



UNIVERSIDAD
DE LA REPÚBLICA
URUGUAY

Uso de caracteres de longevidad en evaluación genética de ganado lechero

Nathalia FERRAZ SILVEIRA

**Magíster en Ciencias Agrarias
opción Ciencias Animales**

Septiembre 2022

**USO DE CARACTERES DE LONGEVIDAD
EN EVALUACIÓN GENÉTICA DE GANADO
LECHERO**

Nathalia FERRAZ SILVEIRA

Magíster en Ciencias Agrarias
opción Ciencias Animales

Septiembre 2022

Tesis aprobada por el tribunal integrado por el Ing. Agr. Dr. Jorge Urioste, la Zoot. Dra. Elisandra Kern y el Ing. Agr. Dr Fernando Sebastián Baldi el 20 de septiembre de 2022. Autora: Zootecnista Nathalia Ferraz Silveira. Director Ing. Agr. Ph.D. Ignacio Aguilar, codirectora Ing. Agr. Ph.D. Olga Ravagnolo.

AGRADECIMIENTOS

Le agradezco a los tutores y mentores que me acompañaron durante este proceso.

En primer lugar, me gustaría agradecer a Ignacio por la oportunidad, por toda su paciencia y enseñanzas, especialmente por toda la confianza que siempre ha depositado en mí. Mi crecimiento no solo a nivel académico, sino también como persona, es gran parte de su responsabilidad. Agradezco a Olga por siempre abrirme las puertas, por brindarme su tiempo, conocimiento y experiencia.

Estoy infinitamente agradecida a mi familia, mi padre, mi madre, mi hermano y Ezequiel. Desde el principio, cuando decidí irme a otro país, me dieron todo el apoyo y son mi fortaleza, confían en mis decisiones y tengo un apoyo incondicional; mismo a la distancia son parte de todo este proceso.

Gracias a todos mis amigos por todo el apoyo. Y en especial a Sheila, Inés, Lucía, Valentina y Fernando, personas muy especiales que llegaron a mi vida, por estar en todo momento, ayudándome en las situaciones más desafiantes para encontrar siempre la mejor solución y transformarlas en instancias de crecimiento y fortalecimiento.

Agradezco a todo el grupo de Mejoramiento Genético Animal del INIA Las Brujas, a todos los integrantes por sus valiosos aportes, por todos los importantes intercambios y enseñanzas que hacen posible lograr un mejor trabajo.

A todos ellos que, de alguna manera, fueron parte del proceso.

A INIA, por la financiación.

TABLA DE CONTENIDO

	página
PÁGINA DE APROBACIÓN	II
AGRADECIMIENTOS	III
RESUMEN	VII
SUMMARY	VIII
1. <u>INTRODUCCIÓN</u>	1
1.1. IMPORTANCIA ECONÓMICA	3
1.2. MEDICIÓN DE LONGEVIDAD	4
1.2.1. <u>Datos censurados</u>	7
1.3. PRINCIPALES MÉTODOS ESTADÍSTICOS	9
1.3.1. <u>Modelo umbral</u>	10
1.3.2. <u>Modelo de análisis de supervivencia</u>	11
1.3.3. <u>Modelo lineal</u>	12
1.4. PARÁMETROS GENÉTICOS	14
1.5. HIPÓTESIS	15
1.6. OBJETIVOS	15
1.6.1. <u>Objetivos generales</u>	15
1.6.2. <u>Objetivos específicos</u>	15
2. <u>GENETIC PARAMETERS FOR LONGEVITY IN DAIRY CATTLE IN URUGUAY</u>	16
2.1. RESUMEN	16
2.2. SUMMARY	18
2.3. INTRODUCCIÓN	19
2.4. MATERIALS AND METHODS	21
2.4.1. <u>Data</u>	21
2.4.2. <u>Reasons for discarding the animals</u>	23
2.4.3. <u>Discard behavior</u>	23
2.4.4. <u>Trait Definition</u>	25
2.4.5. <u>Model for Genetic Analyses</u>	26
2.4.5.1. Variance Component Analysis.....	26

2.4.5.2.	Breeding Values.....	28
2.5.	RESULTS AND DISCUSSION	29
2.5.1.	<u>Variance Component Analysis</u>	29
2.5.2.	<u>Heritability</u>	31
2.5.3.	<u>Correlations of the Breeding Values</u>	33
2.5.4.	<u>Computing Time</u>	34
2.5.5.	<u>Conclusions</u>	35
2.6.	REFERENCES	35
3.	<u>RESULTADOS Y DISCUSIÓN</u>	39
3.1.	DESCARTE	39
3.2.	TENDENCIA GENÉTICA	42
3.3.	DISCUSIÓN GENERAL	43
4.	<u>CONCLUSIONES</u>	45
5.	<u>BIBLIOGRAFÍA</u>	46

RESUMEN

El objetivo de este estudio fue estimar componentes de varianza, establecer el modelo estadístico que mejor se ajuste para la estimación de valores genéticos y analizar la posibilidad de realizar una evaluación genética del rasgo longevidad en animales del sistema de producción lechero uruguayo de la raza Holando del Instituto Mejoramiento y Control Lechero Uruguayo (MU). La longevidad se definió como una característica binaria con valores de 1 y 0 si la vaca sobrevivió o no a la lactancia, respectivamente. Se consideró que la vaca había sobrevivido al período de lactancia cuando se inició el siguiente período de lactancia y que fue descartada cuando se presentó la fecha de descarte. Analizando así la probabilidad de que el animal permanezca en producción. Para el análisis de los componentes de varianza y predicción de los parámetros genéticos (heredabilidad y correlaciones), se utilizaron los programas del paquete BLUPF90, por la metodología REML (REMLF90 y AIREMLF90) y la metodología de análisis Bayesiana, mediante el muestro de Gibbs (THRGIBBS1F90 y POSTGIBBSF90). Se realizaron análisis para modelos no-lineales y lineales de las cinco primeras lactancias. La heredabilidad estimada presentó valores de 0,07 a 0,12 para no lineales y de 0,02 a 0,07 para modelos lineales, que demostró que la supervivencia de la vaca a un mayor número de lactaciones depende cada vez más de componentes genéticos. La correlación entre las lactancias presentó valores entre 0,78 y 0,99, siendo que la mejora genética atribuida a una variable tendrá una fuerte influencia sobre los demás. Esto permitiría realizar los análisis utilizando las primeras lactancias, y, así, predecir la longevidad a edades más tempranas. La correlación entre los valores genéticos obtenidos a través de los dos modelos fue superior a 0,99 para todos los rasgos, sin diferencia en el uso de ambos modelos, siendo posible el uso del modelo lineal con datos binarios para el análisis de longevidad. Concluyendo que es posible utilizar la longevidad en las evaluaciones genéticas de Uruguay a través de un modelo lineal multi carácter de modelos mixtos.

Palabras clave: heredabilidad, modelo no lineal, parámetros genéticos, datos categóricos, valores genéticos adictivos

ESTIMATION OF VARIANCE COMPONENTS FOR GENETIC EVALUATION IN CATTLE OF THE HOLSTEIN BREED

SUMMARY

The objective of this study was to estimate variance components, establish the statistical model that best fits the estimation of breeding values and analyze the possibility of carrying out a genetic evaluation of the longevity trait in animals of the Uruguayan dairy production system of the Holstein breed. Records of 433,215 cows were used, from the Uruguayan Milk Improvement and Control Institute (MU). Longevity was defined as a binary trait with values of 1 and 0 if the cow survived lactation or not, respectively. The cow was considered to have survived the lactation period when the next lactation period began, and she was culled when the culling date was presented. Thus, analyzing the probability that the animal remains in production. For the analysis of variance components and prediction of genetic parameters (heritability and correlations) the programs of the BLUPF90 package were used, by the REML methodology (REMLF90 and AIREMLF90) and the Bayesian analysis methodology, using the Gibbs sampling (THRGIBBS1F90 and POSTGIBBSF90 programs). Analysis for non-linear and linear models was performed for the first five lactations. The estimated heritability presented values from 0.07 to 0.12 for non-linear models and from 0.02 to 0.07 for linear models, demonstrating that the survival of the cow to a greater number of lactations depends more on genetic components. The correlation between lactations presented values ranging from 0.78 to 0.99, and the genetic improvement attributed to one variable will have a strong influence on the others. This would allow analyzes to be carried out using the first lactations, and thus predict longevity at earlier ages. The correlation between the breeding values obtained through the two models was greater than 0.99 for all the traits, there is no difference in the use of the models, thus allowing the use of the linear model with binary data for the analysis of longevity. Concluding that it is possible to use longevity in the genetic evaluations of Uruguay through a linear multi-character model of mixed models.

Keywords: heritability, nonlinear model, genetic parameters, categorical data, additive breeding values

1. INTRODUCCIÓN

Esta tesis tiene como objetivo estudiar y desarrollar metodología que permita la evaluación genética rutinaria del rasgo de longevidad para vacas Holando en Uruguay. Se presentan definiciones y conceptos sobre las diferentes metodologías utilizadas mundialmente.

La producción mundial de leche llegó a 883 millones de toneladas en 2019 (FAO, 2019). En 2018, Uruguay alcanzó una producción de leche superior a 2 mil millones de litros (INALE, 2019), con lo que destacó en la balanza comercial mundial, donde está entre los diez mayores exportadores de productos lácteos del mundo.

Los sistemas de producción de bovinos lecheros están pasando por un proceso de evolución continua y acelerada, teniendo como foco, la búsqueda de la optimización de la producción lechera.

La intensificación del sistema viene siendo posible en función del advenimiento de tecnologías en el área de la nutrición, ambiente, bienestar, mano de obra calificada y genética. Su objetivo es proporcionar soporte adecuado, para que el animal obtenga condiciones nutricionales y fisiológicas necesarias para desempeñar su potencial genético y productivo (Vilela, 2001).

El desarrollo del sector lechero uruguayo ha sido apoyado por instituciones que se enfocan en la mejora genética de los rodeos, reunidas en el convenio de evaluación genética de ganado lechero por las siguientes instituciones: ARU (Asociación Rural del Uruguay); FAGRO (Facultad de Agronomía, UdelaR); INALE (Instituto Nacional de la Leche); INIA (Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria); MU (Instituto Mejoramiento y Control Lechero Uruguayo); SCHU (Sociedad Criadores de Holando del Uruguay).

Para que todas estas tecnologías actúen de forma efectiva en el aumento de la productividad animal, se vuelve esencial seleccionar animales genéticamente superiores por características de interés productivo y reproductivo. Esa selección

posibilita la maximización de la productividad. Donde el objetivo de la evaluación genética es estimar los valores de cría de las características de interés económico dentro de cada raza.

Los programas de mejoramiento genético posibilitan a través de la estimación del mérito genético de cada individuo, identificar y seleccionar aquellos individuos que valores genéticos superiores. A través de la selección de los padres se obtiene un aumento en el mérito genético y consecuentemente un mejor desempeño a cada generación.

Actualmente, Uruguay presenta una evaluación genética de ganado lechero para las características de producción de leche (kg), grasa y proteína (kg y porcentaje en relación con la producción), salud de ubre a través del recuento de células somáticas y fertilidad que se mide a partir de la tasa de preñez de las hijas. También se analizan las características tipo (conformación), pero en menor escala con relación a las demás. En este momento, Uruguay no cuenta con evaluación genética para el rasgo de longevidad.

Longevidad o *stayability* (en inglés) se define como la probabilidad de una hembra de permanecer en producción a una edad específica, dado que esta tuvo oportunidad en alcanzar esta edad (Hudson y Van Vleck, 1981).

La selección para la longevidad tiene el objetivo de identificar a aquellos individuos con mayor capacidad de mantenerse productivos, o sea, con mayor probabilidad de supervivencia al descarte voluntario e involuntario dentro del rodeo, consecuentemente aumentando su período de vida útil.

