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

Luiz Antonio Josahkian¹, Henrique Torres Ventura², Fabyano Fonseca e Silva³ e Luiz Otávio Campos Silva⁴.

¹Zootecnista. Superintendente Técnico da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. Praça Vicentino Rodrigues da Cunha, 188. Bloco 01. Uberaba. MG. 38067-350
abczsut@abcz.org.br

² Zootecnista. Superintendente Adjunto de Melhoramento Genético da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. Praça Vicentino Rodrigues da Cunha, 188. Bloco 01. Uberaba. MG. 38067-350

³ Zootecnista. Professor Associado do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa. Av. Peter Henry Rolfs, s/n - Campus Universitário, Viçosa - MG, 36570-900

⁴ Zootecnista. Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. Av. Rádio Maia, 830 - Vila Popular, Campo Grande - MS, 79106-550

Recebido em: 15/11/2020 – Aprovado em: 15/12/2020 – Publicado em: 30/12/2020

DOI: 10.18677/EnciBio_2020D42

RESUMO

Objetivou-se validar as predições genéticas e investigar associações entre duas definições para a característica *stayability* na raça Nelore: STAY 3_76, com sucesso para vacas com pelo menos três partos até 76 meses; e STAY 2_52, com sucesso para vacas com pelo menos dois partos até os 52 meses. O arquivo de fenótipos foi dividido em duas partes, uma contendo vacas nascidas até 2010 (população de treinamento) e outro contendo vacas nascidas em 2011 (população de validação). Foram conduzidas análises genéticas com a genealogia e fenótipos da população de treinamento e de regressão logística com os fenótipos e valores genéticos obtidos com informações de genealogia da população de validação. Investigou-se a relação dos resultados na população de validação e a resposta fenotípica média em ambas as características, assim como a associação entre as predições da STAY 2_52 e a resposta fenotípica média em STAY 3_76. Em uma análise genética global, investigou-se os valores genéticos e acurácias de touros. Verificou-se um aumento na probabilidade de sucesso em função do aumento dos valores genéticos em ambas características. O percentual de sucesso em STAY 3_76 aumentou em função dos valores genéticos para STAY 2_52, com uma resposta superior para STAY 3_76. Os resultados indicam que STAY 2_52 e STAY 3_76 estão associadas. Os valores genéticos para STAY 2_52 e STAY 3_76 dos touros ao longo dos anos de nascimento apresentaram correlação de 0,69. Sugere-se o uso conjunto da STAY 2_52 e da STAY 3_76 nas avaliações genéticas nacional da raça Nelore.

PALAVRAS-CHAVE: gado de corte, reprodução, seleção.

VALIDATION OF GENETIC PREDICTIONS AND RESEARCH OF THE ASSOCIATION AMONG DIFFERENT DEFINITIONS OF STAYABILITY IN THE NELLORE BREED

ABSTRACT

The objective of this study was to validate genetic predictions and investigate the association between two definitions of *stayability* in Nellore breed: STAY_3_76, successful (1) for cows that had at least 3 calves up to 76 months and STAY_2_52, successfully (1) for cows that had at least 2 calves up to 52 months. The phenotype file was divided into two parts, the first with cows born until 2010 (training population) and other with cows born in 2011 (validation population). Genetic analyzes were conducted with the complete genealogy and phenotypes of the training population and logistic regression with the phenotypes and genetic value obtained with pedigree information from the validation population. The relationship between the results in parental information and the mean phenotypic response in both traits were investigated, as well as the association between STAY_2_52 and the mean phenotypic response in STAY_3_76. In a global genetic analysis the genetic values and accuracy of sires were investigated. There was an increase in the probability of success due to the increase of the genetic values in both traits. The results indicate that the characteristics Stay_2_52 and Stay_3_76 are associated. The genetic values for STAY_2_52 and STAY_3_76 of the sires per year of birth presented a correlation of 0.69. In view of the results found in this study, it is suggested the joint use of STAY_2_52 and STAY_3_76 in the national genetic evaluation for the Nellore breed.

KEYWORDS: beef cattle, reproduction, selection.

