferências obtidas, sendo mais problemáticas em análises multivariadas (COCHRAN e COX, 1978; BROWNIE et al., 1990 e AZZALINI e VALLE, 1996).

Apesar da pressuposição de normalidade dos dados ser crucial para o procedimento de estimação por ML e REML, a literatura não é informativa sobre como o não atendimento desta exigência influencia as estimativas de parâmetros genéticos no melhoramento animal (FREITAS, 2000). Na análise de variância, entretanto, há evidências de que os valores da curtose e, em menor extensão, da assimetria dos dados (SCHEFFÉ, 1959) são os indicadores mais importantes de como os desvios de normalidade dos dados influenciam as inferências obtidas. Segundo COCHRAN e COX (1978), a não-normalidade dos dados pode influir negativamente na estimação dos efeitos fixos, no uso dos testes t e F e na heterogeneidade da variância do erro.

Este fato comprova a hipótese de homogeneidade de variância por meio dos efeitos fixos, assumida na REML, método mais utilizado para estimação de variâncias e covariâncias, nem sempre é atendida. Assumir esta hipótese na estrutura de dispersão dos dados, quando a mesma não é atendida, implica em prejuízos na resposta à seleção dos animais (GIANOLA et al., 1992).

4. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados nesse trabalho foram provenientes da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). A base conta com cerca de 1 milhão de animais na matriz de parentesco, cerca de 887 mil animais com alguma mensuração. Neste trabalho, utilizaram-se dados referentes a 5404 matrizes da raça Nelore. Essas matrizes eram provenientes do acasalamento de 579 machos. O número de animais presentes na matriz de parentesco utilizada nas análises foi de 9579.

Para melhor consistência dos dados, foram eliminados registros de produção e ascendências incompletas.

A Habilidade de Permanência no Rebanho (HP) foi definida para as matrizes que apresentaram registros de pelo menos um parto até a idade de 36 meses. Observações binárias, com zero (fracasso) e um (sucesso) foram designadas aos animais. O sucesso foi atribuído às vacas que alcançaram a

idade específica e o fracasso, àquelas que não a atingiram. Nesse estudo, a definição da característica teve o propósito de permitir a decisão de descarte da matriz aos 36 meses.

Como critério de comparação, utilizou-se a característica Idade ao Primeiro Parto (IPP). Definiu-se o ponto de descarte a idade de 36 meses. Fêmeas que apresentaram IPP superior a 36 meses foram descartadas da análise. Foram utilizados dados de 3385 fêmeas para determinação da herdabilidade da característica IPP.

O modelo utilizado nas análises foi o modelo de Touro que pode ser descrito como:

$$y = Xb + Za + e; \text{ em que:}$$

y = vetor de observações;

X = matriz de incidência de efeitos fixos de grupo contemporâneo;

b = vetor de efeitos fixos;

Z = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos diretos de reprodutor;

a = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos de reprodutor;

e = vetor de efeito residual.

O modelo considerado incluiu o efeito fixo de grupos contemporâneos formados pela combinação de rebanho e ano, o que gerou 134 grupos contemporâneos diferentes.

Para estimação dos parâmetros genéticos, a metodologia utilizada foi a Máxima Verossimilhança Restrita (REML). Estimou-se os componentes de

variância para a característica Idade ao Primeiro Parto (IPP) – característica contínua com distribuição normal – e HP, utilizando as transformações LOGIT e PROBIT.

A função de ligação representa um modelo biológico da média, ou seja, assume-se que as respostas binomiais (0 ou 1) sejam manifestações observáveis de processos subjacentes contínuos não observáveis. Esta idéia de uma variável subjacente normal é compatível com o modelo genético aditivo infinitesimal.

O modelo Logit admite que a relação entre $P_i = E(Y=1 | X_{1i}, \dots, X_{ni})$ e as variáveis explicativas X_{1i}, \dots, X_{ni} é não linear e garante que as probabilidades variam entre 0 e 1.

Este modelo assume a seguinte forma:

$P_i = E(Y=1 | X_{1i}, \dots, X_{ni}) = G(b_0 + b_1X_{1i}, \dots, b_nX_{ni})$, com G uma função que satisfaz a condição $0 < G(z) < 1$, para qualquer valor real z .

O modelo Logit considera uma função de distribuição acumulada logística.

A função não linear Logit é dada pela seguinte relação:

$$P_i = E(Y=1 | X_{1i}, \dots, X_{ni}) = \frac{e^{(b_0 + b_1X_{1i} + \dots + b_nX_{ni})}}{[1 + e^{(b_0 + b_1X_{1i} + \dots + b_nX_{ni})}]} \quad (1)$$

O método da Máxima Verosimilhança é normalmente utilizado para a estimação do modelo (1).

O objetivo deste método é maximizar a função da Verosimilhança (ou o logaritmo desta), isto é, obter, através de um processo iterativo, os valores

dos parâmetros do modelo de modo que a probabilidade de observar os valores de Y_i seja a mais alta (máxima) possível.