La supervivencia al descarte voluntario e involuntario tiende a tener diferentes ventajas dentro de la producción. El descarte voluntario, que es dado por la elección del productor, se usa ampliamente para seleccionar los animales más productivos con las mejores características de interés económico. El descarte involuntario se lleva a cabo por razones de influencia ambiental, como enfermedades y accidentes, en las cuales el criador no tiene responsabilidad directa (Weigel et al., 2003).

1.1. IMPORTANCIA ECONÓMICA DA LONGEVIDAD

El aumento de la longevidad de la vaca lechera dentro del rodeo tiene un fuerte impacto económico por presentar relación con los principales aspectos de importancia productiva y reproductiva (De Vries et al., 2011, Weigel et al., 1998), y por promover un período más largo entre los reemplazos de las vacas. La rentabilidad depende directamente del tiempo en que el animal se encuentra produciendo (Gabler et al. 2000, Heinrichs 1993, Hoffman y Funk 1992).

Allaire y Gibson (1992) destacan que el peso económico de la producción de leche depende principalmente del costo fijo de producir una unidad de leche. Así, el peso económico de la longevidad depende del costo relativo de proporcionar sustitutos en relación con el costo de mantenimiento. Estos autores demostraron que la ganancia económica puede llegar a 7 % menor en establecimientos con mejoramiento genético solo para producción lechera con relación a aquellos que también utilizan la vida productiva de la vaca.

El mantenimiento de vacas de alta producción dentro del rodeo y de mayor longevidad presenta ganancias económicas considerables, lo que brinda a los animales la posibilidad de diluir los gastos relacionados con la edad hasta el inicio de la vida reproductiva (Gabler et al., 2000).

La diferencia entre las vacas multíparas y primíparas es de interés para la longevidad por presentar diferentes niveles de producción. VanRaden et al. (2006) reportaron distinciones entre producción de grupos de primíparas, vacas de segundo parto y vacas de tres o más crías. Resaltando que las vacas de primer parto presentaron un pico de producción inferior a los otros grupos y que el rendimiento productivo acumulado de 305 días de vacas primíparas fue 14 % más bajo que en las vacas multíparas. Lo que evidencia que un mayor número de vacas multíparas en producción aumenta directamente la rentabilidad.

Estudios han demostrado pesos económicos relevantes para la longevidad, siendo una característica utilizada por diferentes países (Miglior et al. 2005, Wolfová et al. 2007), considerando así la contribución de la mejora del rasgo al aumento de la ganancia.

1.2. MEDICIÓN DE LONGEVIDAD

Para la longevidad se considera el tiempo transcurrido entre dos eventos; considerando el tiempo de producción de una vaca, se utiliza como evento inicial el primer parto (inicio de la vida productiva), y el evento final, el descarte (Flynn, 2012).

La característica se puede clasificar como: longevidad verdadera, que es dada por la vida productiva de la vaca, desde el primer parto hasta el descarte (no se consideran los motivos del descarte), tal definición será utilizada en esta tesis; y longevidad funcional, dónde se utiliza la longevidad verdadera ajustada para la producción. Considerándose así, la capacidad de la vaca de evitar el descarte involuntario (descarte por causas ajenas a la producción).

Longevidad en los sistemas de evaluación genética no es una característica estandarizada, por lo que queda a criterio de los órganos técnicos responsables la definición, la formación de la base de datos, las metodologías y el método de análisis que se emplearán al ser un rasgo con distintas maneras de medición (Heise 2017, Imbayarwo-Chikosi et al. 2015, VanRaden y Klaaskate, 1993).

Longevidad puede ser medida como: el tiempo desde el primer parto hasta el descarte; tiempo en lactación (días, meses); número de lactancias; y valores binarios (1/0; presencia/ausencia) en determinados períodos predeterminados (lactancias, etapas de lactancia, etc.), considerando longevidad como una característica con datos categóricos.

La elección de qué definición usar depende de algunos factores, entre ellos: la base de datos disponible; el propósito del análisis (inserción del rasgo a la evaluación genética, atribución de valores a ambos padres o no) y el tiempo requerido para el análisis (si considerará la longevidad como una característica tardía o no).

Interbull (International Bull Evaluation Service), subcomité permanente del comité internacional para el registro de animales (ICAR), es responsable de estandarizar y comparar las distintas evaluaciones genéticas presentes en el mundo para ganado lechero. Dentro los países participantes de Interbull, la utilización de los valores binarios para longevidad está bastante generalizada, siendo unos de los principales métodos de evaluación genética utilizados (Tabla 1).

La Tabla 1 muestra las definiciones de los rasgos de longevidad que se utilizan para la evaluación genética del ganado lechero para los países participantes del Interbull:

Tabla 1 Metodología para la predicción de valores de genéticos para longevidad de los diferentes países participantes en Interbull

<i>Países</i>	<i>Definición</i>
<i>Australia, Bélgica, Dinamarca, Suecia, Finlandia, Irlanda, Noruega, Países Bajos, Nueva Zelanda</i>	Probabilidad de sobrevivir hasta la próxima lactancia.
<i>Canadá, Sudáfrica</i>	Primera lactancia separada en 3 fases. Probabilidad de sobrevivir hasta la próxima fase. Fases: primera lactancia particionada en 3, segunda lactancia y tercera lactancia.
<i>Alemania, Austria, Luxemburgo</i>	Las 3 primeras lactaciones de una hembra, cada una dividida en 3 períodos Lactancia 1: parte 1, 2 y 3 Lactancia 2: parte 1, 2 y 3 Lactancia 3: parte 1, 2 y 3 Donde las partes se dividen en: 0-49 d, 50-249 d y 250 d hasta el inicio de una nueva lactancia.
<i>Eslovenia, Francia, España, Hungría, Israel, Italia, República Checa, Polonia, Suiza</i>	Vida productiva de la vaca, días (calculada a través del número de días entre el primer parto y la última fecha de prueba o descarte).
<i>Gran Bretaña</i>	<i>Score 1</i> : calculado a partir del número de lactancias completadas hasta la 5. ^{ta} lactancia <i>Score 2</i> : salud de ubre, patas y pezuas y recuento de células somáticas. (Modelo bivariado.)
<i>EE. UU.</i>	Créditos: — para cada mes en lactancia estándar; — inicio de una nueva lactancia; mayor crédito: producción superior al estándar. Menor crédito: para producción menor del estándar.

En cuanto a la longevidad, la variación de metodologías entre países es evidente (Tabla 1).

Utilizar el modelo estadístico correcto y el método de medición más apropiado a los datos disponibles es importante para el análisis del rasgo, de manera de poder predecir méritos genéticos utilizando toda la información disponible en las evaluaciones genéticas haciendo uso de los valores de variación fenotípica, aditiva y ambiental (Weigel et al., 2003).

1.2.1. Datos censurados

Un factor importante para el análisis de la longevidad es el uso de datos censurados. El análisis mediante datos censurados permite el uso de registros y predicción de valores de cría a las vacas que aún están vivas al momento de la evaluación genética, sin necesidad de esperar el descarte. En estos casos el animal no será considerado como descartado sino con estado desconocido.

La censura hace posible que, en los casos en que solo se disponga de información parcial sobre el tiempo de vida de una vaca, se pueda utilizar su valor mínimo y analizar de la misma forma los méritos genéticos, siendo un caso de censura a derecha (Klein y Moeschberger, 2003).

La inclusión de esta información permite evaluar a los animales y permitir su inserción en el programa de mejora genética lo antes posible. Si para la selección por longevidad fuera necesario esperar el descarte de las hijas, los valores genéticos estarían disponibles de forma tardía, convirtiéndose en una característica inviable para los programas de selección.

Los datos censurados representan a un dato para el cual no sabemos el tiempo exacto en que ocurrió el evento. De esa manera tenemos datos completos cuando conocemos el momento exacto del evento (figura 1) y datos censurados, cuando no se conoce el momento exacto del evento (figura 2).



Figura 1 Ejemplo de datos completos

Existen tres formas de censura, censura a izquierda, censura por intervalos y censura a derecha.

La censura a la izquierda se utiliza cuando no se conoce el inicio de los datos (se analiza la vida productiva de la vaca a partir de la segunda lactancia, por ejemplo), la censura por intervalos se utiliza cuando no hay datos registrados en un determinado período, si hay principio y final, pero tiene una pérdida de datos durante el análisis. Ambos no fueron considerados en este trabajo.

La censura a derecha abarca los animales que no fueron descartados al final del período analizado. Los datos para esos animales son considerados como “en producción”, y no como animales descartados, porque aún no ha ocurrido su tiempo de falla, único tipo de censura utilizada en este trabajo.

La figura 2 ejemplifica cinco vacas, tres de las cuales registraron su descarte antes del final del análisis y se consideran datos completos. Dos vacas llegaron al final del período aún vivas, siendo consideradas vacas censuradas a derecha.

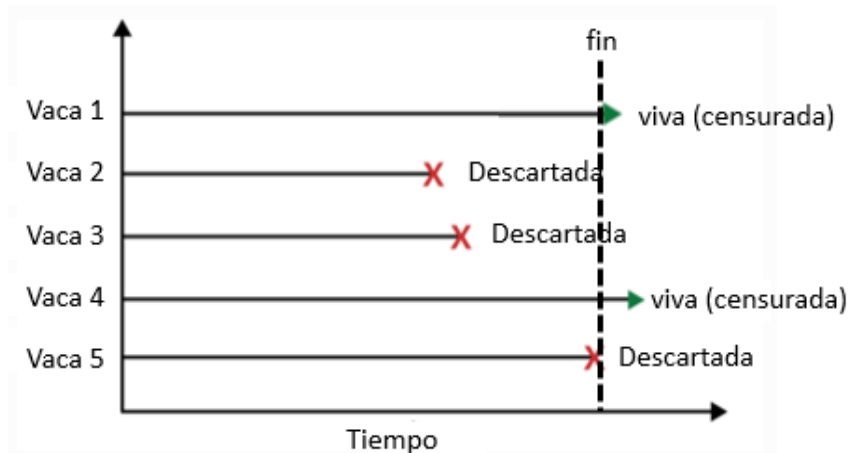


Figura 2 Ejemplo de datos censurados a derecha

1.3. PRINCIPALES MÉTODOS ESTADÍSTICOS

Las evaluaciones genéticas para longevidad presentes en Interbull, se divide, en general, entre modelos estadísticos lineal o no lineal. Algunos países, con la intención de reducir el tiempo requerido para la predicción de méritos genéticos, hacen uso de la regresión aleatoria, lo que permite modelar con mayor precisión la vida productiva de las vacas (por ejemplo, Van Pelt et al. (2015)).

Se han estudiado varios enfoques para estimar los valores genéticos de la longevidad. El uso de diferentes modelos estadísticos resalta la necesidad de comparar y analizar cuál se adapta mejor a los datos disponibles.

Los modelos utilizados actualmente son: modelo lineal (por ejemplo, Heise (2017)), regresión aleatoria (RR) (por ejemplo, Van Pelt et al. (2015)), umbral (TM) y modelos de supervivencia (por ejemplo, Yazdi et al. (2002)).

El modelo lineal, a pesar de ser un modelo teóricamente inapropiado, ha sido utilizado por muchos países, en los que la supervivencia se define normalmente como una característica de uno o varios caracteres. Países como Canadá, Sudáfrica y Alemania utilizan un modelo lineal aplicado a datos categóricos (Interbull, 2022).

Gran Bretaña usa un modelo animal bivariado para todas las razas, mientras que EE.UU. e Israel evaluaron la longevidad con un modelo animal BLUP de un solo rasgo para todas las razas. Bélgica es el único país que utiliza modelos de regresión aleatoria para evaluar la longevidad (Imbayarwo-Chikosi et al., 2015). Por lo tanto, no existe un sistema universal para las evaluaciones genéticas para esa característica (Sewalem et al., 2005).

Los distintos modelos tienen como meta acortar el tiempo para la predicción de méritos genéticos para los animales a partir de la información de sus hijas. Es relevante disponer de métodos eficientes para la predicción de méritos genéticos (que provean al productor resultados rápidos, de manera práctica y con alta confiabilidad), siendo que, dependiendo del modelo elegido podría resultar en una mayor necesidad computacional, debido a complejidad y cantidad de datos.

