

Análise Genética da Habilidade de Permanência em Fêmeas da Raça Nelore¹

Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva², Joanir Pereira Eler³, José Bento Sterman Ferraz³, Henrique Nunes de Oliveira⁴

RESUMO - O objetivo deste estudo foi verificar a possibilidade da característica habilidade de permanência (HP) de matrizes ser utilizada como critério de seleção na raça Nelore. A HP foi 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. Foram analisadas informações de 55.682 animais. Utilizou-se 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 $0,21 \pm 0,00$ e tendência genética, média por ano, de 0,14% para HP. A facilidade de mensuração da característica, a estimativa de herdabilidade e a tendência indicam que a utilização desta característica como critério de seleção pode contribuir para o aumento da fertilidade do rebanho.

Palavras-chave: característica reprodutiva, inferência bayesiana, modelo de limiar

Genetic Analysis of Stayability among Nelore Females

ABSTRACT - The purpose of this study was to analyse of the stayability trait (STAY) of Nelore cows. Stayability was defined as the probability of calving at a specific age, or after that age, given that the cow calved at least one time prior to that age. The study focused specifically on six year old groups, and the information corresponding to 55,682 animals were analysed. The data were analysed based on a *posteriori* maximum threshold model to predict the genetic values, while the Gibbs sample was used to estimate the variance components. The analyses provided heritability estimate and standard deviation of 0.21 ± 0.003 and average genetic tendency a year was of 0.14% for STAY. The estimates indicate that the use of this trait as a criterion for selection may contribute toward increased female fertility.

Key Words: bayesian inference, reproductive trait, threshold model

Introdução

Em bovinos de corte, assim como acontece em todas as espécies em que a taxa reprodutiva é baixa, as matrizes representam a categoria animal que consome a maior parte dos recursos alimentares disponíveis para o rebanho. A manutenção das matrizes é, portanto, 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, 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. Segundo Melton (1995), Barwick et al. (1999) e Formigoni (2002), o valor econômico relativo à reprodução tem, em sistemas de cria, em torno de quatro vezes mais importância do que características de produto final.

A fertilidade apresenta-se influenciada por uma

série de fatores ambientais e genéticos que interagem de maneira complexa e vão desde aqueles que determinam a ocorrência de estros férteis na estação de monta, passando por aqueles que influenciam a libido e a fertilidade do touro, e incluindo até o comportamento do bezerro durante o período de amamentação (Magofke, 1991). As estimativas de herdabilidade das características reprodutivas indicam que as diferenças ambientais são as principais causas de variação na fertilidade. Características reprodutivas de fêmeas, principalmente devido à baixa herdabilidade, mas também pela falta de informação, não têm sido contempladas nos programas de melhoramento genético. 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. No

¹ Pesquisa financiada pela FAPESP e pelo CNPq.

² Pós-doutorando, Bolsista FAPESP, FZEA/USP, CP. 23, 13635-970, Pirassununga, SP. E-mail: jaugustovs@yahoo.com

³ Professores da FZEA/USP. E-mail: joapeler@usp.br; jbferraz@usp.br

⁴ Professor da FMVZ/UNESP. E-mail: hnunes@fca.unesp.br

Brasil, as características dias para o parto e a idade ao primeiro parto foram incluídas em sumários da raça Nelore (Ferraz & Eler, 1998; Lôbo et al., 1999).

A habilidade de permanência (HP) definida como a probabilidade de a vaca estar presente no rebanho a uma idade específica, dado que teve a oportunidade de alcançar esta idade (Hudson & Van Vleck, 1981). 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 produziram filhas com maior probabilidade de permanecerem produtivas no rebanho por um período mais longo.

A falha reprodutiva é a principal causa de descarte das vacas de corte, especialmente quando os animais são criados em sistema extensivo. Assumindo que mortalidade, descarte por baixa performance da progênie e sanidade é muito baixa, e outras causas de descartes não são importantes, a habilidade das vacas em permanecerem no rebanho até uma idade específica pode ser considerada como uma característica objeto de seleção para a fertilidade.

