

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE  
LEITE E PERSISTÊNCIA DE LACTAÇÕES MÚLTIPLAS  
NA RAÇA GIR**

**Luis Gabriel González Herrera**

Médico Veterinário e Zootecnista

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E  
VETERINÁRIAS  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE  
LEITE E PERSISTÊNCIA DE LACTAÇÕES MÚLTIPLAS  
NA RAÇA GIR**

**Luis Gabriel González Herrera**

Orientadora: **Profa. Dra. Lucia Galvão de Albuquerque**

Co-orientadora: **Dra. Lenira El Faro Zadra**

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento Animal

Gonzalez Herrera, Luis Gabriel  
G643e Parâmetros genéticos para produção de leite e persistência de lactações múltiplas na raça Gir. / Luis Gabriel Gonzalez Herrera. -- Jaboticabal, 2013  
vi, 86 f. ; il. ; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2013

Orientadora: Lucia Galvão de Albuquerque

Banca examinadora: Arione Augusti Boligón, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, Humberto Tonhati, Danisio Prado Munari

Bibliografia

1. Correlação de posição. 2. Curva de lactação. 3. Funções de covariância I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.2:636.082

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

**LUIS GABRIEL GONZÁLEZ HERRERA** – filho de NESTOR GONZÁLEZ GIRALDO e de AMPARO HERRERA MARÍN. Nasceu na cidade de Manizales (Caldas-Colômbia), em 27 de abril de 1978. Em fevereiro de 1997, iniciou o curso de Medicina Veterinária e Zootecnia na Universidad de Caldas, obtendo o título de Médico Veterinário e Zootecnista em junho de 2004. Em agosto de 2004 iniciou o curso de mestrado em Genética e Melhoramento Animal pela Universidade Estadual Paulista, em Jaboticabal, obtendo o grau de mestre em maio de 2006, sob orientação da Prof. Dra. Lucia Galvão de Albuquerque. Foi professor da Universidad de la Amazonia em Florencia (Caquetá – Colômbia), durante os anos de 2007 e 2008 ministrando as disciplinas de Genética Animal, Melhoramento Animal e Produção Bovinos de Leite. Em novembro de 2008, realizou o curso de especialização de Mejora Genética Animal pelo INIA (Madri-Espanha). No ano de 2009 iniciou o curso de doutorado em Genética e Melhoramento Animal, pela Universidade Estadual Paulista, em Jaboticabal, obtendo o grau de doutor em janeiro de 2013, sob orientação da Prof. Dra. Lucia Galvão de Albuquerque. Atualmente é professor da Universidad Tecnológica de Pereira, onde é responsável pelas disciplinas de Genética e Melhoramento Animal, Delineamento Experimental e Estatística Analítica, Pesquisa I, Pesquisa II e Projeto de Graduação, e da Universidad Corporación Universitaria Santa Rosa de Cabal onde é professor catedrático, responsável pela disciplina de Melhoramento Animal.

*Aos meus pais, Nestor e Amparo (in memoriam), pelo incentivo, amor e dedicação na minha formação e pelo apoio em todas as decisões que eu tenho tomado.*

*Às minhas irmãs, Claudia Marcela e Luz Amparo, pelo amor, carinho e incentivo.*

*Aos meus irmãos, Juan Carlos, Nestor Jaime e Andrés Fernando, pelo apoio e valiosos conselhos.*

*À minha namorada, Diana, pelo amor, carinho, compreensão e apoio incondicional ao longo desta trajetória.*

Dedico e ofereço

## AGRADECIMENTOS

*A Deus, porque sempre tem me guiado na escolha do melhor caminho para o meu bem estar e o das pessoas que estão perto de mim.*

*Aos meus pais, Nestor e Amparo, pelo amor, carinho, incentivo e educação. Por terem ensinado grandes valores, com os quais tenho podido levar para frente todas as minhas metas*

*Às minhas irmãs, Claudia Marcela e Luz Amparo, pelo carinho, apoio e por torcerem por mim em todo momento.*

*Aos meus irmãos pelo apoio, conselhos e também pela torcida em todo momento.*

*À minha namorada, Diana, por sempre estar ao meu lado, me apoiando nos mais difíceis momentos, pela paciência, pelo grande amor e carinho entregado para mim.*

*À minha orientadora, Lucia, por todos os ensinamentos, investimentos e pelo incentivo. Pelos proveitosos conselhos e pelo carinho. Pela paciência e por sua importante contribuição para minha formação.*

*À minha co-orientadora, Lenira, pela paciência, conselhos e ensinamentos; pelas discussões e orientações ao longo deste tempo que temos compartilhado.*

*A Rodrigo Junqueira Pereira, porque com sua ajuda e ensinamentos se converteu em praticamente outro co-orientador; pela amizade, paciência, conselhos e discussões sobre melhoramento genético.*

*A Diogo Anastácio García, pela amizade, pelos conselhos, ensinamentos e discussões sobre melhoramento genético; pelos momentos de distração.*

*Aos meus amigos colombianos, Julián, Orlando, Astrid, Edna, Yury, Henry pela amizade, conselhos e momentos de distração.*

*Aos amigos e companheiros de república, Rafael Medeiros e Raul Aspilcueta, pela amizade e apoio.*

*À coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão de bolsa de estudos, permitindo o desenvolvimento deste estudo.*

*À Universidade Estadual Paulista, por minha formação e pela oportunidade de desenvolvimento deste trabalho.*

*Aos meus estimados amigos, pela amizade, por todos os momentos felizes e proveitosos, vividos durante esses quatro anos de doutorado.*

*Aos meus familiares pelo apoio e torcida*

*A todos que, de alguma forma, contribuíram para minha formação e para a realização deste trabalho.*

## SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	iii
ABSTRAT.....	v
<b>CAPITULO 1-CONSIDERAÇÕES GERAIS.....</b>	<b>1</b>
INTRODUÇÃO.....	1
OBJETIVOS .....	3
Objetivos gerais.....	3
Objetivos específicos .....	3
REVISÃO DE LITERATURA.....	4
<i>Avaliação Genética para a Produção Acumulada até os 305 Dias.....</i>	4
<i>Modelos de Regressão Aleatória e Funções de Covariância.....</i>	4
<i>Parâmetros Genéticos.....</i>	8
<i>Estimativas de Herdabilidade.....</i>	8
<i>Persistência da Lactação.....</i>	9
<i>Parâmetros Genéticos. ....</i>	10
<i>Estimativas de Herdabilidade.....</i>	10
<i>Correlações Genéticas.....</i>	13
REFERÊNCIAS.....	16
<b>CAPITULO 2 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE ACUMULADA DE VACAS DA RAÇA GIR EM DIFERENTES IDADES USANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA.....</b>	<b>21</b>
RESUMO.....	21
INTRODUÇÃO.....	23
MATERIAL E MÉTODOS.....	24
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	29
CONCLUSÕES.....	36
REFERÊNCIAS .....	37
<b>CAPITULO 3 - ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE DE VACAS DA RAÇA GIR EMPREGANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA BI-CARACTERÍSTICAS.....</b>	<b>40</b>
RESUMO.....	40
INTRODUÇÃO.....	42
MATERIAL E MÉTODOS.....	43
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	46

CONCLUSÕES.....	54
REFERÊNCIAS .....	55
<b>CAPÍTULO 4 – AVALIAÇÃO GENÉTICA DA PERSISTÊNCIA DA LACTAÇÃO DE VACAS GIR USANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EM ANÁLISES BICARACTERÍSTICAS.....</b>	<b>58</b>
RESUMO.....	58
INTRODUÇÃO.....	60
MATERIAL E MÉTODOS.....	61
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	66
CONCLUSÕES.....	75
REFERÊNCIAS .....	76

## ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE E PARA PERSISTÊNCIA DA LACTAÇÃO EM LACTAÇÕES MÚLTIPLAS USANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

**RESUMO** – Parâmetros genéticos para produção de leite acumulada até 305 dias (P305) e para produções no dia do controle (PLDC) de varias lactações da raça Gir Leiteiro foram estimados utilizando modelos de regressão aleatória (MRA).Primeiramente, as P305 em várias idades foram analisadas por meio de um modelo de repetibilidade (REP) e de MRA. Com base nos critérios de comparação, o modelo contendo 3, 3 e 4 ordens de ajuste, respectivamente, para os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, com quatro classes de variâncias residuais, foi o que promoveu o melhor ajuste aos dados de produção de leite ao longo da vida produtiva. Altas correlações de ordem entre os valores genéticos, associadas às coincidências na classificação dos 5% de touros com maior valor genético para P305 nas diferentes idades estimados pelos MRA e pelo REP, indicaram haver pouca variação na classificação dos touros independente do modelo adotado. As produções de leite em diferentes idades podem ser analisadas como a mesma característica. Em um segundo estudo foram analisadas as PLDC das duas primeiras lactações por meio de MRA bi-características, cujos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por polinômios ortogonais de Legendre de quarta ordem, considerando uma estrutura de cinco classes de variâncias residuais. As estimativas médias de heredabilidade ( $h^2$ ) para as PLDC variaram de 0,24 a 0,38 e de 0,29 a 0,41 na primeira e segunda lactação, respectivamente. As estimativas das correlações genéticas entre as PLDC 1, 5 e 10 da primeira lactação com todos os controles das duas lactações foram positivas, sendo maiores com os controles adjacentes dentro da primeira lactação e entre controles de ordem equivalente entre lactações. A seleção com base nas PLDC do meio da primeira lactação aparece como uma estratégia de seleção importante para incrementar a produção de leite ao longo da lactação e para mudar o formato da curva da lactação nas duas primeiras lactações na raça Gir. No estudo final, foram estimados parâmetros genéticos para a P305 e para duas medidas de persistência ( $PS_1$  e  $PS_2$ ) por meio de um MRA em análise bi-características. As estimativas de  $h^2$  foram de 0,19, 0,12 e

0,41 na primeira e de 0,43, 0,27 e 0,38 na segunda lactação para  $PS_1$ ,  $PS_2$  e P305, respectivamente. As correlações genéticas entre as  $PS_i$  foram positivas e de alta magnitude nas duas lactações, enquanto que entre as  $PS_i$  e a P305 foram negativas e de baixa magnitude com a  $PS_1$  e quase nulas com a  $PS_2$  nas duas lactações. Correlações genéticas negativas foram estimadas entre as  $PS_i$  com as PLDC do começo e positivas com as PLDC do final da lactação nas duas lactações. A correlação de posição entre os valores genéticos preditos para as  $PS_i$  para os touros com no mínimo 5 filhas com registros produtivos, foram maiores que 0,80 nas duas lactações, e entre as  $PS_i$  e a P305, essas estimativas foram de baixa magnitude. Quando classificados os primeiros 5 touros de acordo com os valores genéticos preditos para as  $PS_i$  houve grande diferença no posicionamento dos touros pela P305, especialmente para  $PS_1$ . Recomenda-se a utilização da  $PS_2$  nas avaliações genéticas para persistência da lactação na raça Gir, pelo fato de apresentar baixa correlação genética com a P305,  $h^2$  de moderada magnitude e correlação genética positiva com as PLDC posteriores ao pico de lactação. Além disso, a inclusão da persistência da lactação como critério de seleção na raça Gir, é de grande importância pelo fato desta raça ainda não ter sido melhorada para este tipo de característica, a qual esta relacionada com o desempenho produtivo das fêmeas e com a rentabilidade da produção.

**Palavras-chave:** correlação de posição, curva de lactação, funções de covariância, produção no dia do controle

## GENETIC PARAMETERS FOR MILK PRODUCTION AND PERSISTENCE IN MULTIPLE LACTATION IN GYR CATTLE

**SUMMARY** – This study estimates the genetic parameters for 305-day cumulative yield (305d) and test day yield (TD) of several lactations of Gyr dairy cattle using random regression models (RRM). Firstly, 305d at various ages were analyzed using repeatability (REP) and random regression (RRM) models. Based on the comparison criteria, the 3<sup>rd</sup>, 3<sup>rd</sup> and 4<sup>th</sup> order models fitted best the milk yield data along cattle productive life for the random additive genetic and permanent environmental effects, with four classes of residual variances, respectively. High order correlations between genetic values associated with coincidences in the ranking of 5% of bulls with high genetic value for 305d at different ages estimated by REP and RRM, indicate that there is little variation in bull rankings regardless of the adopted model. Milk yield should be considered as same trait at any age. In a second study, TD of the first two lactations were analyzed using two-trait RRM whose additive genetic and permanent environmental effects were fitted by a fourth order Legendre orthogonal polynomials, considering a five-class residual variance structure. The mean heritability estimates ( $h^2$ ) for the TD varied from 0.24 to 0.38 and 0.29 to 0.41 for the first and second lactation, respectively. Estimates of genetic correlations between TD1, 5 and 10 of the first lactation and all controls of the two lactations were positive and higher with the adjacent controls within the first lactation and between controls of same order between lactations. The selection based on TD of the middle of the first lactation appears as an important selection strategy in order to change lactation curve shape for the first and second lactation. In the final study, the genetic parameters for 305d and two persistence measurements ( $PS_1$  and  $PS_2$ ) were estimated using a two-trait RRM. The estimates for  $h^2$  were 0.19, 0.12 and 0.41 in the first and 0.43, 0.27 and 0.38 in the second lactations for  $PS_1$ ,  $PS_2$  and 305d, respectively. The genetic correlations between  $PS_i$  were positive and high for both lactations, whereas between  $PS_i$  and 305d they were negative and low for  $PS_1$  and nearly zero for  $PS_2$  in both lactations. Genetic correlations between  $PS_i$  and TD were negative at the beginning and positive at the end of lactation, in both lactations. The ranking correlations between predicted genetic values for  $PS_i$  for bulls with

at least 5 daughters with productive records were higher than 0.80 in both lactations, and between  $PS_i$  and 305d, the estimates were low. The first five bulls classified according to  $PS_i$  predicted genetic values ranked was very different according to 305d, especially for  $PS_1$ . Therefore, it is recommended to use  $PS_2$  in the genetic evaluations for lactation persistency in Gyr dairy cattle, because  $PS_2$  shows low genetic correlation with 305d, moderate<sup>2</sup> and positive genetic correlation with further TD, after lactation peaks.

**Keywords:** Ranking correlation, lactation curve, covariance functions, test day yield.

## **CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS**

### **INTRODUÇÃO**

A produção pecuária deve ser um dos principais enfoques das políticas das nações, especialmente aquelas que estão em desenvolvimento, onde a demanda de alimento é cada dia maior devido ao crescimento populacional constante. Este fator somado ao menor poder aquisitivo dos habitantes, dá uma idéia da necessidade de gerar produtos a um menor preço.