Cuando se trabaja en evaluaciones genéticas nacionales con grandes bancos de datos y modelos multirrasa, el tiempo de análisis se torna un punto relevante a considerar.

1.3.1. Modelo umbral

El modelo umbral fue propuesto como un método estadístico teóricamente aceptable para datos categóricos (Gianola 1982, Harville y Mee 1984). Los autores sugirieron el análisis del modelo umbral basados en la necesidad de análisis de datos que no presenten distribución normal, necesaria para el análisis lineal.

En los análisis que utilizan datos categóricos, la longevidad es considerada multirrasa, donde se considera si una vaca estuvo presente en determinado momento, considerando cada periodo analizado como una característica distinta. La vida productiva de las vacas se divide en periodos de mayor interés, ya que, computacionalmente, no sería viable utilizar muchos caracteres.

En comparación con el modelo lineal, el modelo no lineal (teóricamente más adecuado, ya que los datos categóricos no presentan una distribución normal y por lo tanto no aceptan los presupuestos de un modelo lineal), tiene un mayor costo computacional y

requiere más tiempo para realizar los análisis requeridos. Además, software para predicción de méritos genéticos rutinaria con modelos multi carácter con más de un rasgo categórico están disponibles apenas para análisis bayesiana, siendo necesario más tiempo que por un análisis directo BLUP.

1.3.2. Metodología de análisis de supervivencia

El “Análisis de Supervivencia” es un conjunto de procesos estadísticos para los cuales la variable de interés es el tiempo que transcurre hasta que ocurre un evento. Este tipo de análisis se destaca por el uso de datos contabilizados a lo largo del tiempo, presentando observaciones que ocurrieron durante la vida productiva del animal (Ducrocq, 1999).

El análisis de supervivencia utiliza tanto la información de animales que fueron descartados (sin censura) como los registros de aquellos animales que aún están vivos y productivos (censurados). Posibilitando modelar la longevidad en función del tiempo. El uso de este tipo de datos permite insertar vacas que fueron descartadas y vacas que sobrevivieron en el mismo tiempo t .

La ventaja observada es que el uso del flujo de información para el análisis empieza normalmente con la primera lactancia registrada y no es necesario que se espere el descarte del animal, como sucede en otros métodos de medida para longevidad.

El análisis de supervivencia se destaca por poder modelar continuamente la duración de la vida productiva, evitando así una evaluación tardía de la característica, además de demostrar la posibilidad de supervivencia en un punto específico. Tal método utiliza del tiempo inicial hasta la ocurrencia de un determinado evento, denominado "tiempo de falla", y la unidad de medida a utilizar es una característica del tiempo (días, meses y años) (Schaeffer 2016, Tsuruta et al. 2005).

La metodología de análisis de supervivencia utiliza la función de supervivencia $S(t)$, que describe la probabilidad de que una observación alcance o no el punto de falla. La

función puede ser estimado utilizando algunas técnicas específicas, como el estimador de Kaplan-Meier.

Esa función posibilita analizar toda la vida productiva de un animal, más allá de un tiempo t predeterminado. Siendo una de las grandes ventajas el modelaje del período desde el primer parto hasta el descarte (Ducrocq, 2005).

Otra alternativa es usar la distribución de Weibull, que se caracteriza como una generalización de dos parámetros. La distribución exponencial puede ser utilizada para modelar la “Función de riesgo”, así tener en cuenta el aumento o la disminución de esta función y visualizar el momento de falla de los animales (Mrode y Thompson, 2014).

El modelo de supervivencia se utiliza actualmente para las evaluaciones de longevidad genética de rutina en varios países, incluidos Francia, Dinamarca, Alemania, Italia, España y Suiza (Ducrocq, 2005). Una desventaja encontrada es la complejidad del análisis y la gran dificultad de aplicación en casos con muchas características y de no ser aplicado al modelo animal y si normalmente a través de un modelo padre (Mrode y Thompson, 2014).

1.3.3. Modelo lineal

La selección de modelos para el análisis de un conjunto de datos abarca la elección que satisface las necesidades y describe con mayor precisión los datos observados y el objetivo a alcanzar. El modelo lineal es comúnmente utilizado para la evaluación genética de rutina de diferentes países (Imbayarwo-Chikosi et al., 2015) y para la mayoría de las características en ganado lechero.

Los modelos lineales son modelos que presentan una relación entre variables que son lineales en los parámetros, lo que implica que, matemáticamente, la variación que ocurre en cada uno de los parámetros es independiente de los otros parámetros utilizados por el modelo (Yazdi et al., 2002).

Debido a su mayor facilidad de cálculo de grandes conjuntos de información, el modelo lineal es frecuentemente utilizado para análisis de la longevidad. Además, cuenta con una mayor disponibilidad de software, en comparación con otros modelos, lo que facilita su inserción en las evaluaciones genéticas rutinarias (ejemplo, Misztal et al. (2002)).

La utilización del modelo lineal resulta en demandas computacionales lo suficientemente bajas como para que se puedan realizar modelos animales más complejos con una gran cantidad de efectos aleatorios, como el modelo animal, posibilitando la predicción de valores genéticos para padres, madres y progenies en un análisis de rutina a gran escala. (Imbayarwo-Chikosi et al., 2015, Toit, 2011).

La longevidad puede ser definida como una característica categórica, que no necesariamente presenta una distribución normal y no satisface las necesidades teóricas establecidas para un modelo lineal, lo que la vuelve teóricamente inapropiada. Esa es una de las principales críticas para la utilización del modelo (Yazdi et al., 2002). Sin embargo, debido a la fácil implementación, muchas veces se aplican los modelos lineales mixtos a datos binarios para la longevidad (Heise 2017, Madgwick y Goddard 1989, Sewalem et al. 2007).

Una posibilidad que viene siendo explorada dentro de los modelos lineales es la utilización de regresión aleatoria que posibilita la estimación de valores genéticos para las vacas y toros; con la ventaja de que permite estimar valores para cada punto del período considerado (Jamrozik et al., 2008). De esa manera, la regresión aleatoria permite modelar la característica de longevidad en el tiempo.

1.4. PARÁMETROS GENÉTICOS

Para la inserción del rasgo de longevidad en el programa de mejoramiento genético, es importante analizar cuánto de este rasgo es dado por cuestiones genéticas y cuánto de su respuesta es influenciada por el ambiente. El análisis de los componentes de la varianza se convierte así en un punto de partida para esta inclusión.

Las estimaciones de heredabilidad de los rasgos de longevidad difieren entre los modelos y medidas para longevidad. Varios autores han reportado valores bajos para la longevidad, presentando los modelos lineales valores más bajos que los modelos no lineales, lo que sugiere una mayor precisión para el segundo modelo (Ducrocq 2005, Sewalem et al. 2005). Tsuruta et al. (2005) publicaron estimaciones de 0,08 a 0,10 para vacas Holando en EE.UU. con un modelo animal lineal. Para modelos no lineales, los valores están alrededor de 0,12 a 0,22 (Ducrocq 2005, Imbayarwo-Chikosi et al. 2015).

Al comparar los valores encontrados por diferentes autores, podemos ver una superioridad en la heredabilidad obtenida por modelos con análisis de supervivencia en vacas Holando, que estuvieron en el rango de 0,05 a 0,22 (Yazdi et al., 2002).

1.5. HIPÓTESIS

- a) Existe variabilidad genética que hace posible estimar valores genéticos para el rasgo de longevidad en animales Holando en el sistema de producción lechero uruguayo.
- b) Con base en datos fenotípicos del Uruguay es posible establecer un modelo estadístico para la predicción de valores genéticos para el rasgo de longevidad en animales Holando.

1.6. OBJETIVOS

1.6.1. Objetivos generales

El objetivo de este estudio es estimar componentes de varianza, establecer el modelo estadístico que mejor se ajuste para la estimación de valores genéticos y analizar la posibilidad de realizar una evaluación genética del rasgo longevidad en animales del sistema uruguayo de producción lechera de la raza Holando.

1.6.2. Objetivos específicos

- a) Analizar los componentes de la varianza para diferentes partes de la vida productiva de la vaca.
- b) Comparar predicciones de valores de cría bajo diferentes modelos.
- c) Analizar la tendencia genética para longevidad en vacas Holando.

2. GENETIC PARAMETERS FOR LONGEVITY IN DAIRY CATTLE IN URUGUAY¹

Running title: Different statistical models for longevity

Nathalia F. Silveira, Olga Ravagnolo, Ignacio Aguilar

2.1. RESUMEN

El objetivo de este estudio fue estimar componentes de varianza, establecer el modelo estadístico que mejor se ajuste para la estimación de valores genéticos y analizar la posibilidad de realizar una evaluación genética del rasgo de longevidad en animales del sistema productivo lechero uruguayo de la raza Holando. Se utilizaron registros del Instituto Mejoramiento y Control Lechero Uruguayo (MU), con 3.459.039 animales Holando disponibles inicialmente, desde 1970 al 2019. Luego de editar los datos en diferentes criterios, se utilizaron 433.215 vacas para los análisis de parámetros genéticos. La longevidad se definió como una característica binaria con valores de 1 y 0 si la vaca sobrevivió o no a la lactancia, respectivamente. Se consideró que la vaca había sobrevivido al período de lactancia cuando se inició el siguiente período de lactancia y que fue descartada cuando se presentó la fecha de descarte. Para el análisis de los componentes de varianza y para realizar la predicción de los parámetros se utilizaron los programas del paquete BLUPF90, mediante metodología REML (REMLF90 y AIREMLF90) y la metodología de análisis Bayesiana, mediante el muestreo de Gibbs (utilizando el programa THRGIBBS1F90 y POSTGIBBSF90). Se analizaron modelos lineales y no-lineales para los rasgos binarios de longevidad para las cinco primeras lactancias. La heredabilidad (con valores variando de 0,07 a 0,12 para modelos no lineales y de 0,02 a 0,07 para modelos lineales) aumentó según la lactancia analizada. La correlación entre las primeras 5 lactancias obtuvo valores superiores a 0,78 utilizando ambos modelos. Esto demuestra que, a través de la correlación genética, se permite realizar un análisis utilizando las primeras lactancias para poder predecir la longevidad en edades posteriores. En base a la variancia genética

¹ Artículo a publicar en *Journal of Animal Science*.

aditiva encontrada es posible poder realizar una evaluación genética para longevidad, siendo que cuanto mayor número de lactancias, mayor es la influencia de los componentes genéticos. La correlación genética obtenida entre los valores genéticos resultantes de los modelos analizados (no lineal y lineal) mostró valores superiores a 0,99, lo que demuestra que no hay cambio en las clasificaciones obtenidas para los animales presentes en las evaluaciones genéticas. Se concluye que es posible realizar una evaluación genética para longevidad en vacas Holando en Uruguay y el uso de un modelo animal lineal con datos binarios.

Palabras clave: heredabilidad, modelo no lineal, parámetros genéticos, datos categóricos, valores genéticos adictivos

2.2. SUMMARY

The objective of this study was to estimate variance components, establish the statistical model that best fits the estimation of breeding values and analyze the possibility of carrying out a genetic evaluation of the longevity trait in animals of the Uruguayan dairy production system of the Holstein breed. Records of 433,215 cows were used, from the Uruguayan Milk Improvement and Control Institute (MU). Longevity was defined as a binary trait with values of 1 and 0 if the cow survived lactation or not, respectively. The cow was considered to have survived the lactation period when the next lactation period began, and she was culled when the culling date was presented. Thus, analyzing the probability that the animal remains in production. For the analysis of variance components and prediction of genetic parameters (heritability and correlations) the programs of the BLUPF90 package were used, by the REML methodology (REMLF90 and AIREMLF90) and the Bayesian analysis methodology, using the Gibbs sampling (THRGIBBS1F90 and POSTGIBBSF90 programs). Analysis for non-linear and linear models was performed for the first five lactations. The estimated heritability presented values from 0.07 to 0.12 for non-linear models and from 0.02 to 0.07 for linear models, demonstrating that the survival of the cow to a greater number of lactations depends more on genetic components. The correlation between lactations presented values ranging from 0.78 to 0.99, and the genetic improvement attributed to one variable will have a strong influence on the others. This would allow analyzes to be carried out using the first lactations, and thus predict longevity at earlier ages. The correlation between the breeding values obtained through the two models was greater than 0.99 for all the traits, there is no difference in the use of the models, thus allowing the use of the linear model with binary data for the analysis of longevity. Concluding that it is possible to use longevity in the genetic evaluations of Uruguay through a linear multi-character model of mixed models.