O modelo Logit utiliza a função acumulada logística, fornecida pela equação (1), contudo existem outras alternativas.

O Modelo Probit (ou Normit) é uma alternativa do modelo Logit que admite a função de distribuição Normal para expressar a relação não linear entre as probabilidades estimadas da variável dependente e as variáveis explicativas.

O Modelo Probit admite a seguinte hipótese:

$$L_i = b_0 + b_1X_{1i} + \dots + b_nX_{ni} \quad (2)$$

Em que L_i é um índice não observado dependente das variáveis X_{1i}, \dots, X_{ni} de tal modo que quanto maior é o valor do índice L_i maior é a probabilidade de o indivíduo possuir a característica de interesse.

Assume-se também que corresponde um nível limiar (crítico) do índice L_i^* tal que, se $L_i^* \leq L_i$ o indivíduo possui a característica de interesse, caso contrário não possui esta característica.

Admitindo a hipótese da normalidade, a hipótese de que $L_i^* \leq L_i$ pode ser apresentada do seguinte modo

$$\begin{aligned} P_i = P_i(Y_i=1 | X_{1i}, \dots, X_{ni}) &= P(L_i^* \leq L_i) = P(Z_i \leq b_0 + b_1X_{1i} + \dots + b_nX_{ni}) = \\ &= F(b_0 + b_1X_{1i} + \dots + b_nX_{ni}) \end{aligned} \quad (3)$$

onde $Z_i \sim N(0, 1)$ e

$$F(I_i) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_{-\infty}^{I_i} e^{(-Z^2/2)} dZ = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_{-\infty}^{b_0 + b_1X_{1i} + \dots + b_nX_{ni}} e^{(-Z^2/2)} dZ$$

Esta função permite que a probabilidade P_i permaneça entre 0 e 1, ou

$$\text{seja } \lim_{Z \rightarrow +\infty} F(Z) = 1 \quad \text{e} \quad \lim_{Z \rightarrow -\infty} F(Z) = 0$$

O modelo probit é estimado pelo método da Máxima Verosimilhança, método de estimação não linear.

Os resultados das estimações dos modelos Logit e Probit são similares em termos de significância estatística e precisão de ajustamento, contudo, os valores dos coeficientes estimados não são diretamente comparáveis.

A principal diferença entre os dois modelos está no fato de a distribuição logística apresentar caudas ligeiramente mais grossas do que a distribuição normal do modelo probit, isto é, a probabilidade condicional P_i se aproxima mais lentamente para o 0 ou 1 do que no caso do modelo probit.

Basicamente, não há razão forte que justifica optar por um dos dois modelos, uma vez que o método de estimação é o mesmo (método da Máxima Verosimilhança) e diferem apenas na função de distribuição acumulada.

Na prática, o modelo logit é mais utilizado devido a sua especificação matemática mais simples.

Do ponto de vista da seleção, o melhoramento genético depende do uso adequado da variação genética da característica selecionada. Desse modo, o conhecimento das herdabilidades das características de interesse e das correlações genéticas entre elas é necessário, para que a variação genética seja eficientemente utilizada em um programa de seleção, pois esses parâmetros genéticos permitem a predição das respostas direta e correlacionada à seleção e a definição do método de seleção mais apropriado. Assim, utilizou-se as correlações de Pearson, Spearman e

Kendall, calculadas a partir dos valores genéticos de touros estimados, para avaliar o melhor método de avaliação animal.

O coeficiente de Correlação de Pearson foi utilizado para se determinar as correlações genéticas entre os valores genéticos dos touros para as características avaliadas neste estudo.

A utilização da correlação de Spearman e da correlação de Kendall teve o propósito de se avaliar a consistência da ordenação dos valores genéticos dos touros para as características IPP e HP, utilizando os componentes de variância obtidos pelos dois métodos de estimação – Logit e Probit – uma vez que o maior interesse das empresas e criadores que necessitam utilizar reprodutores e matrizes é que estes animais sejam avaliados e ordenados corretamente. Assim, é possível maximizar o progresso genético do rebanho e os lucros das propriedades.

As herdabilidades para a característica HP foram calculadas de acordo com as fórmulas sugeridas por RESENDE (2002). As fórmulas utilizadas foram:

a) $h^2 = 4.\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \pi^2/3)$, para cálculo da Herdabilidade na transformação LOGIT para a característica HP;

b) $h^2 = 4.\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + 1)$, para cálculo da Herdabilidade na transformação PROBIT para a característica HP;

Para o cálculo da Herdabilidade da característica IPP, sob modelo de Touro utilizou-se, utilizou-se a fórmula: $h^2 = 4.\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_e^2)$.

As análises foram realizadas utilizando-se os modelos descritos anteriormente e utilizando-se o software ASREML (GILMOUR et al., 2000). O software ASREML utiliza, para as análises, o algoritmo AI-REML (Average

Information REML) desenvolvido por GILMOUR et al. (1995) e JOHNSON e THOMPSON (1995), e a metodologia de SCHALL (1991). O ASREML fornece estimativas aproximadas de máxima verossimilhança (quasi-likelihood) para o efeito aleatório no caso de modelo linear generalizado misto.