A implementação de tecnologias e metodologias inovadoras são estratégias que possibilitam a análise da informação coletada no campo para avaliar o sistema produtivo, e a partir daí tomar decisões em prol do melhoramento da produtividade. No entanto, para estabelecer programas de mensuração de desempenhos, é preciso considerar vários fatores, entre eles, programar rotinas de manejo focadas na coleta de dados e a possibilidade de contar com equipamentos computacionais para o armazenamento da informação.

A eficiência de um programa de melhoramento genético vai depender da precisão da avaliação dos animais e esta depende de vários fatores, entre eles, a informação disponível, o modelo estatístico empregado e a metodologia adotada para fazer as análises(SARMENTO,2003, 2007).

Algumas considerações devem ser atendidas para aumentar a acurácia das avaliações genéticas em gado de leite, dentre elas, a inclusão de mensurações provenientes de animais que não encerraram a lactação, a utilização de mais que uma informação por animal e a inclusão nos modelos de efeitos ambientais específicos para diferentes períodos da lactação. O uso das produções de leite no dia do controle (PLDC), as quais são representadas pelas pesagens periódicas de leite nas fazendas mediante o controle leiteiro, possibilitam melhorias nas avaliações genéticas pelos motivos já mencionados.

MEYER & HILL (1997) comentaram que as características que se repetem durante a vida do animal têm um padrão de covariâncias estruturado entre as diferentes medidas como ocorre durante a lactação. Os autores recomendaram o uso das PLDC mediante modelos de regressão aleatória (MRA). Com esta metodologia é possível combinar a informação de

características que são correlacionadas, para predizer o mérito genético dos animais para várias características ao mesmo tempo.

Os MRA permitem ajustar dois conjuntos de regressões; o primeiro deles corresponde à curva fixa de vacas que pertencem a uma mesma subclasse de efeito fixo ou mesmo uma única curva que represente a população; o outro conjunto considera as regressões aleatórias, que são os desvios da curva de lactação de cada animal, em relação à regressão fixa (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997). Desta maneira, é possível descrever mudanças graduais de covariâncias ao longo do tempo e predizer valores genéticos para os coeficientes de regressão genéticos e para funções destes valores genéticos, ou seja, valores genéticos dos indivíduos para qualquer dia de lactação desejado, mesmo que não tenha sido mensurado. Por estas razões, os MRA são considerados os modelos mais apropriados para fazer avaliação genética em gado leiteiro, pois são mais flexíveis, acurados e precisos que os modelos multicaracterísticas (JAMROZIK et al., 1997; VAN DER WERF et al., 1998).

Os trabalhos de melhoramento genético na raça Gir são recentes, comparado com as raças taurinas. A Gir é uma das raças mais importantes utilizadas na produção de leite em países de clima tropical como são Colômbia, México e Venezuela, entre outros, pois é uma raça que se adapta bem a regiões quentes com presença de parasitas e com pastagens de baixa qualidade nutricional. Esta raça é uma das mais utilizadas no Brasil para a produção de leite, principalmente, em cruzamentos com raças taurinas especializadas, buscando uma maior adaptabilidade, além de melhores desempenhos produtivos em condições tropicais (LEDIC et al., 2002a).

O Brasil foi o primeiro país em fazer avaliação genética para produção de leite na raça Gir; a partir daí, programas de seleção bem sendo desenvolvidos na tentativa de aumentar o desempenho das fêmeas para esta característica; entretanto, a persistência da lactação é uma característica que esta começando a ser incluída nos catálogos de avaliação genética para a raça Gir, por guardar grande relação com o desempenho produtivo e reprodutivo das fêmeas, motivo para ser incluída nos critérios de seleção.

## **OBJETIVOS**

### **Objetivos gerais**

Estimar parâmetros genéticos para a produção de leite acumulada até os 305 dias, para as produções de leite no dia do controle e para persistência das duas primeiras lactações, usando modelos de regressão aleatória em análises uni e bi-características, para verificar a possibilidade de se utilizar estes modelos na avaliação genética da produção de leite na raça Gir.

### **Objetivos específicos:**

i) Estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para a produção de leite acumulada até 305 dias em diferentes idades e para as produções de leite no dia do controle nas duas primeiras lactações de vacas da raça Gir, empregando modelos de regressão aleatória;

ii) Estudar a persistência da lactação na raça Gir nas duas primeiras lactações por meio de modelos de regressão aleatória em análises bi-características;

iii) Avaliar duas medidas de persistência para ver qual delas é mais adequada para se utilizar na estimação dos parâmetros genéticos para esta característica;

iii) Determinar se a persistência da lactação deve ser incluída na avaliação genética para produção de leite na raça Gir.

## **REVISÃO DE LITERATURA**

### **Avaliação Genética para a Produção Acumulada até os 305 dias**

A produção de leite acumulada até os 305 dias (P305) tem sido o principal critério de seleção adotado em programas de avaliação genética de bovinos leiteiros no Brasil (LEDIC et al., 2002b; PEREIRA, 2012). A razão da utilização da P305 se deve ao fato de que o período de lactação ideal em raças leiteiras especializadas, é em torno de 10 meses sob condições favoráveis de ambiente. Desta forma, é possível ter um período em torno de 60 dias para regeneração dos tecidos secretores da glândula mamária e acúmulo de reservas nutricionais para a próxima lactação, além de possibilitar a ocorrência de um parto por vaca por ano. A raça Gir se caracteriza por apresentar duração da lactação média menor a 305 dias e um intervalo de parto maior comparado com as raças especializadas para produção de leite; entretanto, a P305 tem sido o único critério de seleção utilizado para produção de leite na raça Gir.

AP305 é calculada com base no somatório das aproximações diárias da produção de leite provenientes dos controles leiteiros, os quais são realizados periodicamente, em intervalos diários, semanais ou mensais, dependendo do sistema produtivo. Algumas vacas podem não ter alcançado os 305 dias de lactação no momento da avaliação genética, fato pelo qual tem que se aplicar fatores de extensão para calcular a P305 desses animais. Quando são utilizados estes fatores é assumido que não existe diferença no formato da curva de lactação entre as vacas, o que não é verdade, já que é conhecido que a produção de leite tende a aumentar depois do parto até atingir o pico da lactação, para depois decrescer até o final da lactação, além do fato de que cada animal possui uma forma da curva diferenciada. Este comportamento pode ser expresso graficamente como uma curva e, quando não é considerada a diferença entre as curvas de lactação dos diferentes animais, elimina-se parte da variação genética para a produção de leite (SHAHRBABA, 1997). Por outro lado, a P305 é o critério mais conhecido pelos criadores para selecionar os animais, além de ser de fácil interpretação.

### **Modelos de Regressão Aleatória**

As produções de leite no dia do controle (PLDC) são consideradas medidas repetidas em função do tempo. As medidas repetidas têm sido

analisadas sob diferentes aspectos metodológicos, geralmente fazendo uso de modelos de repetibilidade em análises uni ou multicaracterísticas. As análises multicaracterísticas, ou test-day models de dimensão finita, consideram as produções em cada controle como características distintas.

JAMROZIK & SCHAEFFER (1997) propuseram um Modelo de Regressão Aleatória (MRA) para a avaliação genética dos animais com o uso das PLDC. Esta metodologia possibilita a predição de dois conjuntos de curvas ou regressores. Um conjunto, denominado regressão fixa é ajustada para as vacas que pertencem à mesma subclasse de efeito fixo ou mesmo uma curva de lactação única para a população. O outro conjunto, denominado regressão aleatória para cada indivíduo, é calculado como desvio da curva fixa para a subclasse à qual pertence (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997). Desta maneira, é possível descrever mudanças graduais de covariâncias ao longo do tempo e prever valores genéticos para os coeficientes de regressão genéticos e a partir desses valores, estimar uma curva de lactação genética para cada animal.

A utilização dos modelos de regressão aleatória requer o uso de uma função para a descrição dos efeitos fixos e aleatórios que atuam sobre as características, com o objetivo de realizar uma melhor descrição da produção de leite ao longo da lactação. Essa função pode ser ortogonal, paramétrica ou de covariância (COBUCI et al., 2004). Alguns pesquisadores têm associado os MRA com as denominadas funções de covariância (MEYER & HILL, 1997; OLORI et al., 1999; COBUCI et al., 2004). Estas funções podem ser definidas como funções contínuas, que representam uma estrutura de variâncias e covariâncias entre as características mensuradas em diferentes pontos em uma trajetória (TIJANI et al., 1998), as quais podem ser estimadas fixando um polinômio ortogonal (MEYER & HILL, 1997). Entretanto, os últimos autores mencionados, mostraram que os MRA são um tipo de função de covariância, enquanto que VAN DER WERF et al. (1998), mostraram que para cada função de covariância existe um MRA equivalente.

A utilização dos modelos de regressão aleatória, em avaliações genéticas, comparado aos modelos tradicionais, apresenta, ainda as seguintes vantagens:

- Não exigem número mínimo de medidas por animal, ao contrário do que acontece para o cálculo da P305 (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997);
- Levam em consideração efeitos sistemáticos de ambiente próprios de cada PLDC (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997);
- Maior eficiência na utilização das informações disponíveis, sem a necessidade de ajustes ou aplicação de fatores de extensão para lactações em andamento (MEYER & HILL, 1997);
- Utilização de dados de animais com apenas um controle (SCHAEFFER & DEKKERS, 1994);
- Estimação de curvas de lactação para cada animal considerando a relação de parentesco entre os indivíduos;
- Estudo de todo intervalo contínuo em que as medidas forem tomadas, permitindo predizer o valor genético dos animais em qualquer ponto desse intervalo (KIRKPATRICK & HECMAN, 1989);
- Possibilidade de estimar menor número de parâmetros, principalmente quando comparados com as análises multicaracterísticas simultâneas (VEERKAMP & GODDARD, 1998; POOL & MEVWISSEN, 1999);

Por estas razões, os MRA são considerados os modelos mais apropriados para fazer avaliação genética em gado leiteiro, isto é, são mais flexíveis, acurados e precisos que os modelos multicaracterísticas (JAMROZIK et al., 1997; VAN DER WERF et al., 1998) ou que os modelos tradicionais para a P305.

Inicialmente, os estudos utilizando MRA consideraram variâncias homogêneas para modelar os resíduos. As variâncias genéticas foram superestimadas durante toda a lactação, principalmente, devido à problemas na modelagem do ambiente permanente (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997; JAMROZIK et al., 1997). O fato de se considerar homogeneidade de variâncias residuais ao longo da lactação pode influenciar na estimativa dos demais componentes de variância, como verificado por SARMENTO et al. (2005). Estes autores concluíram que quando as variâncias residuais foram consideradas heterogêneas para cada classe, houve melhoria na estimação dos componentes de variância, porém o número de parâmetros a ser estimado aumentou, causando dificuldade na convergência.

Procurando obter MRA mais parcimoniosos, sem perder a qualidade de ajuste dos efeitos aleatórios, alguns estudos têm proposto a utilização de estruturas de variâncias residuais heterogêneas em número reduzido, com o agrupamento de classes de variâncias semelhantes, utilizando polinômios ortogonais de Legendre ou ordinários (OLORI et al., 1999; MEYER, 1999; BROTHERSTONE et al., 2000; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003).

Trabalhos em bovinos leiteiros utilizando MRA e polinômios de Legendre têm sugerido que pelo menos três coeficientes de polinômios devem ser usados para modelar a estrutura de covariâncias dos efeitos aleatórios (OLORI et al., 1999; POOL et al., 2000). Além disso, para modelar o efeito genético aditivo, um modelo com número menor de parâmetros deveria ser utilizado, comparado com o efeito de ambiente permanente. No entanto, a maioria dos estudos mencionados tem considerado unicamente a primeira lactação surgindo a necessidade de saber o que acontece com os valores e os parâmetros genéticos quando mais de uma lactação é analisada.

Em algumas pesquisas foram relatadas as correlações genéticas entre controles de diferentes lactações. Com base nos resultados foram propostas análises multicaracterísticas incluindo as PLDC em diferentes lactações. Segundo TIER & MEYER (2004), modelos multicaracterísticas têm a capacidade de combinar a informação de características correlacionadas para prever o mérito genético dos animais para várias características ao mesmo tempo. Nessas análises considera-se que as produções no dia do controle são resultado da expressão do mesmo grupo de genes através da vida produtiva. Segundo CAVALHEIRA et al. (2002), um MRA incluindo três lactações permitirá contar com um maior número de registros por vaca, o que contribuirá com maiores acurácias na predição dos parâmetros e valores genéticos. Estudos preliminares na raça Holandesa, relataram que a forma da curva de lactação diferiu entre a primeira e a segunda lactação e entre a segunda e as lactações posteriores (JAKOBSEN et al., 2002; COBUCI et al., 2005), o que justificam estudos para determinar a magnitude da associação entre a produção de leite na primeira com as demais lactações, e o formato da curva da lactação nas várias lactações de vacas da raça Gir.

## **Parâmetros Genéticos para as Produções no Dia do Controle Usando Modelos de Regressão Aleatória**

### **Estimativas de Herdabilidade**

Muitos estudos utilizando as PLDC, para estimar componentes de variância por meio de MRA em bovinos leiteiros têm sido reportados. As estimativas de herdabilidade diferem entre eles, mas na maioria coincidem com maiores estimativas no começo e final da lactação (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997; REKAYA et al., 1999; KETTUNEN et al., 2000; LOPEZ-ROMERO & CARABAÑO, 2003; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003). Segundo COBUCI et al. (2004), as estimativas de herdabilidade dependem da função de regressão usada na descrição dos efeitos fixos e aleatórios. Na raça Gir, COSTA et al. (2005), na raça Gir, usando as funções paramétricas de WILMINK (1987) e ALI & SCHAEFFER (1987) em MRA, estimaram valores de herdabilidade comparando as duas funções. Os autores reportaram maiores estimativas para as PLDC no começo da lactação, com valores próximos de 0,74; essas estimativas diminuíram ao longo da lactação mostrando valores próximos a 0,20.