A característica HP é binária ou dicotômica, indicando se a vaca permanece no rebanho a uma idade específica (1 – sucesso) ou não (0 – fracasso). Portanto, a estimação do coeficiente de herdabilidade requer a utilização de metodologia específica para análise de dados categóricos. O modelo de limiar relaciona a escala observada descontínua com uma escala contínua subjacente (Falconer, 1989).

Várias análises de HP utilizando modelos lineares resultaram em estimativas de herdabilidade menores que 0,10 (Hudson & Van Vleck, 1981; Van Dormaal et al., 1985; Short & Lawlor, 1992). Utilizando abordagens não-lineares descritas por Gianola & Foulley (1983) e Harville & Mee (1984), DeLorenzo & Everett (1986) obtiveram herdabilidade para habilidade de permanência aos 41 e 54 meses de 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).

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 & Thompson, 1971) e de máxima verossimilhança marginal, 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.

Este estudo foi conduzido com o objetivo de avaliar, em um rebanho da raça Nelore que segue rígido esquema de descarte de fêmeas por falhas reprodutivas, a possibilidade de utilização da característica habilidade de permanência como critério de seleção para melhoramento genético da fertilidade de vacas, e verificar as mudanças genéticas e ambientais da Habilidade de Permanência, como forma de determinar o impacto da sua utilização como critério de seleção.

Material e Métodos

Fonte dos dados. Foram analisados dados de matrizes, nascidas entre os anos de 1970 e 2001, pertencentes a fazendas da Agro-Pecuária CFM Ltda, situadas nos estados de São Paulo, Mato Grosso do Sul e Goiás.

Para o desenvolvimento do trabalho, a base dos dados analisada incluiu a identificação das matrizes, seu rebanho e ano de nascimento, e o rebanho e o ano de nascimento dos seus produtos, para todos os partos existentes durante os anos estudados.

Manejo. As vacas foram mantidas em regime de pasto, sem suplementação. A estação de monta iniciava-se no mês de novembro e terminava em janeiro, com duração de 60 dias para as vacas e 90 dias para as novilhas. Utilizou-se inseminação artificial e monta natural, em lotes com um reprodutor ou reprodutores múltiplos.

Descrição dos dados. A característica habilidade de permanência (HP) foi analisada na idade específica de seis anos. Observações binárias, com zero (0) indicando fracasso e um (1) sucesso foram designadas para cada matriz em cada característica. O sucesso foi atribuído para as vacas que pariram na idade de seis anos ou depois, dado que tenham pelo menos um bezerro registrado anteriormente, e fracasso foi atribuído às vacas que não alcançaram estes pré-requisitos. A condição de ter tido uma cria antes das idades específicas foi utilizada para garantir a confiabilidade da escrituração zootécnica do animal.

O manejo reprodutivo adotado nos rebanhos utilizados neste trabalho impede que as vacas que não

ficam prenhes na estação de monta continuem no plantel. Assim, se uma vaca produz um bezerro em determinada idade, é porque vinha parindo regularmente nos anos anteriores. Foram eliminados os dados referentes às vacas que ainda não haviam atingido a idade de seis anos, assim como animais sem mãe conhecida e grupos de contemporâneos que não tinham variabilidade (todos os animais pertenciam a uma mesma categoria de resposta, 0 ou 1), permanecendo ao final, registros de 55.682 vacas e 307 grupos contemporâneos para a característica HP.

Procedimentos estatísticos. Estimativas dos componentes de variância para a característica HP foram obtidas por Inferência Bayesiana, utilizando o *software* MTGSAM_THR (Van Tassell et al., 1998) em análise univariada com modelo animal. Para a predição dos valores genéticos na escala subjacente foi utilizado modelo de limiar máximo *a posteriori* - MAP (Gianola & Foulley, 1983; Harville & Mee, 1984).