INTRODUÇÃO

De acordo com a ABIEC (2016) cerca de 80% do rebanho nacional é composto por animais de raças zebuínas (*Bos taurus indicus*), que são animais de comprovada rusticidade e adaptação ao ambiente predominante no Brasil e, dentre estas raças, destaca-se a Nelore, com 90% desta parcela, o que demonstra a importância da mesma para a produção de carne no País. Segundo Teixeira et al. (2017), as características reprodutivas têm se provado ser quatro a 13 vezes mais importantes do que as características de crescimento na raça Nelore.

De acordo com Silva et al. (2003), a manutenção das matrizes é um dos principais componentes dos custos de produção da pecuária de corte, sendo tanto mais elevado quanto menores forem as taxas reprodutivas do rebanho. Exatamente pelo valor econômico, a habilidade de permanência no rebanho, denominada *stayability*, destaca-se como um dos mais importantes critérios de seleção (TEIXEIRA et al., 2017).

Guarini et al. (2015) trabalhando com dados da raça Nelore, encontraram correlações genéticas positivas, porém fracas, entre perímetro escrotal e características de fertilidade em fêmeas, sugerindo a medição direta de características em fêmeas para obtenção de ganhos genéticos em precocidade sexual e longevidade.

Para Schmid et al. (2018), a *performance* reprodutiva e o tamanho das fêmeas estão fortemente associados a eficiência de produção de rebanhos criados em ambiente tropical. Para estes autores, o uso da *stayability* como critério de seleção pode contribuir mais efetivamente para a mudança do peso adulto das fêmeas que seja mais adequado aos sistemas de produção.

Snelling et al. (2019), discorrem sobre a importância em se buscar um peso adulto de vacas adequado e relatam que se o peso adulto é uma resposta correlacionada à seleção do aumento do peso dos bezerros e, em face à correlação negativa do peso da vaca e sua capacidade de permanência no rebanho, pode se gerar um desequilíbrio no sistema de produção caso não sejam observados critérios seletivos de fertilidade e capacidade de permanência. A *stayability* envolve, indiretamente, a precocidade sexual das novilhas, posto que requer um determinado número de partos até uma idade definida. Existem discussões acerca de uma possível modificação no biótipo das fêmeas selecionadas para maior precocidade sexual no sentido de que poderiam ser animais menores, assim como o tempo de permanência no rebanho, que poderia ser menor.

Neste sentido, Terakado et al. (2015) verificaram que as novilhas precoces permaneceram no rebanho por um período maior e produziram bezerros ligeiramente mais pesados a desmama quando comparados com os filhos de novilhas não precoces. Os mesmos autores ainda observaram que o peso adulto das fêmeas não precoces foi muito similar às aquelas precoces.

Rizzo et al. (2015) obtiveram estimativas de herdabilidade para *stayability* variando de 0,20 a 0,25 e consideraram que esses valores moderados sugerem que uma parte considerável da variação genética da característica pode ser atribuída a efeitos médios dos genes, o que torna possível a obtenção de ganhos genéticos por meio de seleção.

Usualmente tem sido adotado para a raça Nelore no Brasil o seguinte critério para se definir a *stayability*: é uma característica binária, assumindo valor “1” (sucesso) para fêmeas que apresentem pelo menos três crias até os 76 meses de idade; e o valor “0” (fracasso) caso contrário (MARCONDES et al., 2005). Tal definição reflete na obtenção dos fenótipos, que é muito tardio, o que pode prejudicar a taxa de progresso genético médio dos rebanhos, especialmente no momento da seleção de touros, quando, em geral, a informação não está disponível (MARCONDES et al., 2005).

Silva et al. (2018) ressaltam que o principal problema da *stayability* é o fato de ser um fenótipo tardio que depende de que a fêmea atinja determinada idade (entre seis e sete anos dependendo da definição) e que, por isto, os touros teriam idade avançada quando suas filhas manifestarem o fenótipo. Segundo estes autores, este fato resulta em baixa acurácia nas predições genéticas de touros jovens. Este aspecto é corroborado por Speidel et al. (2018), ao relatarem que a avaliação genética de touros para a característica *stayability* é desafiada frente a baixa herdabilidade da característica e o considerável tempo demandado para colher o fenótipo nas suas filhas.