GONZÁLEZ-HERRERA et al. (2008) na mesma raça, usando a função de ALI & SCHAEFFER para modelar a produção de leite, relataram estimativas de herdabilidade variando entre 0,21 e 0,33, sendo maiores no começo da lactação, com diminuição das estimativas conforme o avanço da lactação. Os controles com maior estimativa foram o primeiro e o último. PEREIRA et al. (2012), trabalhando com dados da mesma raça com o emprego das funções de ALI & SCHAEFFER e de WILMINK, encontrou estimativas de herdabilidade variando entre 0,32 e 0,12 e entre 0,33 e 0,09 respectivamente, e da mesma maneira que o estudo anteriormente mencionado, as maiores estimativas foram relatadas para o início e as menores para o final da lactação. Os três estudos anteriores são os únicos encontrados na literatura que utilizaram MRA na descrição da produção de leite ao longo da lactação na raça Gir e consideraram unicamente a primeira lactação.

De GROOT et al. (2007), utilizando uma função spline de ordem cúbica estimaram herdabilidades para os controles da primeira, segunda e terceira lactação em animais da raça Holandesa. As estimativas variaram entre 0,10 e

0,15, 0,10 e 0,18 e entre 0,09 e 0,17 para as produções de leite na primeira, segunda e terceira lactação, respectivamente. Os autores observaram haver aumento das estimativas com o avanço da lactação em cada um dos partos, e maiores estimativas para a segunda e terceira lactação.

STRABEL et al. (2004), usando MRA multicaracterísticas, encontraram estimativas de herdabilidade ao redor de 0,20, para as produções de leite das três lactações, com a diferença que no segundo e terceiro partos, no começo e no final da lactação, as estimativas alcançaram um valor próximo a 0,30. As maiores estimativas de correlação foram obtidas entre os controles do primeiro e segundo parto, em torno de 0,70, enquanto que entre as produções da primeira e da terceira lactação as estimativas variaram entre 0,53 e 0,63.

### **Persistência da Lactação**

Segundo COBUCI (2002), a curva de lactação pode ser dividida em três fases: a primeira é ascendente e ocorre entre o parto e o pico; a segunda é relativamente constante e ocorre ao redor do pico de produção; a última fase é descendente e acontece depois do pico até o final da lactação. O conhecimento da curva de lactação é necessário para poder determinar o manejo nutricional e reprodutivo dos animais em lactação, além da possibilidade de estimar o pico de produção, a persistência da lactação e a produção total de leite (WOOD, 1980). A persistência é o principal componente da curva de lactação (WOOD, 1967).

Diferentes definições da persistência na lactação são encontradas na literatura, entre elas a taxa em que a produção de leite diminui a partir da produção máxima (SANDERS, 1930); o grau em que a produção de leite, na fase inicial da lactação, é mantida (MAHADEVAN, 1951); a extensão na qual o pico de produção é mantido (WOOD, 1967); a habilidade da vaca em manter a produção de leite ao longo de uma lactação (MOLENTO, 1996); e a habilidade de manter mais ou menos constante a produção de leite durante a lactação (GENGLER, 1996). De forma geral, esta é definida como a capacidade da vaca em manter sua produção de leite após atingir a produção máxima na lactação.

Quatro métodos de mensuração da persistência na lactação têm sido utilizados:

- 1) baseado em razões entre produção de leite em diferentes fases da lactação;

- 2) baseado na variação da produção de leite, ao longo da lactação;
- 3) baseado em parâmetros de modelos matemáticos;
- 4) baseado nos valores genéticos obtidos por meio de coeficientes aleatórios dos modelos de regressão aleatória.

No entanto, o principal problema relativo ao estudo da persistência na lactação está no fato de como expressar a forma da curva de lactação em um único termo (SÖLKNER & FUCHS, 1987). A persistência da lactação está diretamente relacionada com aspectos econômicos da atividade leiteira e a melhoria desta pode contribuir para a redução de custos no sistema de produção (TEKERLI et al., 2000; JAKOBSEN et al., 2002). Uma maior persistência está relacionada a uma distribuição mais equilibrada da produção de leite no decorrer da lactação. Vacas com maior persistência ingerem menos alimento para produzir a mesma quantidade de leite produzido por uma vaca com menor persistência, sendo assim mais facilmente alimentadas de acordo com seus requerimentos, visto que suas curvas de lactação são diretamente relacionadas com sua capacidade de ingestão de alimentos (SHAHRBABA, 1997).

De acordo com SÖLKNER & FUCHS (1987), existem diferenças genéticas para persistência na lactação, entre animais, razão pela qual a seleção, para esta característica, pode ser vantajosa. A utilização dos MRA nas avaliações genéticas, além de melhorar a acurácia das predições dos valores genéticos, fornece um ótimo mecanismo para a avaliação da persistência na lactação, pois, por meio desses modelos, pode-se prever o valor genético dos animais, em diferentes períodos da lactação (LIN & TOGASHI, 2002).

## **Parâmetros Genéticos para a Persistência da Lactação**

### **Estimativas de Herdabilidade**

Na Tabela 1 são apresentadas algumas das diferentes medidas de persistência usadas em vários trabalhos encontrados na literatura, aplicando MRA, ou seja, usando os valores genéticos preditos para cada dia em lactação. As medidas 1 e 2 representam a diferença entre os valores genéticos calculados para os dias da lactação em diferentes períodos, enquanto que as medidas 3 e 4 representam a diferença entre a somatória dos valores

genéticos para períodos específicos da lactação, que representam o período de declínio, e os valores genéticos estimados para dias específicos da lactação. Elas, portanto, possuem interpretações opostas. Já as medidas 5 e 6, representam a diferença entre as somatórias dos valores genéticos entre dois períodos específicos da lactação. A medida 7 representa a diferença nas médias dos valores genéticos entre dois períodos específicos da lactação. A medida 8, embora na forma apresentada pareça diferente, é semelhante à medida 3.

Em geral, por meio dessas medidas tentam-se sempre estabelecer uma relação entre os períodos do início da lactação até o pico ou apenas no pico, estabelecendo que todos os animais apresentassem o mesmo tempo de pico médio, e os períodos de declínio da produção de leite após o pico, até o final da lactação (305 dias) ou próximo aos 280 dias.

Nos vários estudos em que a persistência da lactação foi avaliada, foram relatadas estimativas de herdabilidade variando de 0,0 a 0,40 (GENGLER et al., 1999; JAMROZIK et al., 2000; JAKOBSEN et al., 2002; COBUCI et al., 2006). As persistências foram calculadas aplicando as fórmulas da Tabela 1, não aos valores genéticos, mas sim, nos componentes de (co) variância. As diferenças que têm sido relatadas nas estimativas se devem ao estágio da lactação e o modelo utilizado para o cálculo da persistência (MADSEN, 1975).

**Tabela 1.** Medidas de persistência da lactação usadas por diferentes autores, quando aplicando Modelos de Regressão Aleatória.

Persistência	Autores
1) $PS = VG_{280} - VG_{60}$	JAMROZIK et al., (1997)
2) $PS = VG_{290} - VG_{90}$	COBUCI, (2002)
3) $PS = \sum_{t=61}^{200} (VG_t - VG_{60})$	JAMROZIK et al., (1997)
4) $PS = \sum_{t=60}^{279} (VG_t - VG_{280})$	JAKOBSENet al., (2002)
5) $PS = (\sum_{t=106}^{205} VG_t - \sum_{t=6}^{105} VG_t)$	JAKOBSENet al., (2002)
6) $PS = (\sum_{t=206}^{305} VG_t - \sum_{t=6}^{105} VG_t)$	JAKOBSENet al., (2002)
7) $PS = (\frac{1}{51} \sum_{t=255}^{305} VG_t - \frac{1}{21} \sum_{t=56}^{78} VG_t)$	KISTEMAKER, (2003)
8) $PS = \sum_{t=61}^{305} VG_t - 245 * VG_{60}$	DE ROOSet al., (2004)

Observa-se na Tabela 2 que existe grande variação nas estimativas de herdabilidade para cada medida de persistência. Isso pode ser explicado pelo fato de diferentes MRA terem sido usados, bem como diferentes funções de regressão para o ajuste dos efeitos aleatórios, bem como das curvas de regressão fixas.

Segundo MADSEN (1975), diferenças entre as estimativas de herdabilidade para persistência na lactação podem ser causadas por três razões. A primeira delas está relacionada com a eficiência biológica do tipo de mensuração da persistência, isto é, se as diferenças de produção entre os períodos são estimadas com base em termos absolutos ou relativos. As duas últimas razões estão relacionadas com a eficiência estatística do tipo de mensuração utilizada para calcular a persistência e com a parte da lactação utilizada no cálculo da mesma.

**Tabela 2.** Estimativas de herdabilidade para diferentes medidas de persistência e correlações genéticas com a produção acumulada até os 305 dias ( $r_g.P305$ ), encontradas em diferentes estudos aplicando os MRA.

Persistência	herdabilidade	$r_g.P305$	Autores
1) $PS = VG_{280} - VG_{60}$	0,30	-0,10	JAMROZIK et al., (1997);
	0,14	0,18	JAKOBSEN et al., (2002);
	0,15	0,35	COBUCI et al., (2004);
	0,30	0,48	FREITAS et al., (2010);
	0,18	-0,06	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
2) $PS = \left( \sum_{t=106}^{205} VG_t - \sum_{t=6}^{105} VG_t \right)$	0,24	0,47	JAKOBSEN et al., (2002);
	0,27	0,55	COBUCI et al., (2004);
	0,39	0,35	FREITAS et al., (2010);
	0,22	0,03	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
3) $PS = \left( \sum_{t=206}^{305} VG_t - \sum_{t=6}^{105} VG_t \right)$	0,20	0,33	JAKOBSEN et al., (2002);
	0,26	0,44	COBUCI et al., (2004);
	0,42	0,05	FREITAS et al., (2010);
	0,29	0,01	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
4) $PS = \sum_{t=60}^{279} (VG_t - VG_{280})$	0,16	0,0	JAKOBSEN et al., (2002);
	0,11	-0,31	COBUCI et al., (2004);
	0,05	0,05	DORNELESS, (2009);
	0,16	-0,39	PEREIRA et al., (2012);
	0,32	-0,68	FREITAS et al., (2010);
	0,19	0,01	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
5) $PS = (VG_{290} - VG_{90})$	0,14	0,31	COBUCI, (2004);
	0,08	0,08	DORNELESS, (2009);
	0,36	0,62	FREITAS et al., (2010);
6) $PS = \left( \frac{1}{51} \sum_{t=255}^{305} VG_t - \frac{1}{21} \sum_{t=56}^{78} VG_t \right)$	---	0,060	KISTEMAKER, (2003);
7) $PS = \sum_{t=61}^{305} VG_i - 245 * VG_{60}$	0,25	---	DE ROOS et al., (2004)

### Correlações Genéticas

Segundo DEKKERS et al. (1998), a escolha entre as diferentes medidas de persistência para programas de melhoramento deve levar em consideração os seguintes critérios:

- 1) A medida de persistência não deve ser correlacionada com a P305;
- 2) Deve apresentar uma substancial estimativa de herdabilidade e variância genética;

Estimativas de correlação genética encontradas em diferentes estudos, considerando as medidas de persistência apresentadas na Tabela 1, podem ser observadas na Tabela 3. As correlações genéticas entre as persistências estimadas com MRA variaram de -0,99 e 0,99 (Tabela 3), nos estudos de JAKOBSEN et al.(2002) e COBUCI et al., (2004).No estudo de JAKOBSEN et

al. (2002), as correlações genéticas entre as medidas de persistência com a P305 variaram de 0 a 0,47, sendo maiores entre as medidas considerando os somatórios dos valores genéticos diários dos períodos do pico e o final da lactação. COBUCCI et al. (2006), relataram estimativas de correlações moderadas entre as medidas de persistência e a P305 e entre as diferentes medidas de persistência. As estimativas foram, em geral, maiores a 0,85 e favoráveis.

FREITAS et al. (2010) estimaram correlações genéticas de -0,99 a 0,96 entre as diferentes medidas de persistência e de -0,97 a 0,95 entre as medidas e a P305, sendo estas estimativas relatadas como favoráveis, levando em consideração a diferença entre as definições de persistência. GONZÁLEZ-PEÑA et al. (2011) estimaram correlações genéticas favoráveis de moderadas e altas entre as medidas de persistência, variando de -0,71 a 0,95 e, baixas entre as medidas e a P305, variando de -0,06 a 0,31. Os autores comentaram haver associação genética negativa entre a persistência da lactação e a produção inicial de leite. As estimativas de correlações entre as medidas de persistência e o último terço da lactação foram maiores com o avanço da lactação.

No estudo de PEREIRA et al. (2012), as correlações genéticas entre as medidas de persistência foram, em geral, altas, com correlações genéticas com a produção de leite até os 297 dias (P297) negativas e variando de -0,59 a -0,11. O autor comentou que a seleção para P297 não proporcionaria melhoria para persistência da lactação e recomendou selecionar para P297 e para persistência simultaneamente.

Estudos avaliando a persistência da lactação na raça Gir são escassos; esta característica está relacionada com a rentabilidade da produtividade leiteira, motivo pelo qual deveria ser incluída nas avaliações genéticas.

**Tabela 3.** Correlações genéticas entre as diferentes medidas de persistência ( $r_g.P$ ) utilizadas em diferentes estudos.

Medidas	$r_g.P$	Autores
1 e 2	0,32	JAKOBSEN et al., (2002)
	0,89	COBUCI et al., (2004)
	0,45	FREITAS et al., (2010)
	0,65	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
1 e 3	0,93	JAKOBSEN et al., (2002)
	0,98	COBUCI et al., (2004)
	0,96	FREITAS et al., (2010)
	0,95	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
1 e 4	0,76	JAKOBSEN et al., (2002)
	0,99	COBUCI et al., (2004)
	0,82	FREITAS et al., (2010)
	0,89	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
1 e 5	-0,91	JAKOBSEN et al., (2002)
	-0,99	COBUCI et al., (2004)
	-0,91	FREITAS et al., (2010)
	-0,71	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
1 e 6	0,99	COBUCI et al., (2004)
	0,96	FREITAS et al., (2010)
2 e 3	0,65	JAKOBSEN et al., (2002)
	0,96	COBUCI et al., (2004)
	0,68	FREITAS et al., (2010)
	0,79	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
2 e 4	0,83	JAKOBSEN et al., (2002)
	0,92	COBUCI et al., (2004)
	0,87	FREITAS et al., (2010)
	0,87	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
2 e 5	0,10	JAKOBSEN et al., (2002)
	-0,86	COBUCI et al., (2004)
	-0,04	FREITAS et al., (2010)
	-0,16	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
2 e 6	0,86	COBUCI et al., (2004)
	0,18	FREITAS et al., (2010)
3 e 4	0,94	JAKOBSEN et al., (2002)
	0,99	COBUCI et al., (2004)
	0,94	FREITAS et al., (2010)
	0,89	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
3 e 5	-0,68	JAKOBSEN et al., (2002)
	-0,96	COBUCI et al., (2004)
	-0,75	FREITAS et al., (2010)
	-0,61	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
3 e 6	0,96	COBUCI et al., (2004)
	0,84	FREITAS et al., (2010)
4 e 5	-0,41	JAKOBSEN et al., (2002)
	-0,99	FREITAS et al., (2010)
	-0,5	COBUCI et al., (2004)
	-0,30	GONZÁLEZ-PEÑA et al., (2011)
4 e 6	0,99	COBUCI et al., (2004)
	0,62	FREITAS et al., (2010)
5 e 6	-0,99	COBUCI et al., (2004)
	-0,98	DORNELESS, (2009)
	-0,99	FREITAS et al., (2010)

## REFERENCIAS

ALBUQUERQUE, L.G., MEYER, K; Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 79, n. 11, p. 2776– 2789, 2001.