Foi assumido que o conjunto de dados ajusta-se a um modelo de limiar com duas categorias (0 e 1) para a característica HP, e analisado com uma abordagem Bayesiana. O modelo de limiar usado relaciona a resposta observada na escala categórica com uma escala subjacente normal contínua. Assumindo que a escala subjacente tem distribuição normal:

$$U | \theta \sim N(W\theta, I\sigma_e^2)$$

em que U é o vetor da escala base de ordem r ; $\theta' = (b', a')$ é o vetor dos parâmetros de locação de ordem s com b (definidos sob um ponto de vista frequentista, como efeitos fixos), e a (como efeito aleatório); W é uma matriz de incidência conhecida de ordem r por s ; I é uma matriz de identidade de ordem r por r ; e σ_e^2 é a variância residual.

De acordo com a perspectiva Bayesiana, foi assumido que as distribuições iniciais para os efeitos genéticos e os residuais seguem distribuições normais multivariadas:

$$p(a | \sigma_a^2) \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$p(e | \sigma_e^2) \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

em que A é a matriz de parentesco e σ_a^2 é a variância genética aditiva. Como σ_e^2 não é estimável (Gianola e Foulley, 1983), um valor arbitrário deve ser então atribuído, para esta análise foi atribuído 1. Foram definidas distribuições *a priori* uniformes para os efeitos fixos e para σ_a^2 .

Após a definição dos parâmetros do modelo, o encadeamento entre as duas escalas (categórica e

contínua) pode ser estabelecido inequivocamente, com a contribuição da probabilidade de uma observação que cai na primeira categoria, sendo proporcional a:

$$P(y_v = 0 | t, \theta) = P(U_v < t | t, \theta) = \Phi((t - w'_v \theta) / \sigma_e),$$

em que y_v , é a variável resposta para a v^{th} observação, tomando valores 0 ou 1 se a observação pertence a primeira ou segunda categoria, respectivamente; t é o valor do limiar que, por não ser estimável, é fixado um valor arbitrário; U_v é o valor da variável subjacente para a mencionada observação; $\Phi(\)$ é a função de distribuição cumulativa de uma variável normal padrão; e w'_v é um vetor coluna de incidência que une q a observação v^{th} . Por causa das observações serem condicionalmente independentes dado θ , a função de verossimilhança é definida pelo produto das contribuições de cada registro.

De acordo com a inferência Bayesiana, o produto da distribuição anterior pela função de verossimilhança é proporcional à distribuição posterior conjunta de q e σ_a^2 . Foram então obtidas as distribuições posteriores marginais dos parâmetros usando a amostragem de Gibbs (Gelfand & Smith, 1990). Para a aplicação da amostragem de Gibbs, é necessário que se conheça a distribuição posterior condicional de cada parâmetro do modelo. Nos casos em que se supõe um modelo de limiar, algumas destas distribuições condicionais não são completamente definidas. Este fato complica a aplicação do procedimento, não obstante, esta inconveniência pode ser superada se a variável subjacente contínua (U) for incluída como um parâmetro desconhecido no modelo (Sorensen et al., 1995). Esta abordagem é conhecida como aumento dos dados (Tanner & Wang, 1987; Albert & Chib, 1993) e conduz à definição de distribuições posteriores condicionais simples para todos os parâmetros do modelo (Sorensen et al., 1995).

O modelo utilizado incluiu grupo de contemporâneos como efeito fixo e o animal como efeito aleatório. Os grupos de contemporâneos foram compostos acumulando-se as informações de fazenda e ano de nascimento da vaca e fazenda de nascimento de cada um de seus filhos até as idades especificadas. Quando não havia o registro do nascimento da cria de uma vaca, em determinado ano, foi utilizada a fazenda do bezerro imediatamente anterior para composição do grupo. Caso a informação perdida fosse referente à primeira cria, utilizava-se a fazenda de nascimento da vaca para este fim. Na Tabela 1, encontram-se as estatísticas

Tabela 1 - Descrição do conjunto de dados para a característica habilidade de permanência (HP) aos seis anos de idade em vacas da raça Nelore

Table 1 - Description of the data set for the stayability (STAY) trait at six years in Nelore cows

	HP STAY
Número de fêmeas com registro <i>Number of females with registration</i>	55.682
Número de animais no pedigree <i>Number of animals in the pedigree</i>	82.563
Número de grupos contemporâneos <i>Number of contemporary groups</i>	307
Número de observações com sucesso <i>Number of observations with success</i>	16.267
% de sucesso <i>% of success</i>	29,21

descritivas para os dados analisados.