Embora diferentes definições de *stayability* já tenham sido avaliadas em raças taurinas, existe escassez de estudos que ratificam a efetividade das avaliações genéticas com definições alternativas para esta característica em trabalhos de abrangência nacional para qualquer raça zebuína (McHUGH et al., 2014).

Portanto, objetivou-se validar as predições genéticas e investigar possível associação entre duas propostas de definições de *stayability* na raça Nelore, avaliando, inclusive, a possibilidade de substituição da definição utilizada atualmente por uma mais precoce. Adicionalmente, foram conduzidas análises genéticas com a genealogia completa e fenótipos da população de treinamento, bem como análises de regressão

logística com os fenótipos e valores genéticos obtidos unicamente com informações de genealogia da população de validação.

MATERIAL E MÉTODOS

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

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

As predições genéticas para *stayability* são expressas em percentual, e podem ser interpretadas como probabilidade de parir pelo menos três vezes até os 76 meses de idade. A definição de STAY 2_52 também considerada, sendo que as vacas com pelo menos dois partos até os 52 meses foram avaliadas como sucesso (valor 1), e fracasso (valor 0) caso contrário.

Para validação das predições genéticas das diferentes definições de *stayability*, foram utilizados dados fenotípicos de vacas nascidas até 2011, período em que se observou a melhor equivalência entre as quantidades de dados para as duas definições.

O arquivo de fenótipos foi dividido em duas partes, sendo a primeira contendo vacas nascidas até 2010 e a segunda contendo vacas nascidas em 2011. A primeira parte, em conjunto com a genealogia completa da raça Nelore (12.129.928 animais), foi utilizada como população de treinamento.

Foram conduzidas análises genéticas com a população de treinamento para predição dos valores genéticos de todos os animais incluídos na genealogia da raça Nelore. A segunda parte, vacas nascidas em 2011, em conjunto com as predições de valores genéticos obtidas nas análises com a população de treinamento, foi utilizada como população de validação. As predições dos valores genéticos das vacas da população de validação foram obtidas sem contribuição de seus próprios fenótipos.

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

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

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

Fonte: Os autores (2019)

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

Os dados foram submetidos à análise crítica por meio de rotinas desenvolvidas em ambiente SAS para *Windows* versão 9.4 (2018-2019). Foram conduzidas análises genéticas utilizando-se o programa *CBLUP90IOD* (MISZTAL et al., 2002), considerando um modelo animal de limiar unicaracterístico, pelo fato de as características estudadas serem categóricas. As acurácias foram calculadas por meio do programa *ACCF90* (MISZTAL et al., 2002). O modelo utilizado para as análises genéticas de STAY 2_52 e STAY 3_76 pode ser representado da seguinte forma:

$$\mathbf{l} = \mathbf{X} + \mathbf{Zg} + \mathbf{e},$$

em que: $\mathbf{l}$ é o vetor de “liabilities” (variável latente relacionada com a probabilidade de sucesso) para a característica categórica *stayability*, $\mathbf{X}$ é o vetor de efeitos fixos de grupos de contemporâneos, $\mathbf{X}$ é a matriz de incidência dos efeitos fixos, $\mathbf{g}$ é o vetor de valores genéticos aditivos, $\mathbf{Z}$ é a matriz de incidência dos valores genéticos aditivos e, $\mathbf{e}$ é o vetor de efeitos residuais. O modelo em questão assume: sendo $\mathbf{A}$ a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco e σ^2_a a variância genética aditiva direta; e onde $\mathbf{I}$ e σ^2_e são uma matriz identidade apropriada e a variância residual, respectivamente.

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

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

em que: τ é o limiar de resposta. Foram utilizados componentes de variância previamente estimados em avaliações genéticas prévias realizadas na ABCZ.