Keywords: heritability, nonlinear model, genetic parameters, categorical data, additive breeding values

2.3. INTRODUCTION

Longevity is defined as the probability of a female remaining in production at a specific age, given that she had the opportunity to reach this age (Hudson and Van Vleck, 1981). Therefore, selection for longevity aims to identify individuals with the greatest capacity to remain productive, that is, with the greatest probability of survival due to voluntary and involuntary culling within the herd.

The increase in the cow's life span, makes it possible to achieve a higher dilution of the maintenance and replacement costs of females (Gabler, Tozer, and Heinrichs et al., 2000; Ritchie and Field, 1995). VanRaden et al. (2006) showed that the highest production of a cow occurs in the third lactation. Therefore, keeping the animal in the system longer and having a greater number of multiparous cows instead of primiparous ones will increase the dairy production of the dairy.

Longevity presents low values for heritability (values between 0.03 and 0.25) as found by Essl and Voith (2002) and Toit (2011). These results show that even though it presents a high influence of environmental factors, there is additive genetic variance and therefore there is the possibility of its inclusion in dairy cattle selection programs, it has been shown by the main producing countries present in Interbull.

Longevity is not a standardized trait, so there are several ways of assigning values to the trait when included in the genetic evaluation of longevity. Some of the most recurrent are: the number of days in lactation throughout the life of the animal (continuous), the number of days between first calving and culling (continuous), and the ability to stay in the system until the specified age (binary) (Ducrocq et al., 1988; Imbayarwo-Chikosi et al., 2015). There is also, different statistical models and forms of analysis (Heise, 2017) used in the different national genetic evaluations.

The choice of which method to use varies according to the available data, model used, purpose of analysis, whether to choose an animal model (assignment of values for both parents and progeny) or a bull model (only genetic values for the bull). Using

continuous data and the time the cow remained in production for linear analysis results in longevity as a late trait. While the use of a survival analysis model is more complex. Categorical data make it possible to assess longevity at earlier ages.

The most common statistical models are the non-linear model, survival model, and linear model (including random regression), the latter being used even with binary data analysis. Linear mixed models are not theoretically acceptable for the analysis of binary data because they assume that the residuals are normally distributed; as this type of data does not demonstrate a normal distribution (Henderson, 1973). However, Meijering and Gianola (1985) established that it is possible to obtain breeding values that are usable for the ranking of dairy cattle using linear models, which has the advantage of the ease of use and availability of efficient computational methods.

According to Interbull (Permanent Subcommittee of the International Committee for Animal Registration (ICAR)), the main dairy-producing countries has genetic selection programs that includes longevity for cows of the Holstein breed and presents positive results for selection (Interbull, 2022). Uruguay, currently a member of the Interbull is part of the minority of countries that do not have genetic selection for longevity.

This study aims to estimate variance components, establish the statistical model that best fits the estimation of genetic parameters. To compare the estimation of genetic values through different statistical models, evaluating its applicability for longevity in animals of the Uruguayan Holstein dairy production system.

2.4. MATERIALS AND METHODS

2.4.1. Data

Records of the del MU (“Instituto Mejoramiento y Control Lechero Uruguayo”), with 3,409,646 Holstein animals, 828,245 males and 2,574,795 females, with 2,328,630 lactation records from 1970 to 2019, with several lactations between 1 and 13, from 929 herds associated with the MU. The year of first calving ranged from 1974 to 2019 for animals for animals born between 1970 to 2017.

The database is composed of historical information on production animals and discarded animals, genealogical records (provided by the ARU (“Asociación Rural del Uruguay”)) and productive and reproductive information. Considering the cows that have started their reproductive life.

To avoid animals with wrong and missing data, data editing was carried out considering different criteria, such as: the cow having started the first lactation; valid relationship of age and lactation, considering that a cow that presents a certain lactation must have the appropriate age for her. For example, a cow cannot have a third lactation at 2 years of age; no lactation or repeated date of calving, the dates must be in accordance with those presented above; all lactations are consecutive to the first, that is, cows with missing lactation data were not considered.

For the analysis of the genetics parameters, animals had to have their first calving between 1990 and 2014 and known father and mother. The end year was defined as 2014 to ensure that all cows have the possibility of completing at least five lactations.

MySQL 8.0 and RStudio (Version 1.3.959) were used for database editions, and after debugging the data by the mentioned criteria, the final data consisted of: 433,215 animals, with 300,848 cows’ evaluation with own data. Mean age at first calving were 33 months, median 32 months, and the mode 36 months (fig. 1). The number of lactations per cow ranging from 1 to 13 lactations with mean and median of three and

mode of one, where the highest number of deaths occurred in the first lactation (fig. 2).

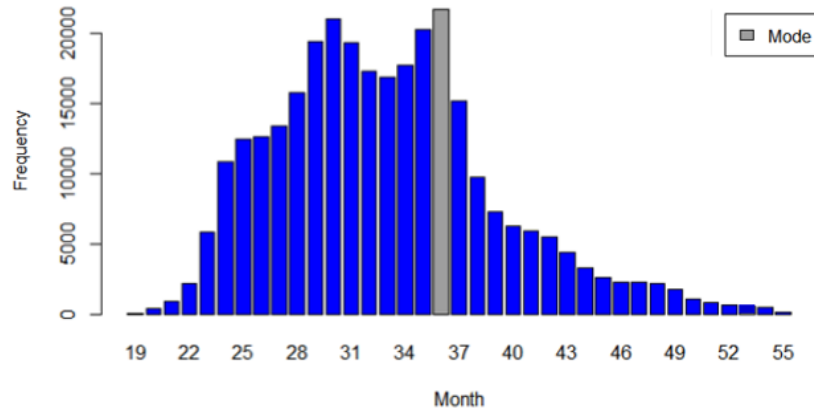


Figure 1 Frequency distribution of age at first calving of Holstein cows used in the evaluations, with emphasis on the mode.

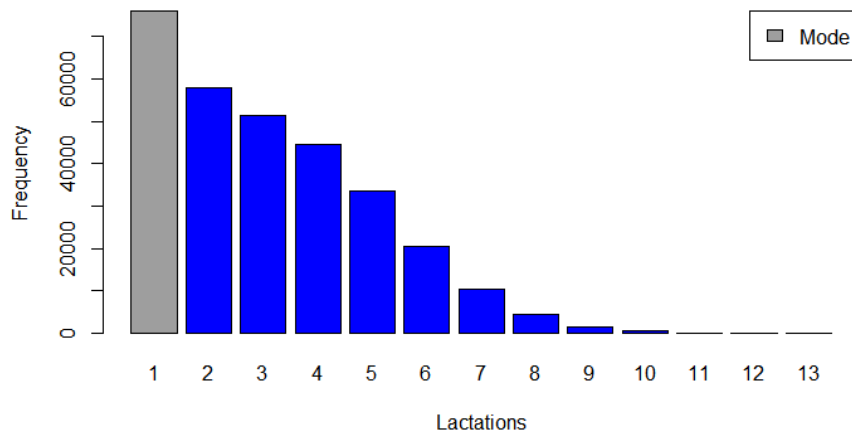


Figure 2 Frequency of the last lactation presented, moment of cow culling.

2.4.2. Reasons for discarding the animals

Although there are records of reasons for discarding the animals, they were not considered due to inconsistency and the high number of missing data (Fig. 3). The high number of unknown causes and automatic terminations, which occur when the system detects that the cow was discarded without value attributed to a cause or that it stopped receiving information from that cow.

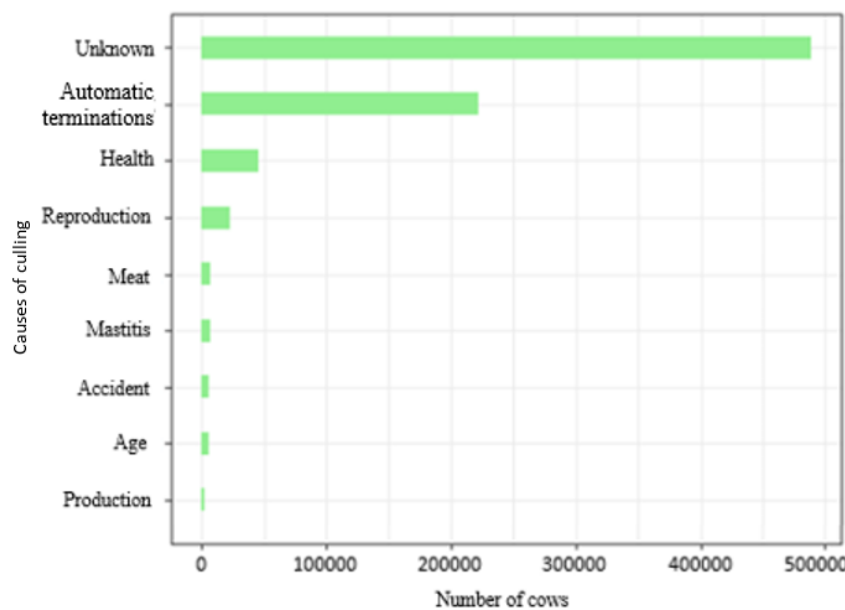


Figure 3 Counting the causes of culling cows.

2.4.3. Discard behavior

The use of DIM (days in milk during lactation) allowed the analysis of the culling behavior of females. For culled cows, the number of days that a cow remained in production during its last lactation was considered to establish at what point the culling occurred. Lactations from 1 to 5 were analyzed.

Figure 4 shows the percentage of live animals every 30 days in the first 5 lactations. Using the values obtained by status and DIM, every 30 days it was verified how many

percent of the animals remained in production and how many were discarded. It is possible to highlight that there is no great variation in the discard behavior throughout the lactations, and it does not present a critical period where it obtained a higher mortality rate. Culling occurs in greater numbers between lactations.

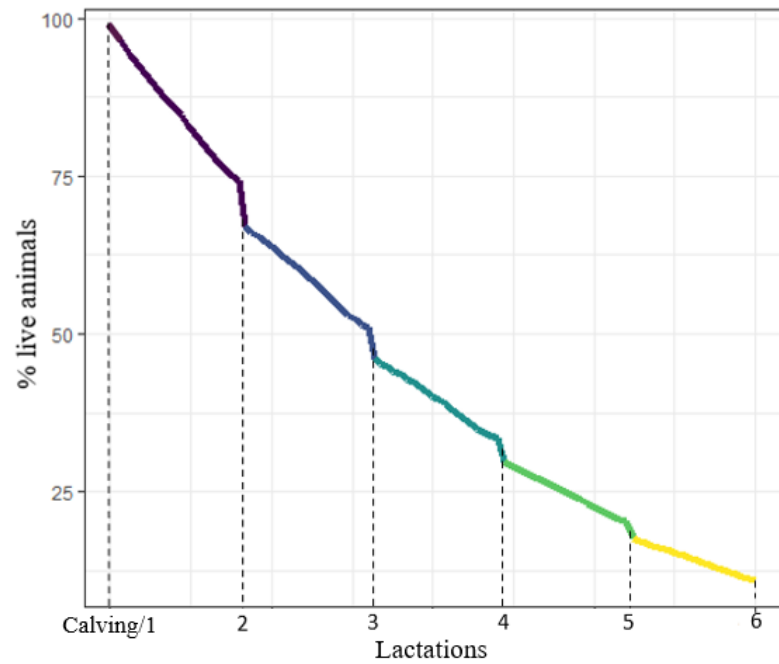


Figure 4 Behavior of culling animals during the first five lactations

Figure 5 shows the active and discarded animals during the first five lactations. The number and percentages of active and discarded animals are referenced to the initial number of cows.