A determinação dos coeficientes de correlação e os ajustes do banco de dados foram feitos utilizando o programa SAS (SAS, 2000).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O número de observações, média, desvio-padrão e valores mínimos e máximos para as características Idade ao Primeiro Parto (IPP) e Habilidade de Permanência (HP) são apresentados na Tabela 1.

Na figuras 01, é apresentado o gráfico de distribuição da frequência para a características HP para a amostra analisada.

Tabela 1 - Número de observações (N), média, desvio-padrão e valores mínimos e máximos para as características Idade ao Primeiro Parto e Habilidade de Permanência.

Característica	N	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
IPP	3385	33,2396	3,4645	22	36
HP*	5404	0,6264	0,4838	0	1

IPP = Idade ao Primeiro Parto

HP = Habilidade de Permanência no Rebanho

* Vacas que tiveram parto até os 36 meses de idade receberam valor 1 para a característica HP e aquelas que não apresentaram parto até os 36 meses receberam o valor 0.

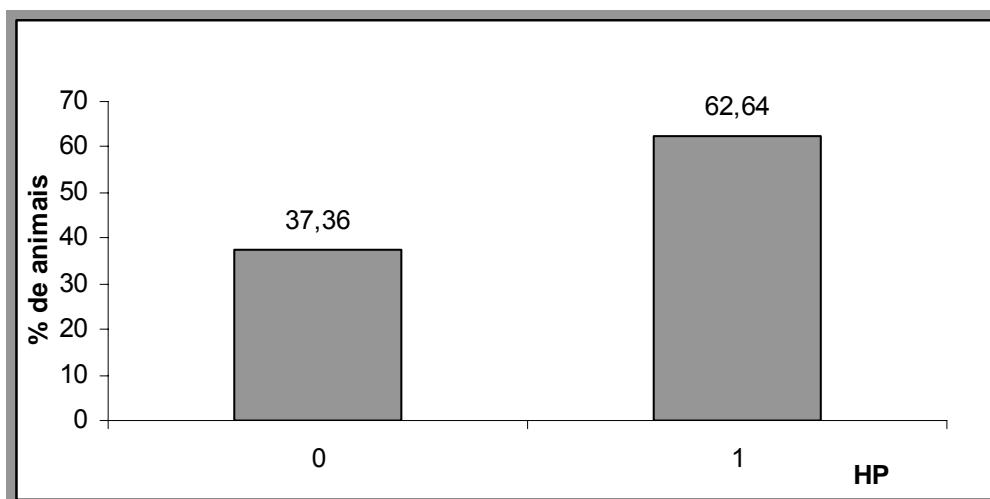


Figura 01 – Frequência para Habilidade de Permanência no Rebanho (HP)

Na figura 01, observa-se que a característica HP possui distribuição discreta, ou seja, HP é uma característica binária com valores 0 e 1.

Na amostra analisada, o número de vacas que apresentaram partos até os 36 meses de idade (62,64%) foi superior ao número daquelas que não apresentaram (37,36%). Como a característica HP é originada da codificação da característica IPP, os 62,64% dos 5404 animais avaliados para HP, que receberam a codificação “1”, foram os mesmos animais presentes na análise de IPP.

A definição da característica, neste estudo, objetivou avaliar a tomada de decisão de descarte da matriz aos 36 meses. Uma outra definição poderia ser exemplificada pelo estudo de NIETO et al. (2007) que considerou a idade de 76 meses, desde que a matriz tenha tido pelo menos três partos até a idade. Essas possibilidades de diferentes definições tornam-se úteis ao produtor uma vez que ele pode adequar a característica a seus objetivos de produção.

Nas tabelas 2, 3 e 4, são apresentados, respectivamente, os coeficientes de correlação de Pearson, Spearman e Kendall entre os valores genéticos estimados de touros para as características Habilidade de Permanência e Idade ao Primeiro Parto.

Tabela 2 – Coeficientes de correlação de Pearson entre os valores genéticos estimados de touros para as características Habilidade de Permanência – utilizando funções de ligação PROBIT e LOGIT – e Idade ao Primeiro Parto

Características	Coeficiente de Correlação	PROB
HP _{LOGIT} - HP _{PROBIT}	0,9453	<0,0001
HP _{LOGIT} - IPP	-0,6182	<0,0001
HP _{PROBIT} - IPP	-0,6555	<0,0001

HP_{LOGIT}=Habilidade de Permanência no Rebanho utilizando a função de ligação LOGIT
 HP_{PROBIT}= Habilidade de Permanência no Rebanho utilizando a função de ligação PROBIT
 IPP=Idade ao Primeiro Parto
 PROB=Nível de significância (Valor P)

Tabela 3 – Coeficientes de correlação de Spearman entre os valores genéticos estimados de touros para as características Habilidade de Permanência – utilizando funções de ligação PROBIT e LOGIT – e Idade ao Primeiro Parto