Após as análises genéticas, os fenótipos de STAY 2_52 e STAY 3_76 das vacas da população de validação foram regredidos em função dos valores genéticos desses animais, os quais foram obtidos exclusivamente com informações de genealogia, corrigindo-se para fatores não genéticos controlados. O procedimento LOGISTIC do programa SAS para *Windows* versão 9.4 (SAS® Institute, 2018 - 2019) foi utilizado para as análises de regressão logística, de forma que os valores fenotípicos (0 ou 1) da

característica binária (STAY 2_52 ou STAY 3_76) foram consideradas variáveis dependentes em função das seguintes variáveis independentes do modelo: valor genético aditivo direto (VG) do animal para STAY 2_52 ou STAY 3_76, de acordo com a definição de *stayability* considerada, e o grupo de contemporâneo (GC), além do resíduo da regressão. O critério de convergência considerado para regressão logística foi $GCONV=1E^{-8}$.

Para avaliar o ajuste dos modelos utilizou-se o teste de Hosmer e Lemeshow e para testar a significância dos efeitos foi utilizado o teste de *Wald*. Foram calculadas razões de chance para a probabilidade do evento sucesso e seus respectivos intervalos de confiança.

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

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

Adicionalmente, foram conduzidas análises genéticas para STAY 2_52 e 3_76 com todos os dados disponíveis (população total) para investigação da acurácia média dos touros nas duas definições de *stayability* e para estimar a correlação entre os valores genéticos dos machos com filhas fenotipadas em ambas as definições. A população total incluiu, além dos dados da população de treinamento e da população de validação, dados de vacas nascidas entre 2012 e 2014. O modelo genético, bem como os *softwares* utilizados, foram exatamente os mesmos aplicados para as análises da população de treinamento já reportada no presente estudo. As correlações de *Spearman* entre os valores genéticos dos touros foram calculadas utilizando-se o procedimento CORR do programa SAS para *Windows* versão 9.4 (SAS® Institute, 2018 - 2019). Na Tabela 2 estão apresentados os dados fenotípicos da população total.

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

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

Fonte: Os autores (2019)

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

RESULTADOS

Os modelos de regressão logística utilizados para validar STAY 2_52 e STAY 3_76, considerando a população de vacas nascidas em 2011, convergiram ($GCONV=1E^{-8}$) e não reportaram problemas de ajuste de acordo com o teste de Hosmer e Lemeshow ($P>0,21$ para STAY 2_52 e $P>0,87$ para STAY 3_76). Foi observada significância no teste global de *Wald*, com valores de qui-quadrado 5766,9107 ($P<0,001$) e 6224,4233 ($P<0,001$), respectivamente para STAY 2_52 e STAY 3_76. Todos os efeitos incluídos nos modelos de regressão logística (EBV eGC) para STAY 2_52 e STAY 3_76 foram significativos, considerando o teste de *Wald* ($P<0,001$).

Na Tabela 3 estão apresentadas as razões de chance para os valores genéticos preditos de STAY 2_52 e 3_76. As razões de chance indicam que para cada variação unitária no desvio-padrão do valor genético predito, expresso na escala latente, espera-se um aumento na chance de manifestação de sucesso da ordem 24,9% e 28,1% para STAY 2_52 e STAY 3_76, respectivamente.

Os resultados observados permitiram inferir que a seleção de animais pelos valores genéticos preditos unicamente com informação parental de STAY 2_52 e STAY 3_76 pode resultar em ganhos em desempenho reprodutivo no rebanho de matrizes.

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

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

Fonte: Os autores (2019).

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

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

Estas Figuras também mostram que o percentual médio de sucesso no fenótipo evoluiu consideravelmente na medida em que a classe de valor genético aumentou, tanto para STAY 2_52 quanto para STAY 3_76. Os percentuais médios de sucesso fenotípico e o número de vacas em cada classe de valor genético para STAY 2_52 e STAY 3_76 podem ser observados, respectivamente, nas Tabelas 4 e 5.

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

Fonte: Os autores (2019).

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

Fonte: Os autores (2019)

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

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

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

Fonte: Os autores (2019).

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

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

CL_VG	Sucesso (%)	n
2	20	1.012
3	26	5.606
4	30	13.545
5	36	11.978
6	41	6.562
7	47	1.865
8	51	267

Fonte: Os autores (2019).