Lact.	Active	% Active	Discarded	% Discarded
1	215736	76.04%	67971	23.96%
2	161242	56.83%	51230	18.06%
3	112820	39.77%	45136	15.91%
4	70920	25.00%	38816	13.68%
5	39061	13.77%	29053	10.24%

Figure 5 Description of the discards present within each lactation.

2.4.4. Trait Definition

Longevity was defined as a binary trait with values of 1 and 0 depending on whether the cow survived the lactation or not. This definition makes it possible to analyze the probability of the animal remaining in production for a pre-established period.

The first five complete lactations were defined and analyzed at time t (which was defined by the date of drying of the cows or the beginning of the next lactation period), where the record was converted into a binary character (0/1) if the animal is present in time t or not. If the animal was present at next lactation, it was assigned a value of 1, if not and its status was discarded, it was assigned a value of 0. In cases where the animal was not checked as discarded, but did not present the next lactation recorded, it was considered unknown, getting a value of -1 (table 1).

Table 1 Example of inserting values for longevity, being the values assigned for lactations 1, 2, 3, 4 and 5

Animal	1	2	3	4	5	Situation
100	1	1	0	-1	-1	Discarded in the third lactation
200	1	1	-1	-1	-1	Censored from the third lactation
300	1	1	1	1	1	First five lactations present

Values for longevity: 1 (alive), 0 (discarded), -1 (unknown)

All lactations are consecutive to the first. This means that, for any scored lactation 1, the animal must have had all previous lactations 1. Each lactation was considered a distinct trait, being considered for the analyzes of genetic parameters for longevity as a multi-character characteristic composed by the first five lactations (LONG).

2.4.5. Model for Genetic Analyses

2.4.5.1. Variance component analysis

BLUPF90 package (Misztal et al., 2002) were used for variance components analysis, using the REML methodology (REMLF90 and AIREMLF90) and the Bayesian analysis methodology (THRGIBBS1F90 and POSTGIBBSF90), with Gibbs sampling with a chain of 300,000 samples and discarding of the first 40,000 (burn-in) to obtain parameter predictions. Linear and non-linear models were analyzed for longevity traits in different lactations.

For the analyzes using a non-linear model, the following linear predictor was considered:

$$\eta_{ijk} = \alpha + AC_i + CG_j + A_k$$

Where η_{ijk} is the function for the longevity data (1/0) for the lactation of a specific cow; α is an intercept; AC_i is the age at first calving (a second-order Legendre polynomial for age at first calving); CG_j is the contemporary group effect (jth CG, composed of the year of first calving and initial herd of the cow); A_k is the additive genetic effect of the k th animal.

The longevity was analyzed with a mixed probit model (Gianola and Foulley, 1983). This model describes variation at the level of an underlying random variable z (liability). For a model with a binary categorical variable (LONG), the threshold was set to 0:

$$LONG_{ijk} = \begin{cases} 1 & \text{if } z_{ijk} > 0 \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases}$$

The model for the latent variable was:

$$z_{ijkl} = \eta_{ijk} + e_{ijkl}$$

Where z_{ijkl} is the unobserved liability of the survival of daughter l of animal k, with the age of first calving i in contemporary group j; and e_{ijkl} is the random residual component associated with the observation from daughter l.

The vector of solutions for the additive genetic effect (A_k) has the following (co)variance structure: $N(0, G_0 \otimes A)$ where G_0 is the additive genetic (co)variances and A the numerator relationship matrix; the vector of random residual effect has the following (co)variance structure: $N(0, R_0 \otimes I)$ where R_0 is a diagonal residual (co)variance. Residual variances for the binary traits were set to one. All effects were measured in units of residual standard deviation.

The conditional distribution of y was:

$$\text{LONG}_{ijk} \mid \text{fixed and random effects} \sim \text{Bernoulli}[\Phi(\eta_{ijk})]$$

Where $\Phi(\cdot)$ is the standard normal cumulative distribution function. Given the random effects, all records for longevity were considered independent. The joint distribution of the observed data was the product of Bernoulli distributions.

The multiple-trait (first five lactations) linear mixed model used was:

$$y = Xb + Za + e$$

Where y is the observation for longevity with a vector (1/0) for if the cow is present or not in the first five lactations considered as independent trait, X the incidence matrix that links the observations with the fixed effects (contemporary group and age at first calving), b the fixed effects vector, with: contemporary group effect, composed of year of first calving and initial herd of the cow; and age at first calving, a second-order Legendre polynomial. Z incidence matrix for the animal additive genetic effect, $a = N(0, G_0 \otimes A)$, with genetic covariance matrix (G_0) and kinship matrix (A), and the residual effect vector ($e = N(0, R_0 \otimes I)$), with a residual covariance matrix (R_0).

2.4.5.2. Breeding values

For the prediction of the breeding values for the animal effect through the non-linear model, the program THRGIBBS1F90 was used. Initially, 100,000 samples were considered, saving every 10 samples, and using an initial burn-in of 5000, same parameters used in linear analysis through Gibbs samples for linear model. Genetic values were also performed using the BLUP methodology. For the estimation of breeding values was used the variance components previously generated.

The computing time for the calculation of breeding values through the two methods (no lineal and lineal) were also compared. The solutions for animal effects were estimated for linear and non-linear models, to establish the correlation between all predictions.

Reliabilities were calculated using prediction error variance from the inverse of the mixed model (linear model) and the posterior standard deviation of breeding values (non-linear models).

2.5. RESULTS AND DISCUSSION

2.5.1. Variance Component Analysis

The estimates of additive genetic variance estimated by non-linear and linear model for the first five lactations are highlighted, confirming that there is genetic variability for longevity, allowing genetic improvement for the trait (Table 2, 3 and 4).

Table 2 Additive genetic variance and correlations estimated by nonlinear model (ThrGibbs)

Trait	Additive genetic variance / genetic correlation ¹				
	1	2	3	4	5
1	0.074 (0.005)	0.068 (0.004)	0.063 (0.003)	0.080 (0.004)	0.084 (0.005)
2	0.98 (0.003)	0.065 (0.003)	0.065 (0.003)	0.081 (0.003)	0.087 (0.004)
3	0.84 (0.03)	0.93 (0.01)	0.076 (0.005)	0.091 (0.002)	0.099 (0.005)
4	0.88 (0.02)	0.96 (0.008)	0.99 (0.002)	0.111 (0.005)	0.122 (0.006)
5	0.82 (0.03)	0.92 (0.02)	0.96 (0.04)	0.98 (0.02)	0.140 (0.002)

¹Diagonal: additive genetic variance; upper triangle: additive genetic covariance; lower triangle: genetic correlation between the first 5 lactations / (.) Standard error

Table 3 Additive genetic variance and correlations estimated by linear model (Gibbs sampling)

Trait	Additive genetic variance / genetic correlations ¹				
	1	2	3	4	5
1	0.004 (0.0003)	0.0040 (0.0003)	0.004 (0.0003)	0.005 (0.0003)	0.006 (0.0003)
2	0.97 (0.006)	0.004 (0.0003)	0.005 (0.0003)	0.006 (0.0003)	0.007 (0.0004)
3	0.83 (0.03)	0.93 (0.01)	0.007 (0.0004)	0.008 (0.0005)	0.0100 (0.0007)
4	0.85 (0.02)	0.94 (0.009)	0.99 (0.006)	0.010 (0.0006)	0.013 (0.002)
5	0.78 (0.02)	0.89 (0.02)	0.94 (0.03)	0.97 (0.01)	0.017 (0.001)

¹Diagonal: additive genetic variance; upper triangle: additive genetic covariance; lower triangle: genetic correlation between the first 5 lactations / (.) Standard error

Table 4 Additive genetic variance and correlations estimated by linear model (REML)

Trait	Additive genetic variance / genetic correlations ¹				
	1	2	3	4	5
1	0.004 (0.0002)	0.004 (0.0001)	0.004 (0.0001)	0.005 (0.0002)	0.006 (0.0003)
2	0.92 (0.005)	0.004 (0.0001)	0.005 (0.0001)	0.006 (0.0002)	0.007 (0.0003)
3	0.85 (0.01)	0.94 (0.008)	0.007 (0.0002)	0.008 (0.0003)	0.010 (0.0004)
4	0.85 (0.01)	0.92 (0.01)	0.99 (0.002)	0.010 (0.0003)	0.012 (0.0005)
5	0.80 (0.02)	0.89 (0.01)	0.96 (0.007)	0.96 (0.006)	0.016 (0.0003)

¹Diagonal: additive genetic variance; upper triangle: additive genetic covariance; lower triangle: genetic correlation between the first 5 lactations / (.) Standard error

The values presented for additive genetic variance for the five lactations analyzed, were higher when using a non-linear model, ranging from 0.065 to 0.140. The linear model analysis using both methods (Bayesian and REML) presented similar values (0.004 to 0.017).

In all models tested, the genetic additive variance increases as the number of lactations increases. The similarity of the values estimated by the two methods of analysis of the linear model (Bayesian and REML) demonstrates that the differentiation of results between the models is given by the different statistical methods and not using different methods of analysis.

The estimation of the additive genetic variance is similar to those found in the literature. Sewalem et al. (2007), studying Canadian Holstein cows through a linear multi-trait model with categorical data for the first three lactations, the first lactation being divided into three parts, showed a genetic variance between 0.008 and 0.11, increasing with time in production. The methodologies present similar values for heritability and high genetic correlation values between the lactations. Holtmark et al. (2009) comparing different models for longevity in Norwegian Red bulls, using a sire model, showed values of 0.001, 0.001, and 0.009 for linear repeatability model, a

threshold repeatability model, and for survival in first lactation from a linear cross-sectional model, respectively.

Ducrocq (2005), analyzing the genetic trend of Holstein cows in France, through Weibull hazard functions, considering longevity as the number of days between last calving, showed genetic variance of 0.03468, higher than the values of the present study. This can be explained by the difference in the definition of the characteristic and the statistical model used. Boettcher et al. (1999) analyzing Canadian Holstein cows, showed similar values using a survival model, with genetic variance for sire effect of 0.0327.

The high correlation between traits will allow us to predict longevity at later ages from the analysis carried out using the first lactations (Tables 2, 3, and 4).

The correlations obtained in the present study were similar to the previous studies for dairy cattle from other countries (Germany and Canada); Heise et al. (2016) and Sewalem et al. (2007), which analyzed longevity as a multi-trait linear model, reported values ranging from 0.67 to 0.79 and 0.73 to 0.97, respectively.

2.5.2. Heritability

Heritability estimates obtained by all models ranged from 0.02 to 0.12 (Table 5). Longevity is a trait that has low heritability, being a trait that suffers a strong environmental influence.

Where higher values are highlighted for the non-linear model (0.06 to 0.12) than for the linear model (0.02 to 0.06).

Table 5 Heritability for the first five lactations performed through different statistical models

Lact/Model	No linear	Linear (Bayesian)	Linear (REML)
1	0.07 (0.004)	0.02 (0.002)	0.02 (0.001)
2	0.06 (0.004)	0.02 (0.002)	0.02 (0.001)
3	0.07 (0.002)	0.03 (0.002)	0.03 (0.001)
4	0.10 (0.004)	0.05 (0.003)	0.04 (0.002)
5	0.12 (0.006)	0.07 (0.007)	0.06 (0.003)

(.) Standard error

The estimated values for heritability by the different ways of defining the trait and different models showed values between 0.03 and 0.22 (Boettcher et al., 1999; Heise, 2017; Miglior et al., 2005; Van Pelt et al., 2015; Sewalem et al., 2005).

The heritability value varies according to the statistical model used. Sewalem et al. (2005) through Weibull, proportional hazard analysis for Canadian Holstein cows found heritability values at 0.14. Heise (2017), studying German dairy cows through a linear multi-trait model, presented values of 0.17 for cows in the third lactation. Tsuruta et al., (2005) published heritability estimates of 0.08 in American Holsteins with a linear animal model. Van Pelt et al. (2015) implemented a linear random regression model that allows, for assessing the productive life of the cow through time; the heritability values ranged from 0.02 to 0.14. In general, the heritability's values reported oscillate between 0.01 and 0.20 for linear models. For non-linear models, the values are around 0.12 to 0.22 (Ducrocq, 2005), in agreement with those found in the present study.