A matriz de parentesco constituiu-se de 82.563 animais, com 244.789 valores não zero e incluiu os ancestrais até a oitava geração, quando existentes.

Os valores genéticos (VG) foram computados transformando as soluções MAP para desvios de 50% de probabilidade, de acordo com a equação abaixo:

$$VG_i = [F(MAP_i) - 0,50] * 100,$$

em que VG_i é o valor genético do i -ésimo animal em escala de probabilidade, F é uma função de distribuição acumulada, e MAP_i é o valor genético do i -ésimo animal na escala subjacente. Na escala de probabilidade, os animais com maiores VG têm maior probabilidade de produzir filhas com a habilidade de permanência especificada.

Com os valores genéticos preditos calculou-se a tendência genética da população, como a regressão dos valores genéticos no ano de nascimento do animal. Na forma de gráfico são apresentadas as médias dos valores genéticos por ano de nascimento para todos

os animais do pedigree e a tendência genética.

Resultados e Discussão

Uma cadeia amostral de 2.203.000 ciclos foi computada, sendo o período de descarte amostral, os primeiros 3.000 ciclos iniciais, ou seja, o período de inicialização. O período de descarte amostral utilizado pode ser considerado pequeno, sendo recomendado em trabalhos da literatura (Van Tassell et al., 1998), um período mais conservador, ao redor de 25.000 ciclos, no entanto foram utilizados vários períodos de descarte e não houve diferenças nos resultados obtidos, isto dando credibilidade ao período escolhido.

Os valores de correlações seriais da cadeia de Gibbs foram calculados, e com base nos valores obtidos foi determinado o intervalo de utilização amostral de 4.000 ciclos, após o período de descarte amostral, para essa análise foi utilizado o utilitário Lagcor, que faz parte do programa MTGSAM_THR. Realizado esta fase, foram então tomado 550 ciclos das amostras das estimativas de distribuição posterior dos componentes de (co)variância e estimado a média, mediana, intervalo de confiança (os pesquisadores que trabalham com inferência bayesiana preferem chamar de região de credibilidade) dos parâmetros genéticos da característica analisada.

Estimativas pontuais e a região de credibilidade de 95% para o coeficiente de herdabilidade para a distribuição posterior bayesiana são apresentadas na Tabela 2.

As estimativas de herdabilidade posterior foram de 0,21 para HP. A herdabilidade indica que existe importante variação genética para a característica. A estimativa média diferiu da estimativa da mediana em 0,0005, indicando que as medidas de tendência central foram, relativamente, simétricas.

Com base na literatura, Vega-Murillo et al. (1998), utilizando procedimentos lineares e dados de vacas

Tabela 2 - Estimativa das distribuições marginais posteriores da herdabilidade para habilidade de permanência (HP), em animais da raça Nelore

Table 2 - Estimates of marginal posterior distribution of heritability for stayability (STAY) trait, in Nelore animals

Parâmetro <i>Parameter</i>	Número de ciclos <i>Number of cycles</i>	Média <i>Mean</i>	Desvio-padrão <i>Standard deviation</i>	Mediana <i>Median</i>	Região credibilidade, 95% <i>Credible regions, 95%</i>
Herdabilidade <i>Heritability</i>	550	0,2095	0,0240	0,2090	0,1712 a 0,2490

cruzadas do U. S. MARC reportaram valores inferiores de herdabilidade. Snelling et al. (1995) obtiveram valores similares em rebanhos da raça Hereford, bem como Doyle et al. (2000) estudando fêmeas da raça Angus e Silva et al., (2002) estudando vacas Nelore. As técnicas analíticas utilizadas neste trabalho, assim como nos trabalhos de Snelling et al. (1995), Doyle et al. (2000) e Silva et al. (2002), que utilizaram o procedimento método R, baseia-se em modelos não lineares que parecem mais adequados para análise de dados categóricos.