ALI, T.E.; SCHAEFFER, L.R. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. **Journal of Animal Science**, v.67, p.637-644, 1987.

BROTHERSTONE, S.; WHITE, I.M.S.; MEYER, K. Genetic modeling of daily yields using orthogonal polynomials and parametric curves. **Animal Science**, Sofia v.70, n. 70, p. 407-415, 2000.

CARVALHEIRA, J.; POLLAK, E.J.; QUAAS, R.L.; BLAKE, R.W. An autoregressive repeatability animal model for test-day records in multiple lactations. **Journal of Dairy Science**. V.85, p.2040-2045, 2002.

COBUCI, J. A. **Uso de modelos de regressão aleatória na avaliação da persistência na lactação de animais da raça Holandesa**. 2002. 92 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2002.

COBUCI, A.J.; EUCLYDES, R.F.; COSTA, C.N. Análises da persistência na lactação de vacas da raça Holandesa, usando produção no dia do controle e modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p.546-554, 2004.

COBUCI, J.A; et al. Estimation of genetic parameters for test-day milk in Holstein cows using a random regression model. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 28, n. 1, p. 75-83, 2005.

COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; TEIXEIRA, N.M. et al. Utilização dos polinômios de Legendre e da função de Wilmink em avaliações genéticas para persistência na lactação de animais da raça Holandesa. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.4, p.614-623, 2006.

COSTA, C.N.; MELO, C.M.R. de; MACHADO, C.H.C.; FREITAS, A.F. de; PACKER, I.U.; COBUCI, J. de A. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.1519-1530, 2005.

DEGROOT, B. J.; KEOWN, J. F.; VAN VLECK, L. D.; KACHMAN S. D. Estimates of genetic parameters for Holstein cows for test-day yield traits with a random regression cubic spline model. **Genetics Molecular Research** v.6, p.434–444, 2007.

DEKKERS, J.C.M., TEM HAG, J.H., WEERSINK, A. Economic aspects of persistency of lactation in dairy cattle. **Livestock Production Science**, v.53, p. 237-252, 1998.

DE ROOS, A.P.W.; HARBERS, A.G.F.; DE JONG, G. Random herd curves in a test-day model for milk, fat, and protein production of dairy cattle in the Netherlands. **Journal of Dairy Science**, v.87, p.2693-2701, 2004.

DORNELESS, C. K. P.; RORATO, P. R. N.; COBUCI, J. A.; et al. Persistência na lactação para vacas da raça Holandesa criadas no Estado do Rio Grande do Sul via modelos de regressão aleatória. **Ciência Rural**, v.39, n.5, p.1485-1491, 2009.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.

FREITAS, L. S.; SILVA, M. A.; VERNEQUE, R. S.; et al. Avaliação da persistência na lactação da raça Guzerá, utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.62, n.2, p.401-408, 2010.

GENGLER, N. Persistency of lactation yields: A review. Proc. Int. Workshop on Genetic Improvement of functional Traits in Cattle. **Interbull Bulletin**. v.12, p.97-102. 1996.

GENGLER, N., TIJANI, A., WIGGANS, G. R., VAN TASSEL, C. P., PHILPOT., J. C. Estimation of (co)variances of test day yields for first lactation Hosteins in the United States **Journal of Dairy Science**, v. 82. n.1, p. 63-72, 1999.

GONZÁLEZ-HERRERA, L.G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.9, p.1584-1594, 2008.

GONZÁLEZ-PEÑA, D. F.; ESPINOZA, V. J. L.; PALACIOS, E. A.; et al. Parametros genéticos para la persistencia de la lactación en vacas Siboney usando modelos de regresión aleatória. **Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias**, v.2, n.2, p.151-160, 2011.

JAKOBSEN, J. H., MADESEN, P.; JENSEN, J. et al. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holstein estimated in random regression models using REML. **Journal of Dairy Science**, v. 85, n. 6, p. 1606-1616, 2002.

JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G. J.; DEKKERS, J. C. M. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. **Journal of Dairy Science**, v.80, p. n. 1, 2550-2556, 1997.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for production of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762-770, 1997.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, R.L.; JANSEN, G.B. Approximate accuracies of prediction from random regression models. **Livestock Production Science**, v.66, p.85-92, 2000.

KETTUNEN, A.; MÄNTYSAARI, E.; PÖSÖ, J. Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test-day models. **Livestock Production Science**, v.66, p.251-261, 2000.

KIRKPATRICK M.; HECKMAN, N.A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, p.429-450, 1989.

KISTEMAKER, 2003 - Proceedings of interbull technical workshop, beltsville, MD, USA, March 2-3, 2003, Bulletin No 30, 2003; (<http://www-interbull.slu.se/framesida-home.htm>, publications).

LEDIC, I. L.; TONHATI, H.; VERNEQUE, R. S. et al. Estimativa de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientes para as produções de leite no dia do controle e em 305 dias de lactação de vacas da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, 2002a.

LEDIC, I. L.; VERNEQUE, R. S.; EL FARO, L. et al. Avaliação genética de touros da raça Gir para produção de leite no dia do controle e em 305 dias de lactação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.5, 2002b.

LIN, C.Y.; TOGASHI, K. Simultaneous improvement of lactation milk and persistency. In: WORLD CONGRESS GENETIC APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier, France. **Proceedings...** Montpellier: Communication 09-39, CD-ROM, 2002.

LÓPEZ-ROMERO, P.; CARABAÑO, M.J. Comparing alternative random regression models to analyse first lactation daily milk yield data in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, v.82, p.81-96, 2003.

MADSEN, O. A comparison of some suggested measures of persistency of milk yield in dairy cows. **Animal Production**. v. 20, p. 191-197, 1975.

MAHADEVAN, P. The effect of the environment and heredity on lactation. II. Persistency of lactation. **Journal of Agricultural Science**, v.41, p.89-93, 1951.  
MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**. v.47, p.185– 200, 1997.

MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cow. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116, p.181-205, 1999.

MOLENTO, C. F. M. ; BLOCK, E. ; RIBAS, N. P. Lactation curves of Holstein cows in Paraná State, Brazil. **Journal of Dairy Science**, v. 79, p. 216-216, 1996.

OLORI, V. E.; HILL W. G.; MCGUIRK, B. J.; BROTHERSTONE S. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.61, n.1, p.53–63, 1999.

PEREIRA, R. J.;VERNEQUE, R. S.; LOPES, P.S.; et al. Milk yield persistency in Brazilian Gil cattle on a random regression model. **Genetics a Molecular Research**, n.11, v.2, p.1599-1609, 2012.

PEREIRA, R. J. **Modelos genéticos para a produção no dia do controle em bovinos Gir leiteiro**. 2012. 103f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2012.

POOL, M.H., MEUWISSEN, T.H.E. Prediction of daily milk yields from a limited number of test days using test day model **Journal of Dairy Science**, v.82, n.7, p.1555-1564, 1999.

POOL, M.H.; JANSSE, L.L.G.; MEUWISSEN, T.H.E. Genetic parameters of Legendre polynomials for first parity lactation curves. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.2640-2649, 2000.

REKAYA, R., CARABANO, M.J., TORO, M.A. Use of test day yields for the genetic evaluation of production traits in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, vol. 57, n. 3, p.203-217, 1999.

SANDERS, H.G. The analysis of the lactation curve into maximum yield and persistency. **J. Agric .Sci**. v.20, p.145-185, 1930.

SARMENTO, J. L. R.; PIMENTA FILHO, E. C.; RIBEIRO, M. N.; et al. Fatores genéticos e de ambiente sobre o intervalo de partos de cabras leiteiras no semi-árido nordestino. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, p. 875-879, 2003.

SARMENTO, J. L. R.; REIS FILHO, J. C.; ALBUQUERQUE, L. G.; et al. Avaliação genética de caprinos usando a produção de leite no dia de controle. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005, Goiânia. 42a Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005.

SARMENTO, J. L. R.; ALBUQUERQUE, L. G.; TORRES, R. de A.; et al. Modelagem da curva média de crescimento de ovinos Santa Inês em modelos de regressão aleatória. In: Reunião da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007, Jaboticabal. 44a Reunião da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007.

SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5., 1994, Guelph, **Proceedings...** v.17, p. 443-446.

SHAHRBABAQ, M.M. **Feasibility of random regression models for Iranian Holstein testday records**. 1997. 138f. Thesis (PHD) – University of Guelph, Guelph, Canadá, 1997.

SÖLKNER, J.; FUCHS, W. A comparison of different measures of persistency with special respect to variation of Test-day milk yields. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.16, n. 3, p.305-319, 1987.

STRABEL, T.; PTAK, E.; SZYDA, J. et al. Multiple lactation random regression test-day model for Polish Black and White cattle. *Interbull Bull.*, n.32, p.133-136, 2004.

TEKERLI, M.; AKINCI, Z.; DOGAN, I. *et al.* 2000. Factors affecting the shape of lactation curves of Holstein cows from the Balikesir province of Turkey. **Journal Dairy Science**, Champaign, v. 83, n. 6, p. 1381-1386, 2000.

TIER, B.; MEYER, K. Approximating prediction error covariances among additive genetic effects within animals in multiple-trait and random regression models. *Journal Animal Breeding and Genetics*, v.121, p.77-89, 2004.

TIJANI, A., WIGGANS, G.R., VAN TASSELL, C.P. et al. Use of (co)variance functions to describe (co)variance for test day yield. **Journal of Dairy Science**, vol. 82, n. 1, p. 226, 1998.

VAN DER WERF, J. H. J.; GODDARD, M. E.; MEYER, K. The use of covariance functions and random regression for genetic evaluation of milk production based on test day records. **Journal of Dairy Science**, vol 81, n 12, p.3300-3308, 1998.

VEERKAMP, R.F.; GODDARD, M.E. Covariance functions across herd production levels for test day records on milk, fat and protein yields. **Journal Dairy Science**, v.81, p.1690-1701, 1998.

WILMINK, J. B. M. Efficiency of selection for different cumulative milk, fat and protein yields in first lactation. **Livestock Production Science**, Amsterdam v.17, n.1, p.211-224, 1987.

WOOD, P.D.P. Algebraic model of lactation curve in cattle. **Nature**, v.216, n.5111, p.164-165. 1967.

WOOD, P.D.P. Breed variation in the shape of the lactation curve of cattle and their implications for efficiency. **Journal of Animal Production**, v.34, p.133-141, 1980.

## **CAPÍTULO 2 – ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE ACUMULADA DE VACAS DA RAÇA GIR EM DIFERENTES IDADES USANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA E DE REPETIBILIDADE**

**RESUMO** - Objetivou-se estimar parâmetros genéticos para produção de leite acumulada até os 305 dias em diferentes idades, empregado o modelo de repetibilidade (REP) e modelos de regressão aleatória (MRA). As produções de leite acumuladas em até 305 dias de lactação (P305) foram analisadas utilizando informações de 6.004 lactações pertencentes a 2.284 vacas da raça Gir, nascidas entre os anos de 1979 e 2005. Como efeitos fixos foram considerados os grupos de contemporâneas (GC) compostos por rebanho, ano e estação de parto e, como covariável, a idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático). Foram consideradas medidas de vacas com no mínimo duas lactações e com idades ao parto entre os três e os dez anos. Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita. Os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados usando o modelo REP e MRA sobre polinômios ortogonais de Legendre. Para o efeito aleatório do resíduo foi considerada uma estrutura de quatro classes de variâncias heterogêneas. Com base nos critérios de comparação AIC e BIC (definir AIC y BIC), o modelo contendo ordem de ajuste três, para ambos os efeitos aleatórios (genético aditivo e de ambiente permanente), com quatro classes de variâncias residuais, foi o que promoveu o melhor ajuste aos dados de produção de leite ao longo da vida produtiva. As estimativas das variâncias genéticas aditivas foram maiores entre os 5 e 8 anos de idade da vaca ao parto e menores nas primeiras e últimas idades. As estimativas de herdabilidade variaram entre 0,12 e 0,33, enquanto que para o modelo REP essa estimativa foi de 0,25. As correlações genéticas estimadas entre as P305 em diferentes idades, pelos MRA foram todas superiores a 0,84 mostrando-se maiores entre as idades mais próximas. As correlações de Spearman entre os valores genéticos estimados e as porcentagens de touros coincidentes entre os 5% melhores touros com maior valor genético entre o modelo REP e o MRA foram de alta magnitude. Os resultados indicam haver pouca variação na classificação dos touros

independente do modelo adotado. As estimativas das correlações genéticas indicam que as produções de leite em diferentes idades podem ser analisadas como a mesma característica.

**Palavras - chaves:** componentes de variância, Gir Leiteiro, polinômios ortogonais de Legendre

## INTRODUÇÃO

A produção de leite é uma característica que pode ser registrada várias vezes durante a vida de um animal. Desta maneira, as várias lactações de uma vaca ao longo da vida produtiva podem ser consideradas como observações repetidas da mesma característica, em épocas diferentes sob efeitos ambientais que mudam ao longo da vida. A análise deste tipo de característica merece tratamento estatístico especial, uma vez que existe um padrão de covariâncias bem estruturado entre as medidas. Vários estudos têm abordado diferentes modelos para a análise da produção de leite, entre eles, modelos unicaracterísticas, de repetibilidade ou multicaracterísticas usando a produção de leite acumulada até os 305 dias e as produções de leite no dia do controle (SUZUKI & VAN VLECK, 1994; GARCIA - CORTÉS et al., 1995; MEYER, 2004; COBUCCI et al., 2011).