Linear models (multi-trait and random regression) results in lower heritability estimates than nonlinear and survival analysis models (Imbayarwo-Chikosi et al., 2015). However, linear methodologies can deal with multi-trait models, a large number of effects, and animal genetic effects and allow for future inclusion of genomic analyses for longevity.

Heritability increased according to the lactation analyzed, showing that the survival of the cow at a greater number of lactations depends increasingly more on the genetic

components. The different methodologies used with a linear model (Gibbs sampling and REML) present similar value for heritability and high values of genetic correlation between lactations.

2.5.3. Correlations of the Breeding Values

The correlation between the breeding values obtained through the linear model and the non-linear model for the first five lactations was greater than 0.98, which will not cause a re-ranking of animals from the alternative genetic evaluation models. The accuracy values obtained through a non-linear model showed higher values than those obtained by the linear model. However, the correlation of the reliabilities between linear and non-linear models was greater than 0.99 (fig. 4). No differences were found between the use of statistical analysis by direct analysis (BLUP) and analysis by Gibbs sampling (Bayesian). Figure 4 shows the graphs and correlation values between the different models for the first five lactations and the distributions of the genetic values obtained with the respective models.

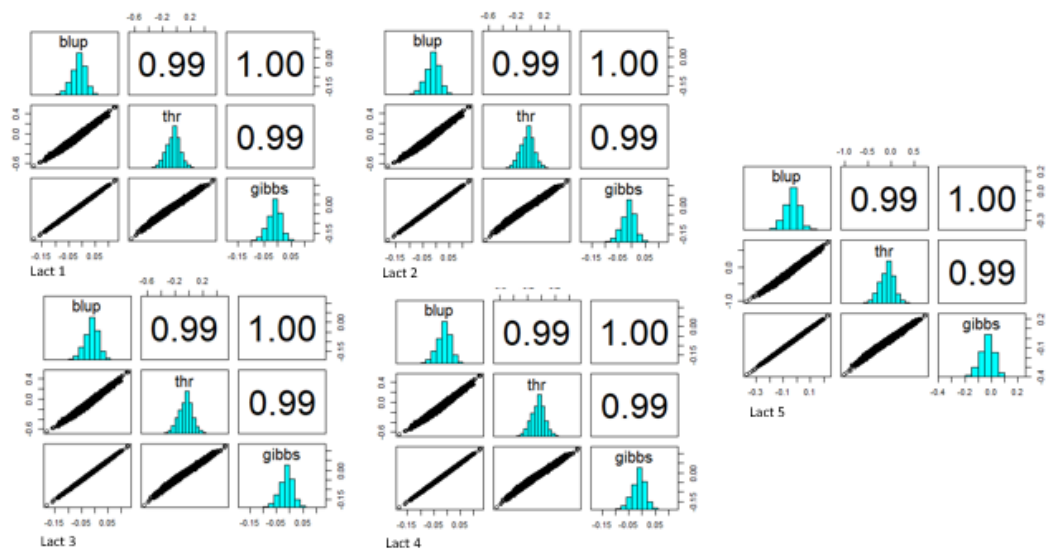


Figure 4 Correlation between genetic values estimated from the nonlinear model and linear models for the first five lactations.

Meuwissen et al. (2002), working with simulated data for Weibull model, linear and a binary model for a certain period, also compared breeding values having a high correlation, with a difference of less than 3 %. The use of binary values for linear models, although theoretically inappropriate, does not cause a difference in rankings compared to a non-linear model (Meijering and Gianola, 1985). Yazdi et al. (2002) found a relatively good agreement between selection responses in the Weibull model and binary data analysis with a linear model.

Forabosco et al. (2006) y Vollema y Groen (1998), when comparing a linear model with survival analysis, they also found a high correlation (greater than 90%). Veerkamp et al. (2001), comparing the breeding values obtained by random regression and survival analysis, a correlation was also greater than 98%, with a slight superiority in the reliability of the nonlinear model. This result is explained by the use of the linear model as an approximation of the survival model.

2.5.4. Computing Time

One of the factors that different the use of a linear model and a non-linear model is the complexity of the non-linear analysis for large amounts of data, effects, and traits causing a higher computational cost than a linear model.

When comparing the times obtained for the analysis of genetic values, we have: time required for non-linear analysis with Bayesian methodology of five days and two hours; linear model through Bayesian methodology of three days and twenty hours; and for a linear model by the BLUP methodology, the time elapsed for the analysis was forty minutes.

The observed values demonstrate a greater speed in the statistical analysis through a linear model and BLUP analysis methodology. The lack of statistical programs that perform prediction of genetic values for non-linear multiple traits models (only using Gibbs sampling programs) in a more agile way also favors the use of the linear model.

Boettcher et al. (1999), in the comparison of linear and nonlinear models for genetic evaluation, they found a five-fold increase in the computational time required. If the use of an animal model is desired, with greater complexity and effects, survival models are "computationally impossible" for routine large-scale genetic evaluations (Ducrocq, 2005).

To include a trait into the national genetic evaluation system, it is important to consider the ease of insertion and analysis. Such an assessment deals with a lot of data and trait that must be analyzed and that provide information to producers in the most practical way possible.

2.5.5. Conclusions

Through the results obtained for genetic components (variance and heritability), it is concluded that it is possible to implement longevity in the Uruguayan genetic evaluation system for Holstein cows. An alternative to insert the trait of the genetic evaluations would be to analyze it through categorical data considering the permanence of the cow in the first three lactations. Considering the computational cost and the greater complexity of performing a non-linear model and the correlation between the different models, the linear model becomes a more viable method to be used.

2.6. REFERENCES

- Boettcher, P. J., L. K. Jairath, and J. C. M. Dekkers. 1999. Comparison of Methods for Genetic Evaluation of Sires for Survival of Their Daughters in the First Three Lactations. *J. Dairy Sci.* 82:1034–1044.
doi:10.3168/jds.S0022-0302(99)75324-5.

- Ducrocq, V. 2005. An improved model for the French genetic evaluation of dairy bulls on length of productive life of their daughters. *Anim. Sci.* 80:249–256. doi:10.1079/ASC41720249.
- Ducrocq, V., R. L. Quaas, and E. J. Pollak. 1988. Length of Productive Life of Dairy Cows. *J. Dairy Sci.* 08:3071–3079. doi:10.3168/jds.S0022-0302(88)79907-5.
- Essl, A., and K. Voith. 2002. Genomic imprinting effects on dairy- and fitness-related traits in cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 119:182–189. doi:10.1046/j.1439-0388.2002.00334.x.
- Forabosco, F., R. Bozzi, F. Filippini, P. Boettcher, J. A. M. Van Arendonk, and P. Bijma. 2006. Linear model vs. survival analysis for genetic evaluation of sires for longevity in Chianina beef cattle. *Livest. Sci.* 101:191–198. doi:10.1016/j.livprodsci.2005.11.010.
- Gabler, M. T., P. R. Tozer, and A. J. Heinrichs. 2000. Development of a Cost Analysis Spreadsheet for Calculating the Costs to Raise a Replacement Dairy Heifer. *J. Dairy Sci.* 83:1104–1109. doi:10.3168/jds.s0022-0302(00)74975-7.
- Gianola, D., and J. L. Foulley. 1983. Sire evaluation for ordered. *Genet. Sel. Evol.* 15:201–224.
- Heise, J. 2017. Genetic evaluation of longevity in dairy cattle A new model for an old trait. Georg-August-Universität Göttingen.
- Heise, J., Z. Liu, K. F. Stock, S. Rensing, F. Reinhardt, and H. Simianer. 2016. The genetic structure of longevity in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 99:1253–1265. doi:10.3168/jds.2015-10163.
- Henderson, C. R. 1973. Sire evaluation and genetic trends. *J. Anim. Sci.* 10–41.
- Holtsmark, M., B. Heringstad, and J. Ødegård. 2009. Predictive abilities of different statistical models for analysis of survival data in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 92:5730–5738. doi:10.3168/jds.2009-2132.

- Hudson, G. F. S., and L. D. Van Vleck. 1981. Relationship Between Production and Stayability in Holstein Cattle. *J. Dairy Sci.* 26:2246–2250. doi:10.3168/jds.S0022-0302(81)82836-6.
- Imbayarwo-Chikosi, V. E., K. Dzama, T. E. Halimani, J. B. Van Wyk, A. Maiwashe, and C. B. Banga. 2015. Genetic prediction models and heritability estimates for functional longevity in dairy cattle. *South African J. Anim. Sci.* 45:105–121. doi:10.4314/sajas.v45i2.1.
- Meijering, A., and D. Gianola. 1985. Linear versus nonlinear methods of sire evaluation for categorical traits : a simulation study. *Genet. Sel. Evol.* 17:115–132.
- Meuwissen, T. H. E., R. F. Veerkamp, B. Engel, and S. Brotherstone. 2002. Single and multitrait estimates of breeding values for survival using sire and animal models. *Anim. Sci.* 75:15–24. doi:10.1017/S1357729800052784.
- Miglior, F., B. L. Muir, and B. J. Van Doormaal. 2005. Selection indices in Holstein cattle of various countries. *J. Dairy Sci.* 88:1255–1263. doi:10.3168/jds.S0022-0302(05)72792-2.
- Misztal I, Tsuruta S, Strabel T, Auvray B, Druet T, Lee D. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). En: *World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (7th, 2002, Montpellier, France)*. Software, information technology and bioinformatics. 2001 p.
- Mrode, R.A. 2014. *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*. 3 Rev ed. Cabi Publishing, Boston, MA.
- Van Pelt, M. L., T. H. E. Meuwissen, G. de Jong, and R. F. Veerkamp. 2015. Genetic analysis of longevity in Dutch dairy cattle using random regression. *J. Dairy Sci.* 98:4117–4130. doi:10.3168/jds.2014-9090.
- Ritchie, B. Y. H., and T. Field. 1995. The search for the optimum cow. *Angus Journal.* 143–145.
- Sewalem, A., G. J. Kistemaker, V. Ducrocq, and B. J. Van Doormaal. 2005. Genetic analysis of herd life in Canadian dairy cattle on a lactation basis

- using a weibull proportional hazards model. *J. Dairy Sci.* 88:368–375. doi:10.3168/jds.S0022-0302(05)72696-5.
- Sewalem, A., F. Miglior, G. J. Kistemaker, P. Sullivan, G. Huapaya, and B. J. Van Doormaal. 2007. Short Communication: Modification of Genetic Evaluation of Herd Life from a Three-Trait to a Five-Trait Model in Canadian Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 90:2025–2028. doi:10.3168/jds.2006-719.
- Toit, J. 2011. A genetic evaluation of productive herd life in dairy cattle Jacobus du Toit Philosophiae Doctor.
- Tsuruta, S., I. Misztal, and T. J. Lawlor. 2005. Changing Definition of Productive Life in US Holsteins: Effect on Genetic Correlations. *J. Dairy Sci.* 88:1156–1165. doi:10.3168/jds.s0022-0302(05)72782-x.
- VanRaden, P. M., C. M. B. Dematawewa, R. E. Pearson, and M. E. Tooker. 2006. Productive Life Including All Lactations and Longer Lactations with Diminishing Credits. *J. Dairy Sci.* 89:3213–3220. doi:10.3168/jds.s0022-0302(06)72596-6.
- Veerkamp, R. F., S. Brotherstone, B. Engel, and T. H. E. Meuwissen. 2001. Analysis of censored survival data using random regression models. *Anim. Sci.* 72:1–10. doi:10.1017/S1357729800055491.
- Vollema, A. R., and A. F. Groen. 1998. Genetic Parameters of Longevity Traits of an Upgrading Population of Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 79:2261–2267. doi:10.3168/jds.S0022-0302(96)76603-1.
- Yazdi, M. H., P. M. Visscher, V. Ducrocq, and R. Thompson. 2002. Heritability, reliability of genetic evaluations and response to selection in proportional hazard models. *J. Dairy Sci.* 85:1563–1577. doi:10.3168/jds.S0022-0302(02)74226-4.