Características	Coeficiente de Correlação	PROB
HP _{LOGIT} - HP _{PROBIT}	1,0000	<0,0001
HP _{LOGIT} - IPP	-0,9330	<0,0001
HP _{PROBIT} - IPP	-0,9330	<0,0001

HP_{LOGIT}=Habilidade de Permanência no Rebanho utilizando a função de ligação LOGIT
 HP_{PROBIT}= Habilidade de Permanência no Rebanho utilizando a função de ligação PROBIT
 IPP=Idade ao Primeiro Parto
 PROB=Nível de significância (Valor P)

Tabela 4 – Coeficientes de correlação de Kendall entre os valores genéticos estimados de touros para as características Habilidade de Permanência – utilizando funções de ligação PROBIT e LOGIT – e Idade ao Primeiro Parto

Características	Coeficiente de Correlação	PROB
HP _{LOGIT} - HP _{PROBIT}	0,9998	<0,0001
HP _{LOGIT} - IPP	-0,9294	<0,0001
HP _{PROBIT} - IPP	-0,9295	<0,0001

HP_{LOGIT}=Habilidade de Permanência no Rebanho utilizando a função de ligação LOGIT
 HP_{PROBIT}= Habilidade de Permanência no Rebanho utilizando a função de ligação PROBIT
 IPP=Idade ao Primeiro Parto
 PROB=Nível de significância (Valor P)

Os coeficientes de correlação de Pearson, ou correlações simples, foram calculados a partir dos valores genéticos de touros estimados pela análise. Como esperado, os resultados das correlações entre IPP e HP, apresentados na tabela 2, indicam que existe alta correlação entre as características ($HP_{LOGIT} - HP_{PROBIT} = 0,9453$, $HP_{LOGIT} - IPP = -0,6182$ e $HP_{PROBIT} - IPP = -0,6555$) sugerindo que o uso de uma delas como critério de seleção poderá gerar ganhos nas outras.

Os coeficientes de correlação de Spearman e Kendall (tabelas 3 e 4, respectivamente) foram calculados a partir da classificação, ou ordenação, dos valores genético de touro. Os resultados indicam que as classificações dos valores genéticos dos touros para HP_{LOGIT} , HP_{PROBIT} e IPP foram altamente correlacionadas (para Spearman: $HP_{LOGIT} - HP_{PROBIT} = 1,0000$, $HP_{LOGIT} - IPP = -0,9333$ e $HP_{PROBIT} - IPP = -0,9333$; para Kendall: $HP_{LOGIT} - HP_{PROBIT} = 0,9998$, $HP_{LOGIT} - IPP = -0,9294$ e $HP_{PROBIT} - IPP = -0,9295$). Essas correlações sugerem que praticamente não houve diferenças na ordenação dos animais nas metodologias utilizadas para avaliação animal. Qualquer metodologia utilizada ou característica definida como critério de seleção levaria, praticamente, a escolha dos mesmos animais.

As altas correlações entre valores genéticos estimados entre IPP e HP indicam que estas características são determinadas, em grande parte, pelos mesmos conjuntos de genes.

Na tabela 5, são apresentadas as estimativas do componente de variância de reprodutor, variâncias ambientais e herdabilidades para as características Habilidade de Permanência no Rebanho (LOGIT e PROBIT) e Idade ao Primeiro Parto.

Tabela 5 - Estimativas do componente de variância de reprodutor (σ_s^2), variâncias ambientais (σ_e^2) e herdabilidades (h^2) para as características Habilidade de Permanência no Rebanho – LOGIT e PROBIT - e Idade ao Primeiro Parto. 0,0709

Habilidade de Permanência no Rebanho (HP)			
Função de Ligação	σ_s^2	σ_e^2	$h^2 \pm EP^*$
LOGIT	0,0851	1,00	0,1009 ^a \pm 0,03
PROBIT	0,0317	1,00	0,123 ^b \pm 0,08
Idade ao Primeiro Parto (IPP)			
	σ_s^2	σ_e^2	$h^2 \pm EP^*$
	1,4208	10,5742	0,4738 ^c \pm 0,16

* EP = Erro Padrão

^a - O cálculo da Herdabilidade na transformação LOGIT para a característica HP foi feito pela fórmula $h^2 = 4.\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \pi^2/3)$

^b - O cálculo da Herdabilidade na transformação PROBIT para a característica HP foi feito pela fórmula $h^2 = 4.\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + 1)$

^c - O cálculo da Herdabilidade para a característica IPP foi feito pela fórmula $h^2 = 4.\sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_e^2)$

Os resultados indicaram a presença de variação genética aditiva para as características estudadas. As estimativas obtidas para a Habilidade de Permanência foram baixas, mas sugerem a possibilidade de obtenção de resposta à seleção se a habilidade de permanência for empregada como critério de seleção. O uso de touros geneticamente superiores para essa característica deve resultar em filhas com maior probabilidade de permanecerem produtivas no rebanho aos 36 meses de idade, trazendo benefícios econômicos, com efeitos a médio e a longo prazo, uma vez que os ganhos obtidos com o uso contínuo de reprodutores geneticamente melhorados são permanentes e cumulativos.