As estimativas, embora não possam ser consideradas altas, sugerem que, resposta a seleção e o ganho genético podem ser alcançados por seleção. 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.

Vale a pena ressaltar que as vacas com vidas produtivas menores deixam menos descendentes e desta forma existe alguma seleção natural para HP; entretanto, a utilização de valores genéticos preditos para HP como critério de seleção de machos e fêmeas poderá melhorar sua efetividade, levando a um aumento no tempo médio de permanência no rebanho, e diminuindo a necessidade de novilhas de reposição. Deve-se lembrar, entretanto, que este procedimento poderá acarretar maior intervalo de geração, embora promova concomitante aumento da intensidade de seleção possível no rebanho.

A habilidade de permanência pode ser analisada em diversas idades, Silva et al. (2001), descreveram que a idade de cinco anos (HP5), por apresentar herdabilidade similar às características HP nas idades de seis e sete anos, por conter maior número de observações no arquivo, possibilitando maior acurácia das predições dos méritos genéticos, por apresentar dependência com as duas outras idades mais tardias, e por ser obtida mais precocemente na vida produtiva dos animais, diminuindo o intervalo de geração, poderia ser sugerida como a característica adequada. A escolha, no entanto, pode depender de ponderações de ordem econômica, do número de bezerros necessários para a amortização dos custos das novilhas e determinando o ponto de retorno do investimento no sistema produtivo.

Uma forma de verificar a dependência da HP na idade de cinco, seis e sete anos é realizar uma análise bivariada ou trivariada das características, e obter a estimativa da correlação genética e residual. Esta análise está em processamento, com valores iniciais se apresentando satisfatórios e com correlações positivas.

As estimativas das médias e desvios padrão e a extensão dos valores genéticos preditos para todos os animais do pedigree e somente para os touros com

Tabela 3 - Número de animais (N), média do valor genético (MVG), desvios-padrão (DP), valores mínimo (Min) e máximo (Max) para o conjunto total de dados (Total) e para os touros¹ (Touro), para habilidade de permanência (HP)
 Table 3 - Number of animals (N), mean genetic value (MGV), standard deviations (SD), minimum (Min) and maximum (Max) values for the total data set (Total) and for the bulls¹ (Bull) for stayability (STAY)

Característica Trait	N	MVG (%) MGV (%)	DP (%) SD (%)	Min (%) Min (%)	Max (%) Max (%)
Total (Total)	82.563	0,42	5,66	-24,34	24,03
HP(STAY) Touro (Bull)	212	0,20	9,57	-24,34	22,14

¹ Somente touros com mais de 10 progênies.

¹ Only bulls with more than 10 progenies.

mais de 10 progênies, em escala de probabilidade, são apresentadas na Tabela 3.

Os valores genéticos dos touros apresentaram maior desvio-padrão e amplitude similar à observada para toda a população. No entanto, o limite superior da população não é dado pelos touros com mais de dez filhos, isto era esperado, pois como característica reprodutiva e não aplicada ainda como objeto de seleção no rebanho, os maiores valores genéticos devem estar com as fêmeas. Os valores das amplitudes de variação e desvios-padrão refletem a variabilidade genética da característica. As diferenças dos valores genéticos dos animais analisados indicam diferenças na probabilidade de permanecer no rebanho até a idade considerada.

Desta forma, considerando-se a diferença entre o maior (22,14%) e o menor (-24,34%) valor genético predito para os touros para HP pode-se esperar que quando comparados estes dois touros, as filhas do primeiro tenham 23,24% a mais de chance de permanecer no rebanho que as filhas do segundo, se os touros forem acasalados com fêmeas de igual valor genético.