SESANA (2008) relatou a existência de heterogeneidade de variâncias entre as produções de leite em diferentes lactações. Neste sentido um modelo multicaracterística poderia ser utilizado no intuito de considerar a heterogeneidade das variâncias e a estimação de correlações genéticas entre as várias medidas de produção de leite ao longo da vida dos indivíduos (MEYER & HILL, 1997). Assim, uma matriz de covariâncias não estruturada pode ser utilizada levando em consideração um número de características iguais ao número das diferentes medidas. Outra opção seria usar os modelos de regressão aleatória (MRA) empregando polinômios de Legendre que têm sido amplamente utilizados para modelar dados longitudinais.

Os MRA têm sido os mais indicados para analisar medidas repetidas, uma vez que estes permitem descrever as mudanças graduais das covariâncias entre as várias medidas, possibilitando estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para a produção de leite acumulada até os 305 dias, incluindo múltiplas partições (SUZUKI & VAN VLECK, 1994; POWELL & NORMAN, 2006), além de aumentar as acurácias das estimativas dos valores genéticos, comparado com modelos multicaracterísticos tradicionais (TIER & MEYER, 2004; ALBUQUERQUE et al., 2010; BOLIGON et al., 2011). Além disso, têm a capacidade de combinar as informações de características que estão correlacionadas, para predizer o mérito genético dos animais para

várias características ao mesmo tempo, como ocorre no caso da produção de leite na lactação, considerando as diferentes medidas como produto da expressão do mesmo grupo de genes através da vida produtiva (TIER & MEYER, 2004).

ALBUQUERQUE et al. (1996) usando modelo animal em análises multicaracterísticas para a produção de leite ajustada até os 305 dias, por meio de máxima verossimilhança restrita, estimaram herdabilidades variando entre 0,31 e 0,35 para as P305 das três primeiras lactações na raça Holandesa, sendo maiores para as produções da primeira e menores para as produções da terceira lactação. As estimativas das correlações genéticas nesse estudo foram de altas magnitudes, variando entre 0,81 e 0,97, sendo menores entre as produções da primeira e a terceira lactações e maiores entre as produções da segunda e terceira lactações, o que também foi verificado por GUO et al. (2002); YANG et al. (2005) e COBUCCI et al. (2011) nessa raça. FREITAS et al. (2001), também na raça Holandesa, estimaram parâmetros genéticos para a P305 nas três primeiras lactações, usando análises bicaracterísticas e encontraram estimativas de herdabilidade de 0,16, 0,17 e 0,16, respectivamente, no primeiro, segundo e terceiro partos. As estimativas das correlações genéticas foram de 0,87, 1,00 e 0,82, entre as P305 do primeiro e do segundo, do primeiro e terceiro e do segundo e terceiro parto, respectivamente. Trabalhos como os anteriormente mencionados não foram encontrados na raça Gir.

O objetivo do presente estudo foi estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para a produção de leite acumulada até 305 dias em diferentes idades de vacas Gir, usando modelos de regressão aleatória e de repetibilidade, visando a utilização destes modelos nas avaliações genéticas para produção de leite nessa raça.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

Os dados analisados no presente estudo são provenientes de registros produtivos de 57 rebanhos da raça Gir leiteira que fazem parte do banco de dados mantido pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). As lactações foram truncadas aos 305 dias sendo que vacas com registros de

idade ao primeiro parto menor a 24 e maior a 60 meses, lactações inferiores a 90 dias, produções totais de leite superiores ou inferiores a 3,5 desvios padrões em relação à média do GC, além de GC com menos de três observações foram excluídos das análises. Dados de fêmeas com ambos os pais desconhecidos, com idade inferior a 3 e superior a 10 anos e com menos de duas lactações, além de lactações com o primeiro controle mensurado após os 45 dias de lactação, também foram eliminadas. Após a consistência dos dados restaram 6.004 lactações de 2.284 vacas (Tabela 1). O arquivo de genealogia foi composto por 7.742 animais (Tabela 1). A distribuição dos animais em cada classe de idade ao parto, bem como a média de produção, desvio padrão e coeficiente de variação da produção de leite total em cada idade está apresentada na Tabela 2.

Os parâmetros genéticos para a produção acumulada até os 305 dias de lactação (P305) foram estimados por meio de modelos de repetibilidade padrão e modelos de regressão aleatória em análises unicaracterísticas. Para ambos os modelos, foram considerados como efeitos fixos o grupo de contemporâneas (GC) composto por rebanho, ano de parto e estação de parto (1: abril a setembro e 2: outubro a março) e a idade da vaca ao parto em anos, como covariável (trajetória fixa de ordem cúbica). Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita, usando um algoritmo livre de derivadas, disponível no pacote WOMBAT (MEYER, 2007).

**Tabela 1.** Informações contidas no arquivo de dados, com os respectivos números de observações ou número de registros de produção de leite acumulada até os 305 dias (N).

Informação	N
Animais no arquivo de genealogia	7.742
Fêmeas com registro de Produção de leite	2.284
Fêmeas com dois registros de produção de leite	1.348
Fêmeas com três registros de produção de leite	600
Fêmeas com quatro registros de produção de leite	212
Fêmeas com cinco ou mais registros de produção de leite	124
Touros no arquivo de genealogia	1.092
Touros com progênes fêmeas com registros de produção de leite	474
Vacas no arquivo de genealogia	3.145
Vacas com progênes fêmeas com registros de produção de leite	1.570
Grupos de contemporâneas	893

O modelo de repetibilidade pode ser descrito como:

$$y_{ij} = F + \sum_{n=1}^2 b_n x_{ij} + a_{ij} + ap_{ij} + e_{ij}$$

em que:  $y_{ij}$  = produção de leite acumulada até os 305 dias, da  $i$ -ésima idade, pertencente ao  $j$ -ésimo animal;

$F$  = efeito fixo de grupo de contemporâneas;

$b_1$  e  $b_2$  = coeficientes de regressão para os efeitos linear e quadrático da idade  $x_i$  da vaca ao parto, em anos;

$a_{ij}$  = efeito genético aditivo da vaca pertencente à  $i$ -ésima idade;

$ap_{ij}$  = efeito de ambiente permanente da vaca pertencente à  $i$ -ésima idade;

$e_{ij}$  = erro associado a cada observação.

O modelo é baseado nas seguintes pressuposições:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ ap \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{Var} \begin{bmatrix} a \\ ap \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma^2 a & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma^2 ap & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma^2 e \end{bmatrix}$$

Em que  $\sigma^2 a$ ,  $\sigma^2 ap$  e  $\sigma^2 e$  são as variâncias dos efeitos aleatórios genéticos aditivos, de ambiente permanente e residual, respectivamente;  $A$  é a matriz de parentesco, e  $I$  uma matriz identidade.

O modelo de regressão aleatória pode ser descrito como:

$$y_{ij} = F + \sum_{n=1}^2 b_n x_{ij} + \sum_{m=0}^{k_b-1} \beta_m \phi_m(t_i) + \sum_{m=0}^{k_a-1} a_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_{ap}-1} \gamma_m \phi_m(t_{ij}) + e_{ij}$$

em que:  $y_{ij}$  = produção de leite acumulada até os 305 dias, da  $i$ -ésima idade, pertencente ao  $j$ -ésimo animal;

$F$  = efeito fixo de grupo de contemporâneas;

$b_1$  e  $b_2$  = coeficientes de regressão para os efeitos linear e quadrático da idade  $x_i$  da vaca ao parto, em anos;

$\beta_m$  = conjunto de  $m$  regressores fixos para a curva média da população;

$\phi_m(t_i)$  = função de regressão de ordem  $k_b$ , que descreve a curva média da população de acordo com a idade ( $t_i$ ) (modelada por meio de polinômios ortogonais de Legendre de terceira ordem);

$\phi_m(t_{ij})$  = funções de regressão, que descrevem as trajetórias de cada indivíduo  $j$ , de acordo com a idade ( $t_i$ ), para os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente;

$a_{jm}$  e  $\gamma_{jm}$  = são os  $m$  regressores aleatórios genéticos aditivos e de ambiente permanente, respectivamente para cada animal  $j$ ;

$K_b$ ,  $K_a$  e  $K_{ap}$  = são as ordens dos polinômios para descrever a curva média e os efeitos genético aditivo e permanente de ambiente, respectivamente;

$e_{ij}$  = erro aleatório associado a cada idade  $i$  do animal  $j$ ;

O modelo é baseado nas seguintes pressuposições:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ ap \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{ var} \begin{bmatrix} a \\ ap \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & K_{ap} \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

Em que  $K_a$  e  $K_{ap}$  são matrizes de covariância entre os coeficientes de regressão aleatória para os efeitos aditivo e de ambiente permanente, respectivamente;  $A$  é a matriz de parentesco;  $I$  é uma matriz identidade;  $\otimes$  é o produto Kronecker entre as matrizes e  $R$  é uma matriz bloco diagonal, contendo as variâncias residuais, assumindo independência dos resíduos.

Com exceção do modelo de repetibilidade, o efeito aleatório genético aditivo foi modelado por meio de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre da idade da vaca ao parto de ordem três e para o efeito de ambiente permanente, com ordens variando de três a cinco. Para o efeito aleatório do resíduo foram consideradas variâncias heterogêneas com três, quatro ou oito classes de variâncias, sendo a de quatro variâncias a que melhor se ajustou à estrutura dos dados, com base nos critérios de comparação de AIC e BIC. A estrutura com três classes de variâncias apresentou problemas de convergência. O agrupamento em quatro classes foi realizado em função da semelhança entre as estimativas de variâncias residuais para os modelos contendo oito classes, da seguinte maneira: 3, 4-6, 7 e 8-10 anos de idade.

Os critérios usados para comparar os MRA foram: Critério de Informação Akaike (AIC)

$$AIC = -2\log L + 2p$$

Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC)

$$BIC = -2\log L + p \log (N - r)$$

em que,

$p$  refere-se ao número de parâmetros do modelo,

$N$  é o número total de observações,

$\log(n)$  é o logaritmo natural do número total de observações

$r$  é o posto da matriz de coeficientes para os efeitos fixos, e

$\log L$  é a função de máxima verossimilhança restrita.

Ambos os critérios possibilitam a comparação entre modelos que não são aninhados e penalizam modelos que contêm maior número de parâmetros, sendo BIC aquele mais rigoroso na penalidade. Menores valores de *AIC* e *BIC* indicam melhor ajuste.

Para o modelo de repetibilidade, as trajetórias aleatórias foram modeladas por meio de uma função contendo apenas o intercepto e o resíduo foi considerado homogêneo.

Os valores genéticos foram preditos para a produção de leite acumulada até os 305 dias (P305) para cada idade.

A equação utilizada na estimativa dos valores genéticos pode ser descrita por:

$$VG_{ij} = VG_{0(i)} + VG_{1(i)}X_{(i)} + \dots + VG_{m(i)}X_j^m,$$

em que:  $VG_i$  são os valores genéticos do intercepto ( $i=0$ ) até o  $m$ -ésimo coeficiente de regressão, dada a ordem da função de covariâncias usada para descrever o efeito genético aditivo, pertencentes ao  $j$ -ésimo animal, e  $X(i)$ , a  $i$ -ésima idade.

Posteriormente foi estimada a correlação de posição (correlação de Spearman) e a porcentagem de touros coincidentes entre os 5% melhores touros com base no valor genético para P305 pelo modelo de repetibilidade e pelo MRA.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A produção média de leite acumulada até os 305 dias (P305) teve incremento com o aumento da idade da vaca ao parto até sete anos de idade, decrescendo para as vacas de oito anos. O pico de produção de leite observado aos sete anos pode ter ocorrido pelo fato de algumas vacas entrarem em reprodução mais tarde. O aumento da produção de leite observado aos 9 e 10 anos pode ser explicado, provavelmente, pelo fato das vacas consideradas pelos criadores como as mais produtivas, terem permanecido por mais tempo no rebanho (Tabela 2). Este aumento de produção ao longo da idade ao parto também foi observado por REBOUÇAS et al. (2008), em um estudo na raça Gir. Estudos com outras raças têm mostrado aumento da produção de leite de acordo com o aumento da idade quando consideradas várias ordens de parto, sendo que a partir do 5º parto a produção de leite começa decrescer (GUO et al., 2002; YANG et al., 2005).

**Tabela 2.** Número de observações (N), Média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV) para a produção de leite acumulada até os 305 dias (P305) de vacas da raça Gir com idade ao parto entre os 3 e 10 anos.

<b>P305</b>				
<b>Idade (anos)</b>	<b>N</b>	<b>Média (kg)</b>	<b>DP (kg)</b>	<b>CV</b>
<b>3</b>	706	2.582,80	1.164,16	33,90
<b>4</b>	1022	2.602,40	1.092,70	31,80
<b>5</b>	1096	2.752,30	1.178,40	30,20
<b>6</b>	978	2.814,60	1.186,26	30,00
<b>7</b>	800	2.911,80	1.178,60	29,50
<b>8</b>	629	2.881,70	1.141,50	29,70
<b>9</b>	448	2.934,30	1.153,10	29,20
<b>10</b>	325	2.989,50	1.146,50	28,20

A duração da lactação média nas diferentes idades ao parto consideradas neste estudo variaram entre 284 e 291 dias, valores similares a outros estudos (VERNEQUE, 1982; MAGNABOSCO et al., 1993; MELO et al., 2000). A produção de leite acumulada até os 305 dias (P305) foi estimada com base nas produções de leite no dia do controle, sendo que para vacas com duração da lactação menor a 305 dias, a P305 foi igual a produção de leite total na lactação. O número médio de partos por vaca foi de 2,6 com intervalo de partos médio de 444 dias. Resultados similares para o intervalo de partos para a mesma raça também foram observados por BALIEIRO et al. (1999).

A função de máxima verossimilhança apresentou melhoria com o aumento do número de parâmetros para o efeito de ambiente permanente (Tabela 3), o que também foi constatado por EL FARO et al. (2007). O modelo de repetibilidade promoveu ajuste inferior aos outros modelos com base em todos os critérios de comparação de modelos utilizados o que sugere a necessidade de se considerar uma estrutura de variâncias heterogêneas para os efeitos aleatórios.