Não foi encontrado, na literatura, nenhum trabalho que avaliasse a HP aos 36 meses. Os trabalhos encontrados relatam herdabilidades para a

característica Habilidade de permanência no Rebanho com variações na definição (idade limite e número de partos anteriores), bem como na metodologia de estimação (como a Estatística Bayesiana), quase sempre obtidas com modelo touro de limiar.

MERCADANTE et al. (2004), com o objetivo de estudar a HP até os cinco anos, definiu a variável de resposta como a permanência da vaca no rebanho até cinco anos de idade, dado que ela foi selecionada e codificada como 0=fracasso (descartada) ou 1=sucesso (não descartada). A probabilidade de sucesso foi modelada com função de ligação probit (modelo de limiar) em modelo linear generalizado. As herdabilidades, estimadas via modelo animal, modelo touro e modelo touro avô-materno, foram iguais a $0,06 \pm 0,06$; $0,15 \pm 0,13$ e $0,16 \pm 0,13$, respectivamente.

QUEIROZ et al. (2007) estimando a herdabilidade para a característica habilidade de permanência, definida como a probabilidade da vaca estar presente no rebanho aos 48 (HP48), aos 60 (HP60) e aos 72 (HP72) meses, desde que possuíssem registros de pelo menos duas lactações nas específicas idades, em um rebanho de bovinos da raça Caracu e mediante inferência Bayesiana, via amostragem de Gibbs, pelo programa MTGSAM – threshold para estimação dos componentes de variância e herdabilidades, encontraram médias de herdabilidade iguais a $0,28 \pm 0,07$ para HP48, $0,27 \pm 0,07$ para HP60 e $0,23 \pm 0,07$ para HP72.

Em estudo para verificar a possibilidade da característica habilidade de permanência, definida como a probabilidade de uma vaca parir, no rebanho, na idade de seis anos ou depois desta idade, dado que ela teve uma parição em data anterior, ser utilizada como critério de seleção na raça Nelore, Silva

et al. (2003) analisaram informações de 55.682 animais, utilizando a amostragem de Gibbs para estimar os componentes de variância e um modelo de limiar de máximo a posteriori para prever os valores genéticos. A análise forneceu estimativa posterior de herdabilidade e desvio-padrão de 0,21 e tendência genética, média por ano, de 0,14% para HP. A facilidade de mensuração da característica, a estimativa de herdabilidade e a tendência indicaram que a utilização desta característica como critério de seleção pode contribuir para o aumento da fertilidade do rebanho. Por outro lado, TEIXEIRA et al. (2003) observaram, na raça Holandesa, valores iguais a 0,01 para HP48, 0,02 para HP60 e 0,05 para HP72.

Em estudo na raça Canchim, NIETO et al. (2007) definiu a HP como a probabilidade de uma matriz ter três partos ou mais até os 76 meses de idade, desde que ela tenha tido a oportunidade de se reproduzir pelo menos uma vez. Codificações binárias, com 0 para indicar fracasso e 1 para indicar sucesso, foram feitas para cada fêmea. Uma codificação alternativa, com quatro categorias, considerou os valores 0, 1, 2 e 3, respectivamente, para vacas com menos de três, com três, quatro ou cinco partos até os 76 meses de idade. As análises foram processadas pela aplicação de um modelo unicaracterístico de touro avô-materno. Utilizou-se a amostragem de Gibbs para estimar os componentes de variância e herdabilidades. As estimativas de herdabilidade foram de 0,07, para a característica definida pelo modelo binário, e de 0,08, para a característica definida pelo modelo com quatro categorias. Os resultados indicaram pequenas diferenças na estimativa de herdabilidade, pelos modelos binário e com quatro categorias. Os autores sugeriram que as estimativas de herdabilidade, para a característica

habilidade de permanência, na raça Canchim, apresenta baixo potencial de resposta à seleção.

MARCONDES et al. (2005) obtiveram estimativas de herdabilidade e diferenças esperadas na progênie para probabilidade de permanência no rebanho até cinco anos, dado que a vaca tinha produzido pelo menos uma cria antes desta idade, e para habilidade de permanência até seis anos, dado que a vaca tinha produzido três crias, de 4180 touros com filhas na base de dados do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore. O modelo de limiar e modelo linear foram utilizados sob análise Bayesiana via software "Multiple-Trait Gibbs Sampler for Animal Models". As estimativas de herdabilidade foram de menor magnitude para o modelo linear, 0,065, contra 0,158 sob modelo de limiar. Quando transformadas para escala normal subjacente, o valor obtido ficou em $0,13 \pm 0,05$, bem próximo àquele encontrado sob modelo de limiar. A correlação entre classificações foi de 97%. O modelo de análise considerado para habilidade de permanência, sob enfoque bayesiano, parece não influenciar a classificação dos animais quanto aos valores genéticos preditos. Análises sob modelo linear, com reduzido tempo de processamento, poderiam ser preferidas bastando transformar a escala da característica para obter a estimativa de herdabilidade.