Na Figura 1 podem ser vistos os valores genéticos médios para os anos de nascimento dos animais avaliados e a tendência genética da habilidade de permanência.

A média dos valores genéticos para HP aumentou com o tempo, a mudança genética média anual, considerando todos os animais analisados, foi de 0,14%/ano. A tendência genética encontrada neste trabalho está próxima daquelas obtidas por Snelling et al. (1995). Estes autores obtiveram, para dois rebanhos das raças Angus e Red Angus, estimativas

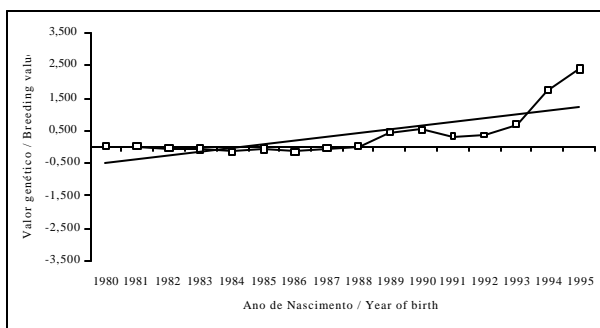


Figura 1 - Tendência genética (0,14%/ano) da habilidade de permanência em animais da raça Nelore.

Figure 1 - Genetic trend (0.14%/ano) for stayability in animals Nelore.

variando, desde 0,018%/ano (para HP aos dois anos de idade, nos animais da raça Red Angus), até 0,305%/ano (para HP aos cinco anos nos animais da raça Angus).

A tendência de crescimento a partir do ano de 1989 mostra, claramente, que neste ano começaram a aparecer os resultados dos critérios de seleção aplicados nas vacas, além de outros critérios que, correlacionados, colaboraram com o melhor desempenho da HP. A melhora na fertilidade das vacas continua em crescimento, demonstrando que se a seleção for realizada nos futuros pais de fêmeas, maior resposta deverá ser alcançada, pois a característica HP ainda não é classificada como objetivo de seleção nesta população.

Conclusões

A estimativa da herdabilidade para a habilidade de permanência obtida neste estudo indica que esta característica é controlada geneticamente e que sua utilização como critério de seleção pode contribuir para o aumento da fertilidade na população.

A amplitude dos valores genéticos para as características de habilidade de permanência, mostra que existe variabilidade genética suficiente entre os animais para que a característica seja incluída como critério de seleção.

As tendências genéticas e ambientais sugerem que a utilização desta característica como critério de seleção de touros, pode acelerar o progresso genético da habilidade de permanência das vacas.

Implicações

A seleção para aumentar a HP pode ser mais uma opção para os produtores de gado de corte aumentarem a fertilidade dos seus rebanhos. Nos rebanhos em que o nível da fertilidade não é a principal causa de preocupação, a seleção para habilidade de permanência pode permitir que um mesmo nível de fertilidade seja alcançado com menos gastos para reposição de novilhas, conseguindo assim aumento da rentabilidade.

Literatura Citada

ALBERT, J.H.; CHIB, S. Bayesian analysis of binary and polychotomous response data. **Journal American Statistics Association**, v. 88, p. 669-679, 1993.