**Tabela 3.** Número de parâmetros (NP), função de máxima verossimilhança (Log L), critério de informação Akaike (AIC) e critério de informação Bayesiano (BIC) para o modelo de repetibilidade (111) e os modelos de regressão aleatória considerando ordens de polinômios de 3 para o efeito aditivo, variando entre 3 e 5 para o efeito de ambiente permanente e com 4 classes de variâncias residuais.

Modelo	NP	Log L	AIC	BIC
111	3	-37492,915	-74991,830	-75011,446
334	16	-37406,034	<b>-74844,068</b>	<b>-74948,684</b>
344	20	-37405,447	-74850,894	-74981,664
354	25	-37403,152	-74856,304	-75019,768

\*Valores em negrito indicam melhor ajuste

Segundo os critérios de Informação Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), o modelo com polinômios de ordens 3 para o efeito genético aditivo, 3 para o efeito de ambiente permanente e 4 classes de variâncias residuais, foi aquele que proporcionou o melhor ajuste, fato pelo qual a discussão será feita utilizando os resultados obtidos com este modelo (MRA334) e comparado com os resultados do modelo de repetibilidade (REP). A discussão referente aos parâmetros genéticos será feita principalmente com base nos resultados dos poucos trabalhos que tem sido realizados utilizando MRA na descrição de P305 em diferentes idades, especificamente nas raças Jersey (GUO et al., 2002), Simmental (YANG et al., 2005), Gir (EL FARO et al., 2007) e em Búfalas (SESANA, 2008).

As variâncias genéticas aditivas, de ambiente permanente, residuais e fenotípicas estimadas pelo modelo REP (Figura 1), são semelhantes às reportadas por EL FARO et al. (2007). As variâncias fenotípicas estimadas com o modelo 334 decresceram dos 3 aos 4 anos de idade para depois apresentarem aumento constante até o 7<sup>o</sup> ano de idade com posterior queda da estimativa até o 8<sup>o</sup> ano (Figura 1); logo, a estimativa de variância fenotípica apresentou novo aumento até o 10<sup>o</sup> ano. GUO et al. (2002) também observaram aumento da variância fenotípica para a P305 com o aumento de ordem de parto. Comportamento diferente nas primeiras duas e nas últimas duas idades foi observado por SESANA (2008), em bubalinos, sendo que nesse estudo as variâncias fenotípicas apresentaram aumento constante até o ano 8 para depois decrescer. O aumento da variância fenotípica nas últimas idades pode ser explicado pelo trabalho de descarte que é feito nas fazendas

ao longo da vida produtiva das vacas, além da diferença no manejo dos animais entre as fazendas, o que faz com que a diferença no nível de produção seja mais evidente nestas idades, entre os rebanhos.

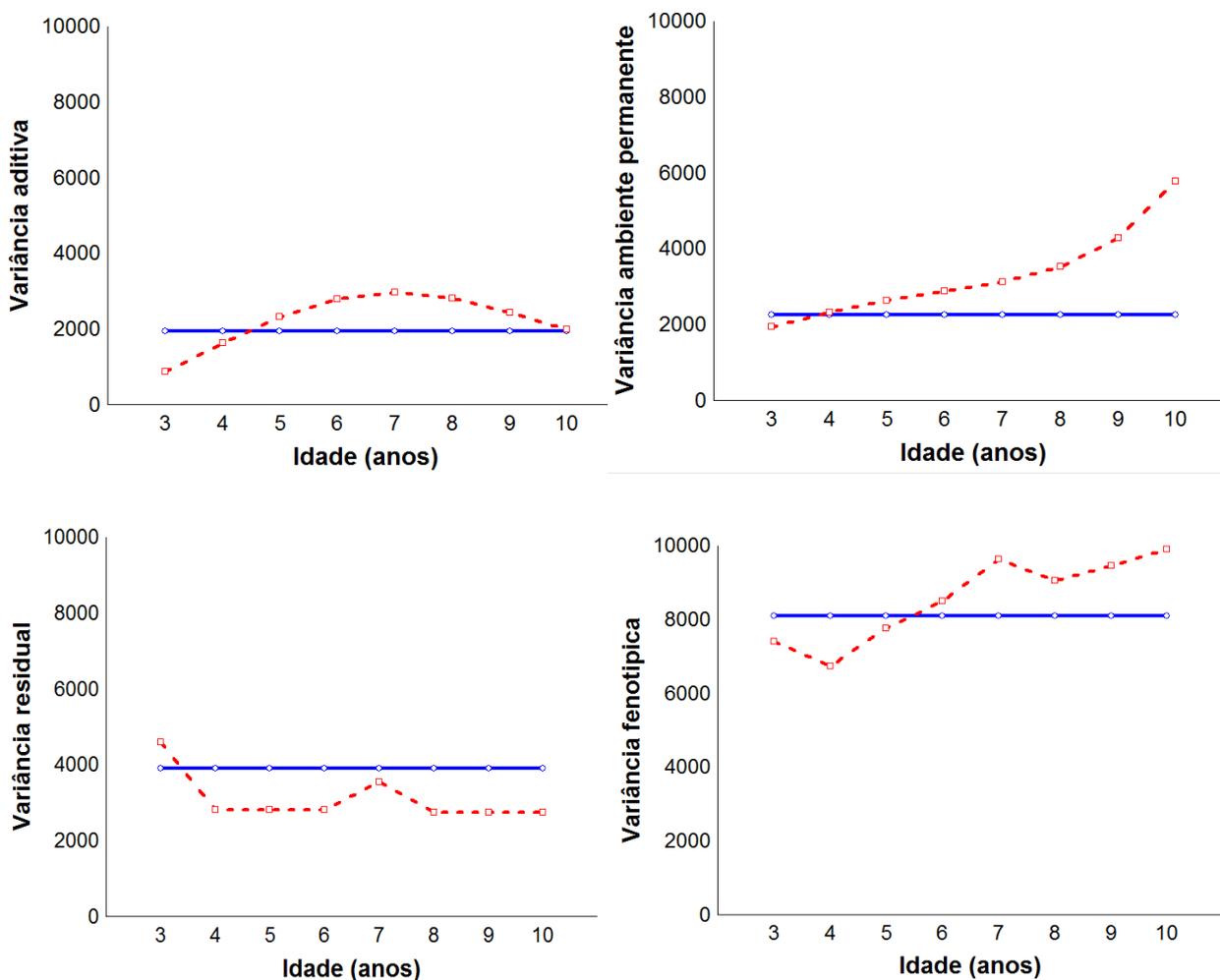
As variâncias genéticas aditivas foram menores no início e aumentaram até os 7 anos de idade (Figura 1) para depois decrescer até os 10 anos, resultado similar ao observado por EL FARO et al. (2007) na raça Gir e diferente do observado por SESANA (2008) em búfalas, que reportou aumento constante das estimativas de variâncias aditivas ao longo da idade.

As variâncias de ambiente permanente estimadas (Figura 1), aumentaram dos 3 aos 10 anos. Esse resultado difere do reportado por EL FARO et al. (2007) que observaram aumento das estimativas do 3° ao 7° ano com diminuição das mesmas até o 12° ano e novo incremento até o 14° ano, e de SESANA (2008) que observou comportamento estável ao longo das idades.

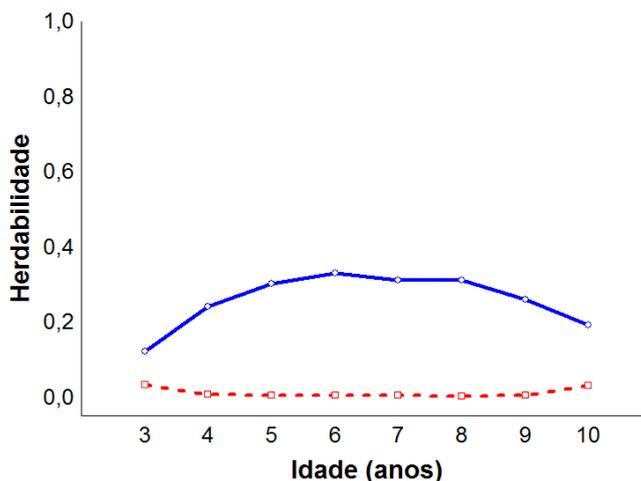
A herdabilidade estimada com o modelo de REP foi de 0,25, similar ao reportado por VERNEQUE et al. (2000), LEDIC et al. (2002) e EL FARO et al. (2007), para a raça Gir, utilizando o mesmo tipo de modelo. As estimativas obtidas com MRA334 variaram de 0,12 a 0,33 e aumentaram dos três aos seis anos de idade para depois decrescerem até os 10 anos (Figura 2). Esta tendência foi similar à encontrada por GUO et al. (2002) e YANG et al. (2005), mas diferente ao reportado por SESANA (2008) que encontrou maiores estimativas para as primeiras e para as últimas idades, e de EL FARO et al. (2007), que observaram maiores estimativas nas primeiras e menores nas últimas idades consideradas nesse estudo.

A tendência das estimativas de herdabilidade encontrada no presente estudo para as primeiras ordens de parto, difere da maioria de trabalhos, os quais têm reportado maiores estimativas para as primeiras idades ao parto na raça Holandesa (ALBUQUERQUE et al, 1996) e na raça Gir (COBUCCI et al., 2011). Os autores comentaram a existência de maior variabilidade genética entre os animais para as primeiras idades ao parto, pelo fato de ainda não estar presente o efeito da seleção. Entretanto, para o Gir, os primeiros partos ocorrem em várias idades devido às diferenças no manejo das novilhas praticado pelos criadores, com relação ao primeiro serviço. Os erros padrão das estimativas de herdabilidade estimados com o MRA334 em diferentes

idades foram maiores no início e no final das idades devido ao menor número de observações (Figura 2).



**Figura 1.** Estimativas das variâncias aditiva, de ambiente permanente, residual e fenotípica obtidas com o uso do modelo de repetibilidade (—○—) e com oMRA334 (—□—).

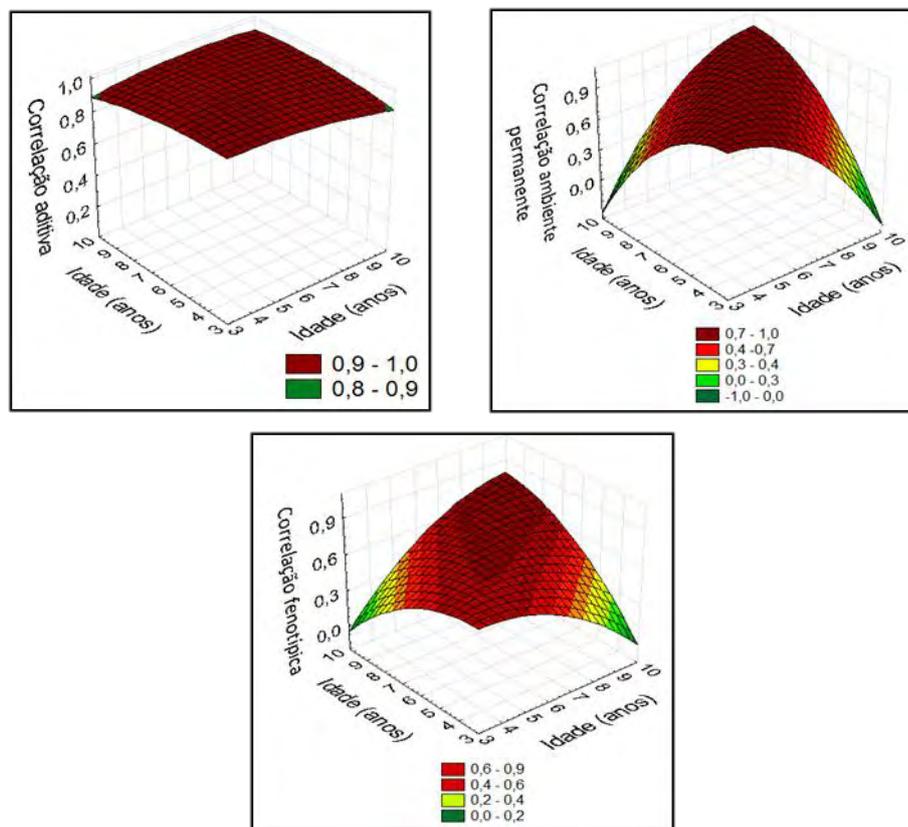


**Figura 2.** Estimativas de herdabilidade (—○—) e os respectivos erros padrão (EP) (---□---) estimadas com o MRA334.

As estimativas de correlações genéticas, de ambiente permanente e fenotípicas entre as P305 nas diferentes idades estimadas com o MRA334 podem ser observadas na Figura 3. As correlações genéticas foram todas superiores a 0,84, sendo maiores entre as idades mais próximas. Estas estimativas foram superiores às encontradas por EL FARO et al. (2007) e GUO et al. (2002), no entanto, semelhantes às reportadas por YANG et al. (2005) e SESANA (2008). O fato de existirem correlações maiores que 0,80 indica que a P305 na diferentes idades pode ser considerada como a mesma característica e que o modelo REP é adequado para avaliação genética da P305 considerando várias lactações, diferente ao comentado por vários autores (ALBUQUERQUE et al., 1996; MARION et al., 2000; GUO et al., 2002; SESANA, 2008), que reportaram que a utilização deste modelo na avaliação genética da P305 não considera o comportamento diferenciado que têm os parâmetros genéticos ao longo da vida produtiva, o que leva a erros nas estimativas dos parâmetros e diminuição da acurácia das estimativas.

As correlações de ambiente permanente variaram entre -0,25 e 0,97 sendo que a única estimativa com valor negativo foi encontrada entre os 3 e os 10 anos de idade e próximas de zero entre 3 e os 9 anos de idade ao parto. Entretanto, as correlações fenotípicas foram todas positivas e variaram entre 0,005 e 0,69, sendo maiores entre as idades de 8 e 9 anos e menores entre os 3 e os 10 anos, possivelmente devido ao fato do menor número de observações nessas idades. Estimativas similares para as correlações fenotípicas foram encontrados por GUO et al. (2002), enquanto que nos

trabalhos de YANG et al. (2005) e SESANA (2008) as estimativas de menor magnitude foram de 0,59 e 0,43 respectivamente.