As DEPs de HP utilizadas na seleção de touros são principalmente uma predição da habilidade das suas filhas em conceber e produzir bezerros quando fêmeas maduras.

Outro ponto a ser observado, é que a HP é uma característica economicamente pertinente e importante, pois engloba outras características que (junto com seus valores econômicos) maximizam a resposta do objetivo

de seleção para um determinado sistema de produção e comercialização. A unidade de mudança genética em uma característica economicamente pertinente gera impactos diretos sobre a rentabilidade do empreendimento futuro. Em contraste, as características indicadoras são normalmente medidas em candidatos antes das decisões de seleção serem feitas e sem impacto no lucro do empreendimento. As características indicadoras da HP incluem registros de partos (parto da vaca em um determinado ano), peso da vaca, dias para o parto (ou intervalo de parto), e produção de leite (peso da desmama materno). Com isto, ao utilizar as DEPs de HP como critério de seleção incorporam-se estas características indicadoras, realizando sobre esta seleção indireta, e maximizando o possível ganho econômico.

Quanto a Idade ao Primeiro Parto, para a raça Nelore no Brasil, os valores encontrados são muitos variados e as metodologias utilizadas são diversas. Alguns autores relataram valores de herdabilidade mais elevados que o estimado no presente estudo ($0,47 \pm 0,16$). ELER et al. (2002) e ELER et al. (2004) obtiveram valores de herdabilidade em torno de 0,67. SILVA et al. (2005) obtiveram valores de herdabilidade iguais a 0,52 para novilhas expostas aos 16 meses de idade e 0,12 para novilhas expostas aos 24 meses.

Outros autores já relataram valores mais baixos, como MERCADANTE (1995) que encontrou herdabilidade de 0,28, Martins Filho & Lôbo (1991) e Garnero et al. (1999) que encontraram valores para herdabilidade de 0,19 e 0,15, respectivamente e GRESSLER (1998) que relatou herdabilidade de 0,02.

Ao trabalhar com a idade ao primeiro parto, apenas as fêmeas que possuem informações de parto são incluídas na análise e, assim, parte da variação existente na característica não tem como ser estimada. Essa seria a grande limitação de se trabalhar com a Idade ao Primeiro Parto. Entretanto, como a IPP apresentou altas correlações simples e de ordem com a HP, ela poderia ser bem utilizada, uma vez que o valor da herdabilidade estimado é consideravelmente alto e superior aos valores estimados para HP.

6. CONCLUSÕES

As estimativas de herdabilidade para a característica Habilidade de Permanência no Rebanho, embora não possam ser consideradas altas, sugerem que ganhos genéticos podem ser alcançados, indicando que é possível incluir esta característica em programas de seleção.

As correlações, tanto as de Pearson quanto as de ordem (Spearman e Kendall), encontradas entre a metodologia Probit e Logit para a característica Habilidade de Permanência no Rebanho foram elevadas, concluindo-se que não existe diferença entre as metodologias para a estimação dos valores genéticos e herdabilidades.

A Idade ao Primeiro Parto apresentou alta herdabilidade e altas correlações de Pearson e de ordem (Spearman e Kendall) com a HP. Desta forma, seria melhor selecionar para IPP, uma vez que a herdabilidade estimada é maior e que existe uma alta correlação de ordem com HP.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFIAS

- ABDEL-AZIM, G. A.; BERGER, P. J. Properties of Threshold Model Predictions. *Journal of Animal Science*, v 77:582–590, 1999.
- ANDERSON, R.D. Variance components. In: USE of mixed model for prediction and for estimation of (co)variance components. Armidale: University of New England, AGBU, p 77-145, 1984.
- ANUALPEC 2007: Anuário da Pecuária Brasileira. São Paulo: FNP, 410p, 2007.
- AZZALINI, A.; VALLE, A.D. The multivariate skewnormal distribution. *Biometrika*, v.83, n.4, p.715-726, 1996.
- BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. *J. Anim. Sci.*, v.79, n.8, p.2023-2046, 2001.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE L.A.; Van VLECK, L.D.; Van TASSELL, C.P.; KACHMAN, S.D. A Manual for Use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance [Draft]. Lincoln, U.S. Department of Agriculture, Agriculture Research Service, 115p, 1995.
- BROWNIE, C.; BOOS, D.D.; OLIVER, J.H. Modifying the t and ANOVA F tests when treatment is expected to increase variability relative to controls. *Biometrics*, v.46, n.1, p.259-266, 1990.