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

Na Figura 3 estão apresentados os percentuais de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 3_76, o percentual de sucesso em STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52 e a diferença entre os percentuais médios de sucesso em STAY 3_76 de acordo com o valor genético predito considerado. Os resultados observados estão de acordo com o esperado, considerando-se que o percentual de sucesso aumentou no mesmo sentido de crescimento das classes de valor genético.

Observa-se que o progresso do percentual médio fenotípico foi maior na STAY 3_76 quando em função do valor genético predito da própria característica ao comparar com o progresso do percentual médio fenotípico de STAY 3_76 em função do valor genético predito para STAY 2_52. Além disso, é possível observar que essa diferença foi mais acentuada nas classes 7 e 8 de valor genético predito, unicamente com as informações parentais, para as vacas da população de validação. As classes 7 e 8 são as que agrupam os maiores valores genéticos preditos.

Estão apresentados na Tabela 6 os percentuais de sucesso fenotípico médio na STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52 e o percentual de sucesso fenotípico médio na STAY 3_76 em função da classe de valor genético predito para STAY 3_76.

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

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

A correlação de Spearman entre os valores genéticos dos touros ($n=23.602$) cujas filhas foram fenotipadas, concomitantemente, para STAY 2_52 e STAY 3_76 foi de 0,69 ($p<0,001$). Os resultados observados indicam que existe uma associação positiva entre as duas características avaliadas e que, a seleção para uma poderá resultar em ganhos genéticos na outra. Na Figura 5 está apresentada a dispersão dos valores genéticos preditos para STAY 2_52 em função dos valores genéticos preditos para STAY 3_76, dos touros ($n=23.602$) com filhas fenotipadas nas duas características avaliadas no presente estudo.

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

Fonte: Os autores (2019).

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

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

Fonte: Os autores (2019)

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

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

Fonte: Os autores (2019).

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

Fonte: Os autores (2019).

DISCUSSÃO

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

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

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

A STAY 2_52, por possibilitar a coleta de fenótipos mais precocemente pode ser uma boa alternativa, corroborando as afirmativas de Hudson e Van Vleck (1981) de que procedimentos adequados para avaliação de touros para esta característica podem reduzir o tempo de espera para obtenção dos fenótipos, assim como a de Brigham et al.

(2007), que consideraram a abordagem atual (6 anos com primeiro parto até os dois anos de idade) um fator que aumenta o tempo para que se obtenha uma predição confiável do valor genético para os touros, sugerindo o desenvolvimento de um critério que combine as informações destas diferentes idades.

A relação entre os percentuais médios de sucesso em função dos valores genéticos preditos unicamente com dados de genealogia, quando agrupados em classes crescentes de valor genético, indica uma forte associação entre as duas características.

Ramos et al. (2019), trabalhando com quatro definições de *stayability* para raça Nelore, encontraram uma correlação genética da ordem de 0,985 entre as características Stay53 e Stay63, definidas respectivamente como dois partos até os 53 meses de idade da vaca e três partos até os 76 meses. Os mesmos autores encontraram valores de herdabilidade para as características Stay53 e Stay63 da ordem de 0,152 e 0,143, respectivamente e recomendam o uso da Stay53, com um critério adequado pela maior herdabilidade, correlações genéticas favoráveis com outras características e mensuração do fenótipo antecipada à tradicional Stay63.

Entretanto, no presente estudo, a capacidade preditiva dos valores genéticos para o percentual de sucesso fenotípico médio na STAY 3_76 foi, em média, maior quando em função da classe de valor genético predito da própria característica, se comparada ao percentual de sucesso fenotípico médio em função da classe de valor genético predito para STAY 2_52. A associação entre as duas características é truncada exatamente onde se esperaria maior convergência, ou seja, nas classes de maior valor genético (classes 7 e 8), cujos percentuais de coincidências se reduzem em 4% e 7%, respectivamente.