**Figura 3.** Estimativas de correlações obtidas com o modeloMRA334.

As médias dos valores genéticos variaram entre 59,00 (3 anos de idade) e 109,15 (sete anos de idade), sendo maiores entre os 6 e os 8 anos, idades em que se espera que as vacas expressem o seu potencial genético máximo para produção de leite. Entretanto, existe uma grande amplitude entre os valores mínimos e máximos para os valores genéticos estimados, sendo maior essa amplitude nas primeiras duas (variando de -609,93 até 1.047 e de -849 até 1.446, respectivamente) e na última idade consideradas (variando de -829 até 1.396). O mesmo comportamento foi observado por SESANA (2008), embora com menores diferenças. O autor comentou que esta grande diferença pode ser devido ao fato de existirem diferentes níveis de seleção praticados pelos diferentes rebanhos de búfalas estudados, o que pode acontecer também na raça Gir.

As correlações de Spearman entre os valores genéticos estimados para os touros com, no mínimo, 5 filhas com registros de produção de leite, nas

idades dos 3 aos 9 anos pelo MRA334, foram todas iguais ou muito próximas de 1, o que sugere que animais com maiores valores genéticos no início da vida produtiva são aqueles que também vão apresentar maiores valores genéticos ao longo da idade. As correlações entre os valores genéticos de vacas com 10 anos e as de demais idades variaram entre 0,98 e 1,00. Entretanto, as correlações de Spearman entre os valores genéticos estimados com o modelo REP e os estimados pelo MRA334 foram de 0,98, com exceção das encontradas com as idades dos 5 e 6 anos que foram de 0,97, indicando que a avaliação genética realizada com o MRA não acarreta grandes mudanças nas estimativas obtidas pelo modelo REP. SESANA (2008) relatou aumento nas correlações de ordem quando foram considerados os valores genéticos de touros com mais de 5 filhas, no entanto, uma diminuição das correlações com o aumento da intensidade de seleção, como comentado por alguns autores (FERREIRA et al., 2003; SESANA, 2008).

As porcentagens de touros coincidentes entre os 5% melhores touros para P305 pelo MRA334 com no mínimo 5 filhas com registros de produção de leite nas diferentes idades, foram iguais a 100% a exceção do 10º ano com as demais idades, que foi de 83%. As mesmas porcentagens de coincidência foram observadas para a P305 entre o modelo REP e as idades. Estes resultados indicam não haver mudanças importantes na classificação dos touros quando se utilizam como critério de seleção qualquer das idades até os nove anos pelo MRA334 ou pelo modelo REP.

## **CONCLUSÕES**

As estimativas das correlações genéticas da alta magnitude, as altas correlações de posto entre os valores genéticos e as altas coincidências na posição no ranking dos animais, encontradas entre os modelos de regressão aleatória nas diferentes idades e pelo modelo de repetibilidade, indicam que a P305 nas diferentes idades pode ser considerada como a mesma característica.

O modelo de repetibilidade é adequado para se fazer avaliação genética para a produção de leite acumulada até os 305 dias na raça Gir ao longo da vida produtiva.

## REFERÊNCIAS

ALBUQUERQUE, L. G.; KEOWN, J. F.; VLECK, L. D. V. Genetic Parameters of Milk, Fat, and Protein Yields in the first three lactations, using an animal model and Restricted Maximum Likelihood. **Brazilian Journal of Genetics**, v.19, n.1, p.79-86, 1996.

ALBUQUERQUE, L. G.; BOLIGON, A. A.; BALDI, F.; et al. Breeding values accuracy for growth traits using random regression and multi-trait models in Nelore cattle. In: 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2010, Leipzig. Proceedings of 9th World Congress on Genetics Applied to livestock Production. Leipzig : German Society of Animal Science, 2010.

BALIEIRO, E. S.; PEREIRA, J. C. C.; VERNEQUE, R. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e de tendência fenotípica, genética e de ambiente de algumas características reprodutivas na raça gir. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.51, n.4, p.371-376, 1999.

BOLIGON, A. A.; BALDI, F.; MERCADANTE, M. E. Z. et al. Breeding value accuracy estimates for growth traits using random regression and multi-trait models in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Researchs**, v.10, n.2, p.1227-1236, 2011.

COBUCI, J. A.; COSTA, C. N.; NETO, J. B. et al. Genetic parameters for milk production by using random regression models with different alternatives of fixed regression modeling. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.3, p.557-567, 2011.

EL FARO, L., ALBUQUERQUE, L. G.; MACHADO, C. H. C. Estudo da variabilidade genética da produção de leite em diferentes idades. In: REUNIÓN ALPA – ASOCIACION LATINOAMERICANA DE PRODUCCION ANIMAL, 20, 2007, Cusco. **Anais...** Cusco: REUNIÓN ALPA, 2007, CD-ROM.

FERREIRA, W. J.; TEIXEIRA, N. M.; EUCLYDES, R. F. Avaliação genética de bovinos da raça holandesa usando a produção de leite no dia do controle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.32, n.2, p.295-303, 2003.

FREITAS, A. F.; DURAES, M. C.; VALENTE, J. et al. Parâmetros genéticos para produções de leite e gordura nas três primeiras lactações de vacas holandesas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.3, p.709-713, 2001.

GARCÍA-CORTÉS, L. A., C. MORENO, L. VARONA, M. RICO.; et al. (Co)variance component estimation of yield traits between different lactations using an animal model. **Livestock Production Science**, v.43, p.111-117, 1995.

GUO, Z.; LUND, M. S.; MADSEN, P. et al. Genetic parameter estimation for milk yield over multiple parities and various lengths of lactation in Danish Jerseys by Random Regression Models. **Journal of Dairy Science**, v. 85, p.1596-1606, 2002.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. & WEIGEL, K.A. Estimates of genetic parameters for single- and multiple-country test-day models. **Journal of Dairy Science**, v.85, p.3131-3141, 2002.

LEDIC, I. L.; TONHATI, H.; VERNEQUE, R. S. et al. Estimativa de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientes para as produções de leite no dia do controle e em 305 dias de lactação de vacas da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, 2002.

MAGNABOSCO, C.U.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. et al. Estimate of genetic change in milk yield in a Gyr herd in Brazil. **Revista Brasileira de Genética**, v.16, p.957-965, 1993.

MARION, A.E.; RORATO, P. R. N.; FERREIRA, G. B. et al. Estudo da heterogeneidade das variâncias para as características produtivas de rebanhos da raça Holandesa no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.6, p.1995-2001, 2000.

MELO, C. M.R.; OLIVEIRA, A.I.G.; MARTINEZ, M.L. et al. Avaliação genética de touros usando produção em lactações completas ou parciais projetadas. 1. Estimativa de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.3, p.707-714, 2000.

MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.47, p.185– 200, 1997.

MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.68–83, 2004.

MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. **Journal of Zhejiang University SCIENCE B**, v.8, p.815-821, 2007.

POWELL, R. L.; NORMAN H. D. Major advances in genetic evaluation techniques. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.1337-1348, 2006.

REBOUÇAS, G. F.; GONÇALVES, T. M.; MARTINEZ, M. L.; et al. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n7, p.1222-1229, 2008.

SANTOS, D.J.A. **Diferentes abordagens para modelar a produção de leite de bovinos da raça Guzerá**. 2011. 141f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias /Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

SESANA, R. C. **Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite em búfalas por modelos de repetibilidade, multicaracterística e de regressão aleatória**. 2008. 61f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal 2008.

STRABEL, T. & JAMROZIK, J. Genetic Analysis of Milk Production Traits of Polish Black and White Cattle Using Large-Scale Random Regression Test-Day Models. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.3152-3163, 2006.

SUZUKI, M., VAN VLECK, L.D. Heritability and repeatability for milk production traits of Japanese Holsteins from animal model. **Journal of Dairy Science**, v.77, p.583-588, 1994.

TIER, B.; MEYER, K. Approximating prediction error covariances among additive genetic effects within animals in multiple-trait and random regression models. **Journal Animal Breeding and Genetics**, v.121, p.77-89, 2004.

VERNEQUE, R.S. **Fatores genéticos e meio em características produtivas e reprodutivas de um rebanho Gir Leiteiro**. 1982. 93f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa 1982.

VERNEQUE, R.S.; MARTINEZ, M.L.; TEODORO, R.L. Avaliação genética de vacas e touros da raça Gir com base na produção de leite em diferentes estágios da lactação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.1060-1066, 2000.

YANG, R. Q.; REN, H. Y. ; SCHAEFFER, L.R. et al. Estimation of genetic parameters for lactacional milk yields using two-dimensional random regressions on parities and days in milk in Chinese Simmental cattle. **Journal Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.49-55, 2005.

### **CAPITULO 3 - ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE DE VACAS DA RAÇA GIR EMPREGANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA BI-CARACTERÍSTICAS**

**RESUMO** - O presente estudo foi conduzido com o objetivo de estimar componentes de variância para as produções no dia do controle das duas primeiras lactações de vacas da raça Gir usando um modelo de regressão aleatória (MRA) em análises bi-características. Foram utilizadas 7.118 lactações de 5.853 vacas nascidas entre 1979 e 2007, com partos registrados entre 1983 e 2009, pertencentes a 238 rebanhos. Para modelar a produção de leite no dia do controle (PLDC) nas duas lactações, foram considerados modelos de regressão aleatória considerando os efeitos genético aditivo, de ambiente permanente e residual como aleatórios e o grupo de contemporâneas (GC) como efeito sistemático. Como covariável foi considerada a idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático), além das trajetórias médias da lactação dentro de ordem de parto, empregando regressão fixa da produção de leite no dia do controle sobre polinômios de Legendre de quarta ordem. Os componentes de (co)variância para as produções de leite mensais das duas lactações foram estimados por meio de inferência bayesiana. As estimativas médias de herdabilidade para as PLDC variaram de 0,24 a 0,38 e de 0,29 a 0,41 na primeira e segunda lactação, respectivamente. Um incremento inesperado destas estimativas foi observado nas últimas duas PLDC da segunda lactação. As estimativas das correlações genéticas entre as PLDC em cada uma das duas lactações variaram entre 0,35 e 0,99. As menores estimativas foram encontradas entre as produções do 1° e 10° controles e as maiores entre o 4° e o 5° controle, dentro de cada lactação. As correlações de ambiente permanente apresentaram variação semelhante para cada lactação, com maiores magnitudes na segunda lactação. As estimativas das correlações genéticas entre as PLDC 1, 5 e 10 com todos os controles das duas lactações foram positivas, sendo maiores com os controles adjacentes dentro da primeira lactação e entre controles de ordem equivalente entre lactações. O MRA fazendo uso das PLDC em análises bi-características permite a estimação dos parâmetros genéticos considerando a estrutura de variâncias e covariâncias existente entre os diferentes pontos das trajetórias das duas lactações. A

seleção com base nas PLDC do meio da primeira lactação aparece como uma estratégia de seleção importante para incrementar a produção de leite ao longo da lactação e mudar o formato da curva da lactação das duas primeiras lactações na raça Gir.

**Palavras-chave:** curva da lactação, funções de covariância, polinômios de Legendre, produção de leite no dia do controle

## INTRODUÇÃO

Na maioria de programas de melhoramento genético no Brasil, a avaliação genética da produção de leite está baseada na produção acumulada até os 305 dias, empregando modelos de repetibilidade, os quais não consideram adequadamente os efeitos ambientais que influenciam a produção de leite nas diferentes fases da lactação e nas diferentes ordens de parto.

Os modelos de regressão aleatória (MRA) são considerados como os mais adequados para descrever a mudança das (co)variâncias de medidas repetidas tomadas ao longo da vida de um animal, como é a produção de leite mensurada mensalmente (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997). Estes modelos pressupõem que todos os registros produtivos do mesmo animal referem-se a uma mesma característica (KIRKPATRICK et al, 1994), mas são consideradas as diferenças ambientais nas distintas medidas, o que permite estimar a trajetória da característica ao longo do tempo para cada animal como desvio de uma curva fixa estimada na população.

De maneira geral, para modelar as trajetórias aleatórias para os efeitos aditivos e de ambiente permanente, bem como a trajetória fixa, nos MRA tem-se empregado polinômios ortogonais de Legendre, os quais têm mostrado melhores propriedades de convergência que modelos empregando outras funções (POOL et al., 2000; SCHAEFFER, 2008).

Estudos aplicando MRA e polinômios de Legendre têm sugerido que polinômios contendo pelo menos três coeficientes, ou seja, de ordem quadrática, devem ser usados para modelar a estrutura de covariâncias dos efeitos aleatórios (OLORI et al., 1999; POOL et al., 2000). Além disso, para modelar o efeito genético aditivo, um modelo contendo um número menor de coeficientes, em relação ao efeito de ambiente permanente, tem sido indicado (TIER & MEYER, 2004).

Vários estudos têm comprovado a existência de correlação genética entre as produções no dia do controle numa mesma lactação e entre os controles de diferentes lactações (STRABEL & MISZTAL., 1999; GUO et al., 2002; YANG et al., 2005; COBUCCI et al., 2011). No entanto, estudos preliminares mostraram que a curva de lactação difere entre a primeira e segunda lactação e entre a segunda e lactações posteriores. Segundo

CARVALHEIRA et al. (2002), um MRA incluindo três lactações permitirá contar com um maior número de registros por vaca, o que contribuirá para obtenção de estimativas mais acuradas na predição dos parâmetros e valores genéticos. Em alguns países como Alemanha, Holanda e os Estados Unidos têm-se utilizado análises de regressão aleatória multicaracterísticas incluindo as três primeiras lactações para a avaliação genética de bovinos leiteiros (INTERBULL,2010). No caso da raça Gir leiteiro no Brasil, é de grande relevância poder contar com valores genéticos para produção de leite nas várias lactações, sendo que o programa de melhoramento genético nesta raça, principalmente tem sido focado na produção de leite na primeira lactação; além disso, com o uso dos MRA, pode ser incluído nas avaliações genéticas o formato da curva de lactação, sendo que esta raça apresenta duração da lactação mais curta que outras raças e curvas de lactação com menor persistência.

O objetivo do presente estudo foi estimar parâmetros genéticos para as produções de leite no dia do controle, empregando um modelo de regressão aleatória em análises bi-características, visando contribuir para a aplicação destes modelos na avaliação genética para produção de leite na raça Gir.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

As produções de leite no dia do controle de vacas da raça Gir leiteira foram analisadas por meio de modelos de regressão aleatória bi-características, empregando-se produções de primeira e segunda ordem do parto. Os registros são provenientes do banco de dados da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ).