- COCHRAN, W.G.; COX, D.F. Desenho experimentales. Mexico: Trillas. 661p.,1978.
- DIAS, L.T., EI FARO, L., ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de Herdabilidade para Idade ao Primeiro Parto de Novilhas da Raça Nelore. R. Bras. Zootec., v.33, n.1, p.97-102, 2004.
- DOYLE, S.P.; GOLDEN, B.L.; GREEN, R.D.; BRINKS, J.S. Additive genetic parameter estimates for heifer pregnancy and subsequent reproduction in Angus females. Journal of Animal Science, v.78, p.2091-2098, 2000.
- DUCROCQ, V.; QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J.; CASELLA, G. Length of productive life of dairy cows. Variance component estimation and sire evaluation. Journal of Dairy Science, v. 71, p. 3071-3079, 1988.
- ELER, J.P., SILVA, J.A.V., EVANS, J.L., FERRAZ, J.B.S., DIAS, F., GOLDEN, B.L. Additive genetic relationship between heifer pregnancy and scrotal circumference in Nelore cattle. J Anim Sci, v.82, p.2519-2527, 2004.
- ELER, J.P., SILVA, J.A.V., FERRAZ, J.B.S., DIAS, F., OLIVEIRA, H.N., EVANS, J.L., GOLDEN, B.L. Genetic evaluation of the probability of pregnancy at 14 months for Nelore heifers. J Anim Sci, v.80, p.951-954, 2002.
- EVANS, J.L., GOLDEN, B.L., BOURDON, R.M., LONG, K.L. Additive genetic relationship between heifer pregnancy and scrotal circumference in Hereford cattle. J Anim Sci, v.77, p.2621-2628, 1999.
- FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. 3.ed. New York: Longman, 340p, 1989.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. Threshold characters. In: FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. (Eds.) Introduction to quantitative genetics. 4.ed. Essex: Longman, p.299-311, 1996.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. Sumário de Touros – Nelore 98, CFM – Agro-Pecuária CFM Ltda, 1998.
- FOULLEY, J. L.; GIANOLA, D.; IM, S. Genetic evaluation of traits distributed as Poisson-binomial with reference to reproductive characters. Theor. Appl. Genet. 73370, 1987.
- FREITAS, A.R. Avaliação de procedimentos na estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte. R. Bras. Zootec., v.29, n.1, p.94-102, 2000.
- GARNERO, A.V.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características reprodutivas na raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36.,

- 1999, Porto Alegre. Anais... Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Zootecnia, p.157. 1999.
- GIANOLA, D. Theory and analysis of threshold characters. *J. Journal of Animal Science*, v 54:1079–1096, 1982.
- GIANOLA, D. A method of sire evaluation for dichotomies. *J. Anim. Sci.*, v.51, p.1266, 1980.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theories. *J. Anim. Sci.*, v.63, p.217-244, 1986.
- GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L.; FERNANDO, R.L. et al. Estimation of heterogeneous variances using empirical bayes methods: Theoretical considerations. *J. Dairy Sci.*, v.75, n.10, p.2805-2823, 1992.
- GIANOLA, D.; NORTON, H.W. Scaling threshold characters. *Genetics* 99: 357-364, 1981.
- GILMOUR, A. R.; CULLIS, B. R.; WELHAM, S. J.; THOMPSON, R. ASREML. Reference Manual. Orange: NSW Agriculture, 218p, 2000.
- GILMOUR, A. R.; THOMPSON, R., CULLIS, B.R. Average information REML: An efficient algorithm for parameter estimation in linear mixed models. *Biometrics*, v.51, p.1440-1450, 1995.
- GILMOUR, A. R.; ANDERSON, R.D.; RAE, A.L. The analysis of binomial data by a generalized linear mixed model. *Biometrika*, v.72, p.593-599, 1985.
- GRESSLER, S.L. Estudo de fatores de ambiente e parâmetros genéticos de algumas características reprodutivas em animais da raça Nelore. Belo Horizonte: Universidade Federal de Minas Gerais, 1998. 149p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Minas Gerais, 1998.
- HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: *Proc. Anim. Breeding Genet. Symp. in Honor of Dr. Jay L. Lush.* pp 1041. Am. Soc. Anim. Sci., Champaign, IL, 1973.
- HOESCHELE, I. Comparison of “Maximum A-Posteriori Estimation” and “Quasi Best Linear Unbiased Prediction” with threshold characters. *J. Anim. Breed. Genet.* 105:337-361, 1988.
- HOESCHELE, I.; GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Estimation of variance components with quasi-continuous data using Bayesian methods. *Journal Animal Breeding Genetics*, v.104, p.334-349, 1987.
- HUDSON, G.F.S.; VAN VLECK, L.D. Relations between production and stayability in Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, v.64, p.2246-2250, 1981.