3. RESULTADOS COMPLEMENTARIOS Y DISCUSIÓN

Este capítulo presenta una discusión general de la tesis y resultados que no fueron incluidos en el artículo.

3.1. DESCARTE

En las causas de descarte se destaca el elevado número de datos marcados como desconocidos y las “bajas automáticas” (cuando el sistema detecta que ha dejado de recibir información sobre un animal durante un tiempo prolongado) (figura 3, en capítulo 2).

La posibilidad de utilizar causas de descarte para la longevidad fue refutada debido a la inconsistencia de los datos. La distribución de las causas de descartes conocidas está presentada en la figura 3, dónde el porcentaje de animales con causas de descartes conocidos son de 11 %. El uso de un sistema con causas de descarte preestablecidas como utilizado en distintos países podría ser una opción para reducir el desfase de esta información.

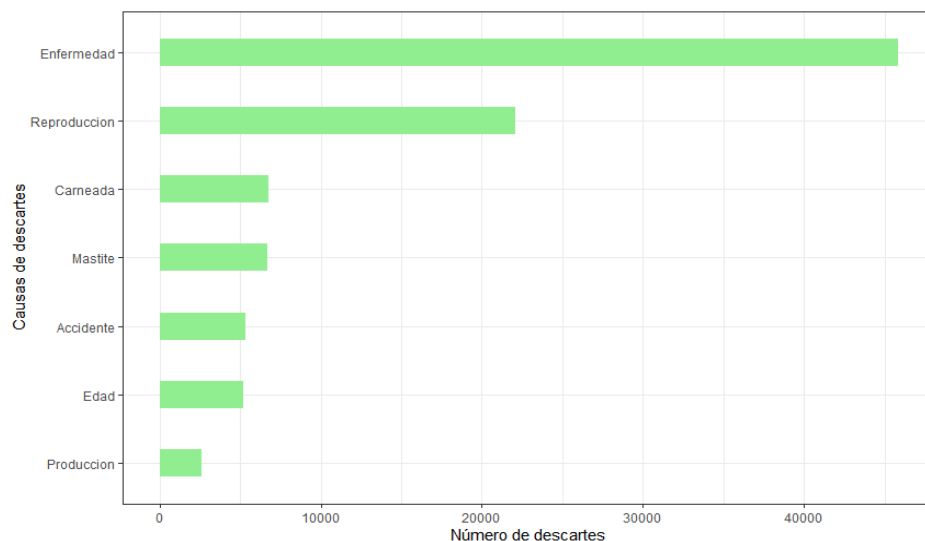


Figura 3 Distribución de causas de sacrificio conocido de vacas

Heise et al. (2016) analizaron la causa del sacrificio de vacas Holando alemanas, utilizando un sistema de posibles causas predefinidas. Los principales motivos de descarte fueron reproducción (20,4 %), enfermedad de la ubre (14,7 %) y trastornos motores (12,2 %).

Hadley et al. (2006), que analizaron los patrones de descarte para diferentes regiones de los EE. UU., encontraron que la primera y la segunda razón más comunes para el sacrificio fueron la reproducción y las lesiones, respectivamente.

Otros autores como Ansari-Lari et al. (2012), Bascom y Young (1998) encontraron valores similares. En sus investigaciones, los problemas reproductivos fueron la principal causa de los descartes. Así como los diferentes autores, las enfermedades y la reproducción son las principales causas conocidas de descarte.

Con relación al comportamiento de descarte de las hembras, se pudo verificar que no a diferencia de lo presentado por otros autores, no se encontrara puntos críticos a lo largo de las lactancias, sino entre estas (figura 3, presentada en el capítulo 2).

Rilanto et al. (2020), estudiando vacas lecheras, encontró un mayor porcentaje de descarte en los primeros 100 días de lactación, variando del 50,7 al 46,5 % según la edad de la vaca. Hadley et al. (2006) demostraron que las tasas de eliminación por mes eran bimodales y que ocurren con mayor frecuencia al principio o al final de la lactancia. De Vries et al. (2010), también para vacas Holando, encontraron bajos riesgos de sacrificio para las primeras lactancias, que aumentan gradualmente.

Otro punto destacado por Ducrocq et al. (1988), De Vries et al. (2010) fue la diferencia en la probabilidad de descarte de las vacas primíparas con relación a las vacas multíparas: se encontró una mayor probabilidad de descarte al inicio de la lactancia para animales jóvenes y después de los 300 días del parto para multíparas.

La primera lactancia presentó la mayor probabilidad de descarte, con valores de 23,69 % de las vacas. El número de datos faltantes encontrados en cada lactancia fue muy similar. La tasa de descarte de las lactancias posteriores fue disminuyendo. Estos son

valores similares a los encontrados por Hare et al. (2006), De Vries et al. (2010), quienes analizaron vacas lecheras y mostraron tasas de descarte de 27 % y 37 % en primera lactancia, respectivamente. De Vries et al. (2010), al analizar la causa del descarte en vacas Holando encontró una tasa de descarte anual del 32 %.

Los resultados están de acuerdo con los encontrados a través del análisis de Kaplan Meier (figura 4), que determina la probabilidad de supervivencia en un intervalo predefinido, destacando sus puntos críticos y así modelando a probabilidades de supervivencia al largo del tiempo.

El modelo de Kaplan-Meier se basa en estimar las probabilidades condicionales en cada momento en que ocurre un evento y tomar el límite del producto de estas probabilidades para estimar la tasa de supervivencia. La figura 4 muestra que no hubo momento crítico.

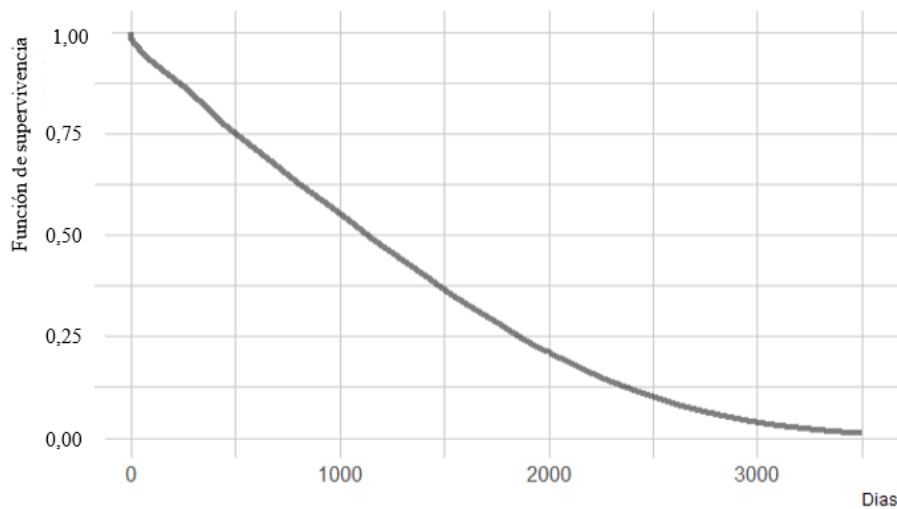


Figura 4 Análisis Kaplan-Meier para días después del primer parto.

Cuando consideramos la lactancia como una unidad de tiempo y registramos la probabilidad de supervivencia entre ellas, tenemos un valor similar al encontrado anteriormente. La probabilidad de que el animal sobreviva a la primera lactancia es mayor al 75 %, y la diferencia entre lactancias disminuye a medida que transcurre el tiempo (figura 4).

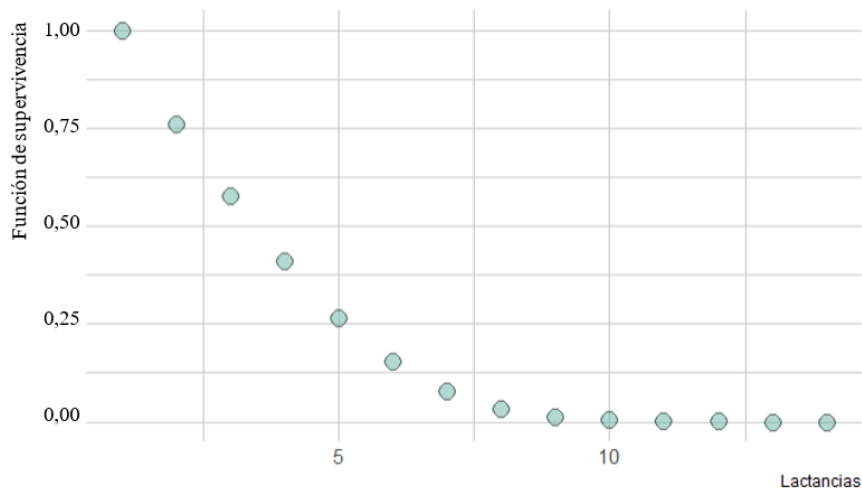


Figura 5 Análisis de Kaplan Meier usando lactancias como unidad de tiempo.

3.2. TENDENCIA GENÉTICA

A través de los resultados obtenidos para los valores genéticos utilizando un modelo lineal para las primeras cinco lactancias, se estimó la tendencia genética de la longevidad (figura 5).

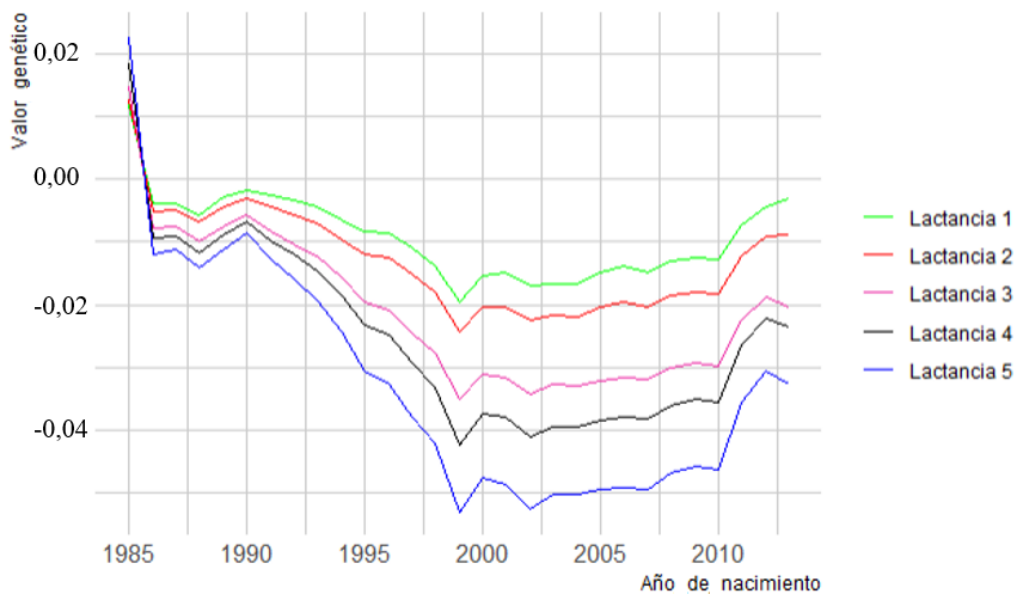


Figura 5 Tendencia genética para longevidad en las cinco primeras lactancias

El resultado muestra una disminución de la longevidad a partir de 1990, con sus valores más bajos en 1998 y 1999 y un gran aumento a partir de 2010.

Los resultados reflejan que inicialmente hubo mayor longevidad. Cuando se intensificaron el mejoramiento genético y la selección, aumentó la intensidad de la selección y disminuyeron los años de vacas en producción, es decir, hubo un mayor descarte voluntario. Con la intensificación de la selección para longevidad en otras partes del mundo se inició una creciente también en Uruguay, debido a importación de toros del exterior.

3.3. DISCUSIÓN GENERAL

Los resultados para los componentes de la varianza, en ambos modelos utilizados (lineal y no lineal), mostraron varianza genética para el rasgo de longevidad. Tales resultados permitieron obtener la heredabilidad para longevidad.