- BARWICK, S.A.; HENZELI, A.L.; GODDARD, M.E. Beef breeding for cow fertility: When is it important. Proc. Australian Assoc. **Animal Breeding Genetics**, v. 11, p. 443-446, 1995.
- DeLORENZO, M.A.; EVERETT, R.W. Prediction of sire effects for probability of survival to fixed ages with a logistic linear model. **Journal of Dairy Science**, v.69, p.501-509, 1986
- 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. 2. Variance component estimation and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 71, p. 3071-3079, 1988.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3.ed. New York: Longman, 1989, 340p.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. Sumário de Touros – Nelore 98, CFM – Agro-Pecuária CFM Ltda, 1998.
- FORMIGONI, I.B. **Estimação de valores econômicos para características componentes de índices de seleção em bovinos de corte**. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, 2002. 179p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, 2002.
- GELFAND, A.E.; SMITH, A.F.M. Sampling based approaches to calculating marginal densities. **Journal American Statistics Association**, v.85, p.398-409, 1990.
- GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. **Genetics, Selection, Evolution**, v.15, p.201-224, 1983.
- GOLDEN, B.L.; SNELLING, W.M.; MALLINCKRODT, C.H. **Animal breeder's toolkit: User's guide and reference manual**. Colo. State Univ. Agric. Exp. Stn. Tech. Bull. LTB92-2. 1992.
- GOLDEN, B.L.; SNELLING, W.M.; EVANS, J.L.; COMSTOCK, C.R. Reproduction: The next era of genetic Evaluation. In: PROCEEDINGS OF BEEF IMPROVEMENT FEDERATION, 28., 1996, Birmingham. **Proceedings...** Birmingham: BIF, 1996. p.44-56.
- HARVILLE, D.A.; MEE, R.W. A mixed model procedure for analysing ordered categorical data. **Biometrics**, v.40, p.393-408, 1984.
- 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.
- KAISER, C.J. **Incorporating birth weight information into a calving ease threshold model analysis**. Fort Collins: Colorado State University. 1996. Ph.D. (Dissertation) - Colorado State University, 1996.
- 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.
- MAGOFKE, J.C. Caracterización de algunas razas bovinas de carne. 1. Sobrevivencia y pesos vivos nacimiento-destete. **Avances Prod. Anim.**, v.16, p.3-20, 1991.
- MALLINCKRODT, C.H.; GOLDEN, B.L.; REVERTER, A. Approximate confidence intervals for heritability from method \mathcal{R} estimates. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2041-2046, 1997.
- MELTON, B.E. Conception to consumption: The economics of genetic improvement. In: PROCEEDINGS BEEF IMPROVEMENT FEDERATION, 27., 1995, Sheridan. **Proceedings...** Sheridan: BIF, 1995. p.40-47.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.
- REVERTER, A.; GOLDEN, B.L.; BOURDON, R.M.; BRINKS, J.S. Method R variance components procedure: Application of the simple breeding value model. **Journal of Animal Science**, v.72, p.2247-2253, 1994a.
- REVERTER, A.; GOLDEN, B.L.; BOURDON, R.M. et al. Technical note: Detection of bias in genetic predictions. **Journal of Animal Science**, v.72, p.34-37, 1994b.
- SHORT, T.H.; LAWLOR, T.J. Genetic parameters of conformation traits, milk yield, and herd life in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.75, p.1987-1998, 1992.
- SILVA, J.A. II V. **Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore**. Botucatu: Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, 2001. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, 2001.
- SILVA, J.A. II V.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. et al. Heritability estimate for stayability in Nelore cows. **Livestock Production Science**, 2001. (Enviado para publicação)
- 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.
- SORENSEN, D.A.; ANDERSEN, S; GIANOLA, D; KORSGAARD, I. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetics, Selection, Evolution**, v.27, p.229-249, 1995.
- TANNER, M.A.; WANG, H.W. The calculation of posterior distributions by data augmentation. **Journal American Statistics Association**, v.82, p.528-540, 1987.
- Van DOORMAAL, B.J.; SCHAEFFER, L.R.; KENNEDY, B.W. Estimation of genetic parameters for stayability in Canadian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.68, p.1763-1769, 1985.
- Van TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. **Journal of Animal Science**, v.76, p.2048-2061, 1998.
- Van VLECK, L.D. Estimation of heritability of threshold characters. **Journal of Dairy Science**, v.55, p.218-225, 1972.
- VEGA-MURILLO, V. E.; CUNDIFF, L.V.; Van VLECK, L.D. Genetic parameters for age at puberty and stayability in crossbred cattle. **Journal of Animal Science**, v. 77, Suppl. 1, p. 33, 1999.

Recebido em: 16/07/02

Aceito em: 06/12/02