- JOHNSON, D. L.; THOMPSON, R. Restricted maximum likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average information. *J. Dairy Sci.*, v.78, p.449-456, 1995.
- KENNEDY, B.W. Variance component estimation and prediction of breeding values. *Canadian J. Genet. and Cytology*, v.23, n.4, p.565-578, 1981.
- LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F.; OLIVEIRA, H.N. Avaliação genética de animais jovens, touros e matrizes. Sumário 1999. Ribeirão Preto, GEMAC – Departamento de Genética –FMRP – USP, 1999.
- MARCONDES, C.R.; PANETO, J.C.C.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Estudo de definição alternativa da probabilidade de permanência no rebanho para a raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.34, p.1563-1567, 2005.
- MARTINEZ, G. E.; KOCH, R. M.; CUNDIFF, L. V.; GREGORY, K. E.; KACHMAN, S. D.; VAN VLECK, L. D. Genetic parameters for stayability, stayability at calving, and stayability at weaning to specified ages for Hereford cows *Journal of Animal Science*, v 83:2033–2042, 2005.
- MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R. B. Estimates of genetic correlations between sire scrotal circumference and offspring age at first calving in Nelore cattle. *Revista Brasileira de Genética*, v.14, n.1, p.209-212, 1991.
- MERCADANTE, M. E. Z. Estudo das relações genético-quantitativas entre características de reprodução, crescimento e produção em fêmeas da raça Nelore. Ribeirão Preto: Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da USP, 90 p. Dissertação (Mestrado). 1995.
- MERCADANTE, M. E. Z; RAZOOK, A. G.; CYRILLO, J. N. S. G.; FIGUEIREDO, L. A. Efeito da seleção para crescimento na permanência de vacas Nelore no rebanho até cinco anos de idade. *R. Bras. Zootec.*, vol.33, nº. 2, Viçosa. 2004.
- MEYER, K. Between algorithms: A “Short Cut” restricted maximum likelihood procedure to estimate variance components. *J. Dairy Sci.*, v.69, n.7, p.1904-1916, 1986.
- NELDER, J. A.; WEDDERBURN, R. W. M. Generalized linear models. *J. R. Stat. Soc., Series A*, v.135, p.370-384, 1972.
- NIETO, L. M.; SILVA, L. O. C; MARCONDES, C. R.; ROSA, A. N.; MARTINS, E. N.; TORRES JÚNIOR, R. A. A. Herdabilidade da habilidade de permanência no rebanho em fêmeas de bovinos da raça Canchim. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v.42, n.10, p.1407-1411, 2007.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block size are unequal. *Biometrika*, v.58, n.3, p.545-554, 1971.

- PEREIRA, J.C.C. Melhoramento genético aplicado à produção animal. Belo Horizonte: FEP-MVZ, 493p., 2001.
- QUEIROZ, S. A.; FIGUEIREDO, G.; SILVA, J. A. II V.; ESPASANDIN, A. C.; MEIRELLES, S. L; OLIVEIRA, J. A. Estimativa de parâmetros genéticos da habilidade de permanência aos 48, 60 e 72 meses de idade em vacas da raça Caracu. R. Bras. Zootec., v.36, n.5, p.1316-1323, 2007.
- RAMIREZ-VALVERDE, R.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J. K. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle Journal of Animal Science, v.79, p. 333–338, 2001.
- RESENDE, M. D. V. Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes. 1. ed. Embrapa Informação Tecnológica, 975 p. 2002.
- RESENDE, M. D. V. ; BIELE, J. . Estimção e predição em modelos lineares generalizados mistos com variáveis binomiais. Revista de Matemática e Estatística, São Paulo, v. 20, p. 30-65, 2002.
- RIBEIRO, A.C.; MCALLISTER, A.J.; QUEIROZ, S.A. Efeito das taxas de descarte sobre medidas de rentabilidade de vacas leiteiras. Revista Brasileira de Zootecnia, v.34, n.3, p.827-837, 2005.
- ROTHSCHILD, M.F.; HENDERSON, C.R.; QUAAS, R.L. Effects of selection on variances and covariances of simulated first and second lactations. J. Dairy Sci., v.62, p.996-1002, 1979.
- SAS Intitute. SAS/STAT. Cary: SAS Institute, 842p, 2000.
- SCHALL, R. Estimation in generalized linear models with random effects. Biometrika, v.78, p.719-727, 1991.
- SCHEFFÉ, A. The analysis of variances. [S.I.]: John Wiley, 477p., 1959.
- SILVA, J.A.II V.; ELER, J.P.; OLIVEIRA, H.N. et al. Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore. Rev. Bras. Zootec., v.32, p.598-604, 2003.
- SILVA, J.A.V., DIAS, L.T., ALBUQUERQUE, L.G. Estudo genético da precocidade sexual de novilhas em um rebanho Nelore. Rev Bras Zoot, v.34, p.1568-1572, 2005.
- SNELLING, W.M.; GOLDEN, B.L.; BOURDON, R.M. Within herd genetic analyses of stayability of beef females. Journal of Animal Science, v. 73, p. 993-1001, 1995.
- SOTO-MURRILLO, H.W. Methods for checking the goodness of fit of alternative nonlinear mixed models with an application in fertility traits in beef cows. Dissertation (PhD). University of Illinois, Urbana, 1991.

TEIXEIRA, N.M.; FERREIRA, W.J.; TORRES, R.A. et al. Parâmetros genéticos para características de longevidade de vacas da raça Holandesa no Estado de Minas Gerais. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. Anais... Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia/Infovia, [2003]. (CD-ROM).

TEIXEIRA, R.A. Comparações bio-econômicas entre dois sistemas de produção com diferentes níveis de fertilidade em rebanho Nelore a pasto. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 1997. 42p. Monografia (Graduação em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, 1997.

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