Los valores obtenidos para la heredabilidad van de 0,07 a 0,12 para modelos no lineales y de 0,02 a 0,07 para modelos lineales. A pesar de ser un rasgo con alta influencia ambiental, la existencia de heredabilidad permite la realización de mejoras genéticas para la longevidad. Diferentes autores encontraron valores similares que van del 3 al 22 % (Heise 2017, Miglior et al. 2005, Van Pelt et al. 2015, Sewalem et al. 2005).

Imbayarwo-Chikosi et al. (2015) estudiando las distintas formas de medición mundialmente usadas para longevidad encontró valores de 0,01 a 0,06 para modelos lineales, 0,04 a 0,22 para modelos de supervivencia utilizando la función Weibull y 0,04 a 0,30 cuando utilizado un modelo no lineal.

Al comparar los diferentes resultados, se pueden destacar valores más altos de heredabilidad para el modelo no lineal. Tal superioridad se puede explicar por el hecho de que es un modelo más adecuado para valores binarios, mientras que los análisis que utilizan un modelo lineal son teóricamente inapropiados.

Se compararon los valores genéticos obtenidos mediante modelos no lineales y lineales, refutando la posibilidad de un cambio de ranking y perjuicio de la selección genética.

El análisis de datos categóricos con modelos mixtos no lineales tiene una ventaja teórica sobre los modelos lineales (Matos et al., 1997). Sin embargo, la comparación entre los valores genéticos obtenidos entre los diferentes modelos no mostró diferencias significativas. Las correlaciones entre ambos los modelos fueran superiores a 0,98 para todas las lactancias observadas.

4. CONCLUSIONES

La existencia de valores para parámetros genéticos para longevidad demuestra que es posible realizar e implementar una evaluación genética para el rasgo de longevidad en el programa de mejoramiento genético de las vacas Holando en Uruguay.

La comparación entre los valores genéticos obtenidos entre modelos lineales y no lineales demuestra que no existe diferencia práctica en el uso de los distintos métodos. Considerando la complejidad del análisis por modelo no lineal y su tiempo de cómputo, la inserción del modelo de análisis lineal multicaracter considerando las primeras tres lactancias se vuelve más viable.

5. BIBLIOGRAFÍA

- Allaire FR, Gibson JP. 1992. Genetic Value of Herd Life Adjusted for Milk Production. *Journal of Dairy Science*, 75:1349–56. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(92)77886-2
- Ansari-Lari M, Mohebbi-Fani M, Rowshan-Ghasrodashti A. 2012. Causes of Culling in Dairy Cows and Its Relation to Age at Culling and Interval from Calving in Shiraz, Southern Iran. *Veterinary Research Forum : An International Quarterly Journal* 3(4):233–37.
- Bascom SS, Young AJ. 1998. A Summary of the Reasons Why Farmers Cull Cows. *Journal of Dairy Science* 81(8):2299–2305. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(98)75810-2
- Ducrocq V. 2005. An Improved Model for the French Genetic Evaluation of Dairy Bulls on Length of Productive Life of Their Daughters. *Animal Science* 80(3):249–56. doi:10.1079/ASC41720249
- Ducrocq V. 1999. Two years of experience with the French genetic evaluation of dairy bulls on production-adjusted longevity of their daughters. *Interbull Bulletin*, 60 -72.
- Ducrocq V, Quaas RL, Pollak EJ. 1988. Length of Productive Life of Dairy Cows. *Journal Dairy Science* 08(9):3071–79. doi:10.3168/jds.S0022-0302(88)79907-5.
- FAO (The Food and Agriculture Organization). 2019. Milk and Milk Products : Price and Trade Update.
- Flynn R. 2012. Survival Analysis. *Journal of Clinical Nursing* 21(19–20):2789–97. doi: 10.1111/j.1365-2702.2011.04023.x.
- Gabler MT, Tozer PR, Heinrichs AJ. 2000. Development of a Cost Analysis Spreadsheet for Calculating the Costs to Raise a Replacement Dairy Heifer. *Journal of Dairy Science*, 83(5):1104–9. doi: 10.3168/jds.s0022-0302(00)74975-7.
- Gianola D. 1982. Theory and Analysis of Threshold Characters. *Journal of Animal Science*, 54(5), 1079–1096. doi:10.2527/jas1982.5451079x
- Hadley GL, Wolf CA, Harsh SB. 2006. Dairy Cattle Culling Patterns, Explanations,

- and Implications. *Journal of Dairy Science*, 89(6):2286–96. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72300-1.
- Hare E, Norman HD, Wright JR. 2006. Survival Rates and Productive Herd Life of Dairy Cattle in the United States. *Journal of Dairy Science*, 89(9):3713–20. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72412-2.
- Harville, DA, Mee RW. 1984. A Mixed-Model Procedure for Analyzing Ordered Categorical Data. *Biometrics*, 40(2), 393. doi:10.2307/2531393
- Heinrichs AJ. 1993. Raising Dairy Replacements to Meet the Needs of the 21st Century. *Journal of Dairy Science* 76(10):3179–87. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(93)77656-0.
- Heise J. 2017. Genetic Evaluation of Longevity in Dairy Cattle A New Model for an Old Trait. Disertación doctorado. Göttingen, Alemania. Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Georg-August.
- Heise J, Liu Z, Stock KF, Rensing S, Reinhardt F, Simianer H. 2016. The Genetic Structure of Longevity in Dairy Cows. *Journal of Dairy Science* 99(2):1253–65. doi: 10.3168/jds.2015-10163.
- Hoffman PC, Funk DA. 1992. Applied Dynamics of Dairy Replacement Growth and Management. *Journal of Dairy Science*, 75(9):2504–16. doi: 10.3168/jds.s0022-0302(92)78012-6.
- Hudson GFS, Van Vleck LD. 1981. Relationship Between Production and Stayability in Holstein Cattle. *Journal of Dairy Science*, 26:2246–50. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(81)82836-6.
- Imbayarwo-Chikosi VE, Dzama K, Halimani TE, Van Wyk JB, Maiwashe A, Banga CB. 2015. Genetic Prediction Models and Heritability Estimates for Functional Longevity in Dairy Cattle. *South African Journal of Animal Sciences*, 45(2):105–21. doi: 10.4314/sajas.v45i2.1.
- Jamrozik J, Fatehi J, Schaeffer LR. 2008. Comparison of Models for Genetic Evaluation of Survival Traits in Dairy Cattle: A Simulation Study. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 125(2):75–83. doi: 10.1111/j.1439-0388.2007.00712.x.

- Klein JP, Moeschberger ML. 2003. Survival Analysis: Techniques for Censored and Truncated Data. *Journal of the American Statistical Association* 99(467):900–901. doi: 10.1198/jasa.2004.s348.
- Madgwick PA, Goddard ME. 1989. Genetic and Phenotypic Parameters of Longevity in Australian Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*, 72(10):2624–32. doi: 10.3168/jds.s0022-0302(89)79403-0.
- Matos CAP, Thomas DL, Gianola D, Tempelman RJ, Young LD. 1997. Genetic Analysis of Discrete Reproductive Traits in Sheep Using Linear and Nonlinear Models : I . Estimation of Genetic Parameters. *Journal of Animal Science*, 75:76–87. doi: 10.2527/1997.75176x.
- Miglior FBL, Muir BL, Van Doormaal BJ. 2005. Selection Indices in Holstein Cattle of Various Countries. *Journal of Dairy Science* 88(3):1255–63.
- Misztal I, Tsuruta S, Strabel T, Auvray B, Druet T, Lee D. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). En: *World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (7th, 2002, Montpellier, France)*. 2002. Software, information technology and bioinformatics. 2001 p.
- Mrode RA. 2014. Survival Analysis. En: Mrode RA, Thompson R. *Linear Models For The Prediction Of Animal Breeding Values*. Boston: CABI. (3^{ed} ed.) 250-250.
- Van Pelt ML, Meuwissen THE, Jong G, Veerkamp RF. 2015. Genetic Analysis of Longevity in Dutch Dairy Cattle Using Random Regression. *Journal of Dairy Science*, 98(6):4117–30. doi: 10.3168/jds.2014-9090.
- Rilanto T, Reimus K, Orro T, Emanuelson U, Viltrop A, Mõtus K. 2020. Culling Reasons and Risk Factors in Estonian Dairy Cows. *BMC Veterinary Research*, 16(1):1–16. doi: 10.1186/s12917-020-02384-6.
- Schaeffer LR. 2016. Survival. En: Schaeffer LR. (Eds.). *Random Regression Models*. Guelph: University of Guelph. 95-101.
- Sewalem A, Miglior F, Kistemaker GJ, Sullivan P, Huapaya G, Van Doormaal BG. 2007. Short Communication: Modification of Genetic Evaluation of Herd Life

- from a Three-Trait to a Five-Trait Model in Canadian Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*, 90(4):2025–28. doi: 10.3168/jds.2006-719.
- Sewalem A, Kistemaker GJ, Ducrocq V, Van Doormaal BJ. 2005. Genetic Analysis of Herd Life in Canadian Dairy Cattle on a Lactation Basis Using a Weibull Proportional Hazards Model. *Journal of Dairy Science*, 88(1):368–75. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(05)72696-5.
- Toit J. 2011. A Genetic Evaluation of Productive Herd Life in Dairy Cattle Jacobus Du Toit Philosophiae Doctor. Tesis Doctorado. Bloemfontein, Sudáfrica. Facultad de Ciencias Naturales y Agrícolas. 106 p.
- Tsuruta S, Misztal I, Lawlor TJ. 2005. Changing Definition of Productive Life in US Holsteins: Effect on Genetic Correlations. *Journal of Dairy Science*, 88(3):1156–65. doi: 10.3168/jds.s0022-0302(05)72782-x.
- VanRaden PM, Dematawewa CMB, Pearson RE, Tooker ME. 2006. Productive Life Including All Lactations and Longer Lactations with Diminishing Credits. *Journal of Dairy Science*, 89(8):3213–20. doi: 10.3168/jds.s0022-0302(06)72596-6.
- VanRaden PM, Klaaskate EJH. 1993. Genetic Evaluation of Length of Productive Life Including Predicted Longevity of Live Cows. *Journal of Animal Science*, 76:2758–64. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(93)77613-4.
- Vilela D. 2001. A Importância Econômica , Social e Nutricional Do Leite . *Revista Batavo*, 111(1975).
- De Vries M, Bokkers EAM, Dijkstra T, Van Schaik G, de Boer IJM. 2011. Invited Review: Associations between Variables of Routine Herd Data and Dairy Cattle Welfare Indicators. *Journal of Dairy Science*, 94(7):3213–28. doi: 10.3168/jds.2011-4169.
- De Vries A, Olson JD, Pinedo PJ. 2010. Reproductive Risk Factors for Culling and Productive Life in Large Dairy Herds in the Eastern United States between 2001 and 2006. *Journal of Dairy Science*, 93(2):613–23. doi: 10.3168/jds.2009-2573.
- Weigel KA, Palmer RW, Caraviello DZ. 2003. Investigation of Factors Affecting

- Voluntary and Involuntary Culling in Expanding Dairy Herds in Wisconsin Using Survival Analysis. *Journal of Dairy Science*, 86(4):1482–86. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(03)73733-3.
- Weigel KA, Lawlor TJ, Vanraden PM, Wiggans GR. 1998. Use of Linear Type and Production Data to Supplement Early Predicted Transmitting Abilities for Productive Life. *Journal of Dairy Science*, 81(7):2040–44. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(98)75778-9.
- Wolfová M, Wolf J, Kvapilík J, Kica J. 2007. Selection for Profit in Cattle: I. Economic Weights for Purebred Dairy Cattle in the Czech Republic. *Journal of Dairy Science*, 90(5):2442–55. doi: 10.3168/jds.2006-614.
- Yazdi MH, Visscher PM, Ducrocq V, Thompson R. 2002. Heritability, Reliability of Genetic Evaluations and Response to Selection in Proportional Hazard Models. *Journal of Dairy Science*, 85(6):1563–77. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(02)74226-4.