Este aspecto demanda mais estudos para verificação da hipótese de adoção da STAY 2_52 em substituição a STAY 3_76, especialmente porque ambas podem ser obtidas unicamente com dados de genealogia e/ou a partir de poucas filhas fenotipadas, com acurácias dos valores genéticos muito semelhantes em um mesmo momento. Adicionalmente, as estimativas de herdabilidade dessas características obtidas em análises prévias foram baixas, da ordem de 0,12 para STAY 2_52 e 0,11 para STAY 3_76 (VENTURA et al., 2017), muito próximas à encontrada por Valente et al. (2017) para STAY definida como sendo pelo menos 3 partos até os 65 meses de idade, que foi de 0,13.

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

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

2_52 e STAY 3_76 de forma considerável.

Este aspecto de estimação dos valores genéticos para STAY de touros jovens com maior confiabilidade permanece um desafio. Para Sanchez-Castro et al. (2019), o atraso na coleta dos fenótipos reduz a acurácia das predições genéticas para os touros jovens e, conseqüentemente, provoca lento progresso genético. Os autores sugerem o uso de metodologia que permita o uso de todos os partos das vacas, ocorridos antes e depois da idade considerada como referência para STAY, como uma alternativa para aumentar a acurácia das estimativas da característica.

Além disso, pode ser observado na Figura 5 que as avaliações genéticas de alguns touros foram muito discrepantes entre as duas características (Q2 e Q4). Isso implica em que o uso da STAY 2_52 como critério de seleção pode resultar na retenção de touros negativos para STAY 3_76 (Q2) e, de forma contrária, ou seja, o uso da STAY 2_52 como critério de descarte, pode levar a perda de genótipos de touros positivos para STAY 3_76, que é a definição mais próxima do objetivo de seleção longevidade reprodutiva. É importante observar que a fixação do número de três crias se fundamenta no tempo em que uma vaca demanda para amortizar seus próprios custos, sendo que a partir desse ponto os lucros obtidos com as crias seriam maiores.

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

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

CONCLUSÃO

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

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

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

REFERÊNCIAS

BRIGHAM, S.E.; SPEIDEL, R.M.; ENNS, R.M.; GARRICK, D.J. Stayability to alternate ages. In: **Proceedings, Western Section, American Society of Animal Science**, v.58. 2007. Colorado State University. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/252283462_STAYABILITY_TO_ALTERNATE

_AGES>.

GUARINI, A. R. ; NEVES, H. H. R.; SCHENKEL, F. S.; CARVALHEIRO, R. **Genetic relationship among reproductive traits in Nellore cattle**. Disponível em: <<https://www.cambridge.org/core/journals/animal/article/genetic-relationship-among-reproductive-traits-in-nellore-cattle/721A0CB4E4D32BD199E606696AFBD46C>>. doi: 10.1017/S1751731114003103.

HUDSON, G.F.S.; VAN VLECK L.D. Relationship Between Production and Stayability in Holstein Cattle. **Journal Dairy Science**.1981; 64: 2246 - 2250. Disponível em: <<https://digitalcommons.unl.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1393&context=animalscifacpub>>.

MARCONDES, C. R.; PANETO, C.C.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, R.B.; Estudo de definição alternativa da probabilidade de permanência no rebanho para a raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 5, p. 1563-1567, Oct. 2005. Disponível em: <https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-35982005000500016>. doi: 10.1590/S1516-35982005000500016.

MARTINEZ, G.; KACHMAN, S. D.; VAN VLECK, L. D. (2003). Threshold Sire Models For Estimating Genetic Parameters For Stayability in Beef Cows. **Conference on Applied Statistics in Agriculture. 2003.** Disponível em: <<https://newprairiepress.org/agstatconference/2003/proceedings/21/>>. doi: 10.4148/2475-7772.1190.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE D.H.; **BLUPF90 and related programs (BGF90)**. Proc. 7th World Congr Genet Appl Livest Prod, Montpellier, France 2002. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=28-07.pdf>>.

MCHUGH, N.; CROMIE, A. R.; EVANS, R. D.; BERRY, D. P.; Validation of national genetic evaluations for maternal beef cattle traits using Irish field data. **Journal of Animal Science**, v. 92, Issue 4, 1 April/2014, Pages 1423-1432. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24663204/>> doi: 10.2527/jas.2013-6658.

RAMOS, P.V.B.; SILVA, F. F.; SILVA, L. O. C.; SANTIAGO, G. G.; MENEZES, G. R. O.; VIANA, J. M. S.; TORRES JÚNIOR, R.A.A.; GONDO, A.; BRITO, L.F. **Genomic evaluation for novel stayability traits in Nellore cattle**. 2019. Disponível em: <<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/1120235/1/Genomicevaluationfornovel.pdf>>. doi: 10.1111/rda.13612.

RIZZO, E.C.A.; ARAUJO NETO, F.R.; DIAZ, I.D.P.S.; DIAS, M.M.; COSTA, R.B., VENTURA, H.T.; OLIVEIRA, H. N.; FALCÃO, A.J.S. Genetic association of productive and reproductive traits with stayability in Nellore cattle: analysis using Bayesian models. **Genetics and Molecular Research** 14 (4): 14956-14966 (2015). DOI <http://dx.doi.org/10.4238/2015.November.24.3>

SÁNCHEZ-CASTRO, M. A.; THOMAS, M. G.; ENNS, R. M.; SPEIDEL, S. E.; Stability of genetic predictions for stayability using random regression models that include end points beyond 6 yr of age, **Translational Animal Science**, v 3, Issue Supplement_1, December 2019, Pages 1678–1682, <https://doi.org/10.1093/tas/txz056>

SCHMIDT, P.I.;CAMPOS G.S.;LÔBO R.B.;SOUZA F.P.;BRAUNER C.C.;BOLIGON, A.A. **Genetic analysis of age at first calving, accumulated productivity, stayability and mature weight of Nelore females.** 2018. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0093691X17305769>>. doi: 10.1016/j.theriogenology.2017.11.035.

SILVA, D. O.; SANTANA, M. L.; AYRES, D. R.; MENEZES, G. R. O.; SILVA, L. O. C.; NOBRE, P. R. C.; PEREIRA, R. J. **Genetic parameters for stayability to consecutive calvings in Zebu cattle.** *Animal* (2018), 12:9, pp 1807–1814 doi:10.1017/S1751731117003457

SILVA, J. A. II de V.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B.S.; OLIVEIRA, H. N.; Análise Genética da Habilidade de Permanência em Fêmeas da Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.3, p.598-604, 2003. Disponível em: <https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-35982003000300011&lng=pt&tlng=pt>. doi: 10.1590/S1516-35982003000300011.

SNELLING, W.M.; KUEHN, L. A.; THALLMAN, R. M.; BENNETT, G. L.; GOLDEN, B. L. Genetic correlations among weight and cumulative productivity of crossbred beef cows. **Journal of Animal Science**, v.97, Issue 1, Jan/2019, Pages 63–77, <https://doi.org/10.1093/jas/sky420>

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

SPEIDEL, S. E.; BUCKLEY B. A.; BOLDT, R. J.; ENNS, R. M.; LEE J.; SPANGLER, M. L.; THOMAS, M. G. 2018. Genome-wide association study of stayability and heifer pregnancy in Red Angus cattle. **Journal of Animal Science**. 96:846–853. doi:10.1093/jas/sky041

TEIXEIRA, D.B.A; FERNANDES JÚNIOR, G. A.; SILVA, D.B.S.; COSTA, R.B.; TAKADA, L. *et al.* **Genomic analysis of stayability in Nelore cattle.** 2017. PLOS ONE 12(6): e0179076. Disponível em: <<https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0179076>>. doi: 10.1371/journal.pone.0179076.

TERAKADO, A. P. N.; PEREIRA, M. C.; YOKOO, M. J.; ALBUQUERQUE, L. G. Evaluation of productivity of sexually precocious Nelore heifers. **Animal** (2015), 9:6, pp 938–943. 2015 doi:10.1017/S1751731115000075

VALENTE, T.S.; ALBITO, O.D; SANT'ANNA, A.C.; CARCALHEIRO, R.; BALDI, F.; ALBUQUERQUE, L.G.; COSTA, M.P. Genetic parameter estimates for temperament, heifer rebreeding, and stayability in Nellore cattle. **Livestock Science**, v.206, p. 45-50. out/2017. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2017.10.010>

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