Os animais foram agrupados de acordo com o grupo de contemporâneas (GC) formado por rebanho, ano e estação de controle. As estações de controle foram constituídas pelos meses de outubro a março (estação das águas) e abril a setembro (estação seca). Foram considerados nas análises registros de animais com média de idade de 40,4 e 57,42 meses para o primeiro e segundo parto, respectivamente, e com produções de leite entre os dias 5 e 305 da lactação. Adicionalmente, foram excluídas as produções de leite superiores ou inferiores a 3,5 desvios padrões dentro do

GC, além daqueles GC com menos de três registros. As produções de leite foram agrupadas em 10 classes, com intervalos de 30 dias. Lactações com menos de três controles e com o primeiro controle mensurado após os primeiros 45 dias de lactação foram excluídas. As produções no dia do controle da terceira lactação não foram consideradas por contar com pouco número de observações. Após a consistência dos dados restaram 53.328 controles, de 7.118 lactações, de 5.853 vacas nascidas entre 1979 e 2007 e com partos registrados entre 1983 e 2009, pertencentes a 238 rebanhos. O arquivo de pedigree foi composto por 15.209 animais, filhos de 883 touros e 7.762 vacas (Tabela 1).

**Tabela 1.** Número de touros e mães com progênes fêmeas com registros de produção de leite no dia do controle (PLDC) e de grupos de contemporâneas (GC) e média em dias, da duração da lactação (DL) da primeira (PL1) e da segunda lactação (PL2) de bovinos da raça Gir

<b>Informação</b>	<b>PL1</b>	<b>PL2</b>
<b>Touros com progênes com registros de produção</b>	731	338
<b>Mães com progênes fêmeas com registros de produção</b>	3.725	1.242
<b>Fêmeas com registros de produção</b>	5.534	1.584
<b>PLDC</b>	41.338	11.990
<b>DL (dias)</b>	292,7	285,6
<b>GC</b>	1.452	541

As análises de regressão aleatória bi-características foram realizadas por inferência Bayesiana utilizando-se o programa GIBBS3F90 (Misztal, 2002). O modelo utilizado levou em consideração os efeitos aleatórios genético aditivo, ambiente permanente e residual; como efeito sistemático o grupo de contemporâneas e como covariáveis, a idade da vaca ao parto (regressão linear e quadrática), além das trajetórias médias de lactação dentro de ordem de parto (polinômios de Legendre de quarto grau). A escolha da ordem das funções de covariância para a descrição dos efeitos aleatórios foi feita com base nos resultados de PEREIRA et al. (2013), que utilizou modelos de regressão aleatória na descrição da produção de leite na primeira lactação na raça Gir, com parte do banco de dados utilizado no presente estudo. O autor indicou um modelo de regressão aleatória com ajuste de um polinômio de Legendre de quarta ordem para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, com 5 classes de variâncias residuais, após comparar os vários

modelos pelos critérios de variância total residual, pela porcentagem de redução da complexidade do modelo (BOZDOGAN, 2000) e pelos critérios de informação de Akaike e Bayesiano de Schwarz (WOLFINGER, 1993).

O modelo de regressão aleatória pode ser descrito por:

$$y = X\beta + Za + Wp + e,$$

em que  $\mathbf{y}$  é o vetor das observações;  $\beta$ , o vetor dos efeitos sistemáticos;  $\mathbf{a}$ , o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito genético aditivo de animal;  $\mathbf{p}$ , o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito de ambiente permanente;  $\mathbf{e}$ , o vetor de efeito residual; e  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  e  $\mathbf{W}$  são as matrizes de incidência correspondentes às observações, para efeitos sistemáticos de meio, efeitos genético aditivo e de ambiente permanente. Assumiu-se que:

- $\mathbf{y} | \beta, \mathbf{a}, \mathbf{p}, \sigma_{e_1}^2, \dots, \sigma_{e_x}^2 \sim \text{NMV}(\mathbf{X}\beta + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp}, \mathbf{R})$ ,  $\mathbf{R} = \text{diag}\{\sigma_{e_x}^2\}$ , com  $x$  variando de 1 até  $n$ , onde  $n$  é o número de classes de resíduos.

As pressuposições para as distribuições *a priori* dos parâmetros desconhecidos foram consideradas como:

- $\mathbf{a} | \Lambda_a \sim \text{NMV}(0, \mathbf{G})$ , com  $\mathbf{G} = \Lambda_a \otimes \mathbf{A}$ , em que  $\mathbf{A}$  é a matriz do numerador dos coeficientes de parentesco entre os animais e  $\Lambda_a$  é a matriz contendo as covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória genético-aditivos;

- $\mathbf{p} | \Lambda_p \sim \text{NMV}(0, \mathbf{P})$ , com  $\mathbf{P} = \Lambda_p \otimes \mathbf{I}$ , em que  $\mathbf{I}$  é uma matriz identidade e  $\Lambda_p$  é a matriz contendo as covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente;

- $\Lambda_a | v_a, S_a^2 \sim W^{-1}(v_a, v_a S_a^2)$ ,  $\Lambda_p | v_p, S_p^2 \sim W^{-1}(v_p, v_p S_p^2)$  e  $\mathbf{R} | v_e, S_e^2 \sim \chi^{-2}(v_e, v_e S_e^2)$ ,

em que  $v_a, S_a^2$ ,  $v_p, S_p^2$  e  $v_e, S_e^2$  representam o grau de confiança e os valores *a priori* para as covariâncias dos coeficientes de regressão genético-aditivos e de ambiente permanente, e para as variâncias residuais, respectivamente; e

- $\beta \propto \text{constante}$ .

$\text{NMV}, W^{-1}$  e  $\chi^{-2}$  referem-se às distribuições normal multivariada, Wishart invertida e Qui-quadrado invertida escalonada, respectivamente.

As inferências sobre os parâmetros de interesse foram realizadas a partir de suas correspondentes distribuições marginais posteriores. Foi gerada uma cadeia de 1.500.000 amostras e de forma conservadora, as primeiras 150.000 amostras foram descartadas. Procedeu-se então um intervalo de descarte amostral de 50, restando 27.000 amostras que foram utilizadas para se fazer as inferências. A convergência foi monitorada segundo os critérios propostos por HEIDELBERGER & WELCH (1993) e GEWEKE (1992) com o uso do pacote “boa” (SMITH, 2007) do programa “R” e pela inspeção gráfica das amostras e iterações.

## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Para as duas lactações, a produção média de leite no dia do controle apresentou aumento até o segundo controle, ou seja, o pico da lactação, para depois decrescer ao longo da lactação (Tabela 2). A apresentação do pico logo no segundo controle ocorre comumente na raça Gir e como consequência, o período de lactação nesta raça é curto com uma baixa persistência da lactação, quando comparada com raças européias.

As estimativas das variâncias fenotípicas para as PLDC tiveram variação semelhante nas duas lactações, aumentando do primeiro até o terceiro e quinto controles, entretanto, diferiram em magnitudes (Figura 1). Tendências diferentes das variâncias fenotípicas foram observadas nos trabalhos de DEGROOT et al. (2007) e BIASSUS et al. (2011), isto é, maiores estimativas no começo e final da lactação. Em geral, as estimativas de variâncias fenotípicas para as PLDC na segunda lactação foram superiores às da primeira, o que também foi observado em vários estudos (JAMROZIK et al., 1997; STRABEL & JAMROZIK, 2006).

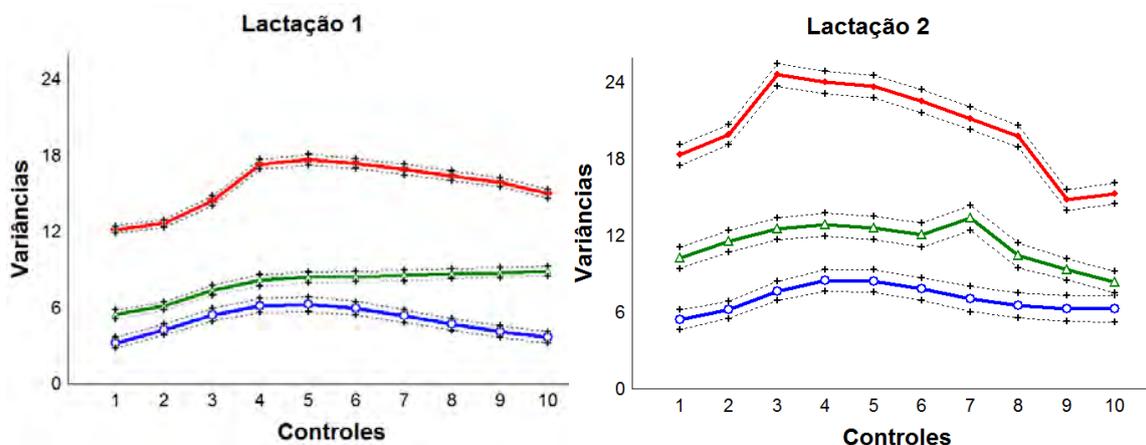
**Tabela 2.** Número de observações (N), produção média de leite (PL), desvio padrão (DP), número de observações por grupo de contemporâneas (GC) para os controles mensais (PLDC) em duas lactações na raça Gir.

PLDC	Lactação 1				Lactação 2			
	N	PL (Kg)	DP (Kg)	GC	N	PL (Kg)	DP (Kg)	GC
1	4.041	11,3	4,6	1.107	1.251	11,0	5,5	403
2	4.826	12,6	5,5	1.173	1.393	14,1	5,9	437
3	4.870	12,3	5,8	1.235	1.416	13,3	5,9	443
4	4.795	11,9	5,7	1.219	1.369	12,4	5,7	443
5	4.471	11,5	5,7	1.174	1.318	11,6	5,2	432
6	4.228	10,9	5,6	1.135	1.266	10,8	5,0	427
7	3.992	10,4	5,4	1.096	1.208	10,0	4,8	417
8	3.748	9,8	5,2	1.024	1.082	9,2	4,6	398
9	3.374	9,2	5,0	995	939	8,6	4,4	370
10	2.993	8,9	4,8	908	748	8,0	4,1	326

As estimativas das variâncias genéticas aditivas (Figura 1) aumentaram até as PLDC4 e 5 e depois decresceram ao longo da lactação nos dois partos. Estes resultados diferem do reportado por BIASSUS et al. (2011), que encontraram aumento das variâncias ao longo da lactação. A diminuição da variância aditiva no final da lactação tem sido observada por vários autores (POOL et al., 2000; LOPEZ-ROMERO & CARABAÑO, 2003; COSTA et al., 2008). Esta diminuição tem sido atribuída ao fato de existir menor número de observações nesta fase da lactação o que conduz à dificuldade de ajuste das funções matemáticas empregadas na descrição dos efeitos aditivos e de ambiente permanente. De maneira contrastante DEGROOT et al. (2007) encontraram aumento das variâncias aditivas do meio para o final da lactação nas três primeiras lactações na raça Holandesa. Maiores magnitudes nas estimativas das variâncias aditivas foram observadas nas PLDC da segunda comparadas com as da primeira lactação, similar ao encontrado em outros estudos (STRABEL & JAMROZIK, 2006; DEGROOT et al., 2007), contudo, as diferenças foram de baixa magnitude.

As estimativas de variância de ambiente permanente mostraram tendências diferentes nas duas lactações, aumentando com os dias em lactação na primeira e com diminuição das estimativas a partir do sétimo controle na segunda lactação. Maiores estimativas foram obtidas para a maioria das PLDC na segunda lactação (Figura 1). Estes resultados são

similares aos descritos em vários trabalhos (POOL et al., 2000; COBUCI et al., 2005; FUJII & SUSUKI, 2006; ARAUJO et al., 2006; COBUCI et al., 2011).



**Figura 1.** Médias a posteriori e respectivos intervalos de credibilidade de 95% (+) para as variâncias genéticas aditivas (○), de ambiente permanente (△) e fenotípicas (◇) para as produções no dia do controle das duas primeiras lactações na raça Gir, utilizando modelos de regressão aleatória bi-características, sob inferência bayesiana.

As médias (Tabela 3), modas e medianas (não apresentadas) das estimativas de herdabilidade para as PLDC foram praticamente iguais, para as duas lactações (Tabela 3). Entretanto, as magnitudes das estimativas médias de herdabilidade apresentaram tendências diferentes nas duas lactações, especialmente na primeira PLDC e nos dois controles do final da lactação. Na primeira lactação as herdabilidades aumentaram do início (0,26) até a PLDC3 (0,38) com diminuição das estimativas até o final da lactação. Na segunda lactação, as estimativas cresceram do primeiro (0,29) até o quinto controle (0,36) para depois decrescer, levemente, apresentando de novo aumento das estimativas nos últimos dois controles (0,34 e 0,41). Em geral, a tendência das estimativas de herdabilidade para as PLDC nas duas lactações foi similar ao observado por LIU et al. (2000); BORMANN et al. (2005); DE ROOS et al. (2004) e COBUCI et al. (2011), isto é, menores para os controles do início, com aumento das estimativas até o meio e posterior diminuição até o final da lactação, a exceção do último controle na segunda lactação. No entanto, menores valores foram reportados nos estudos citados, além de que as maiores estimativas de herdabilidade foram observadas para as PLDC da primeira lactação, diferente às do presente estudo, as quais foram maiores na segunda lactação. Na raça Gir, PEREIRA et al. (2013), utilizando registros de

leite da primeira lactação, relatou variação das estimativas de herdabilidade similar à encontrada no presente estudo para a primeira lactação, com maiores estimativas para as PLDC do primeiro terço da lactação, com tendência de diminuição das estimativas com o avanço da lactação.

**Tabela 3.** Médias (M) e intervalo de credibilidade a 95% (IC95) das estimativas de herdabilidade para as produções no dia do controle (PLDC) nas duas primeiras lactações de vacas da raça Gir, empregando MRA bi-características sob inferência bayesiana

PLDC	Lactação1		Lactação 2	
	M	IC95	M	IC95
1	0,26	0,18-0,35	0,29	0,19-0,43
2	0,34	0,24-0,44	0,31	0,23-0,40
3	0,38	0,29-0,47	0,31	0,23-0,39
4	0,35	0,27-0,45	0,35	0,28-0,45
5	0,35	0,28-0,44	0,36	0,26-0,44
6	0,34	0,26-0,42	0,35	0,25-0,44
7	0,32	0,24-0,40	0,33	0,23-0,44
8	0,28	0,20-0,39	0,33	0,23-0,45
9	0,26	0,18-0,34	0,34	0,20-0,49
10	0,24	0,16-0,31	0,41	0,27-0,57

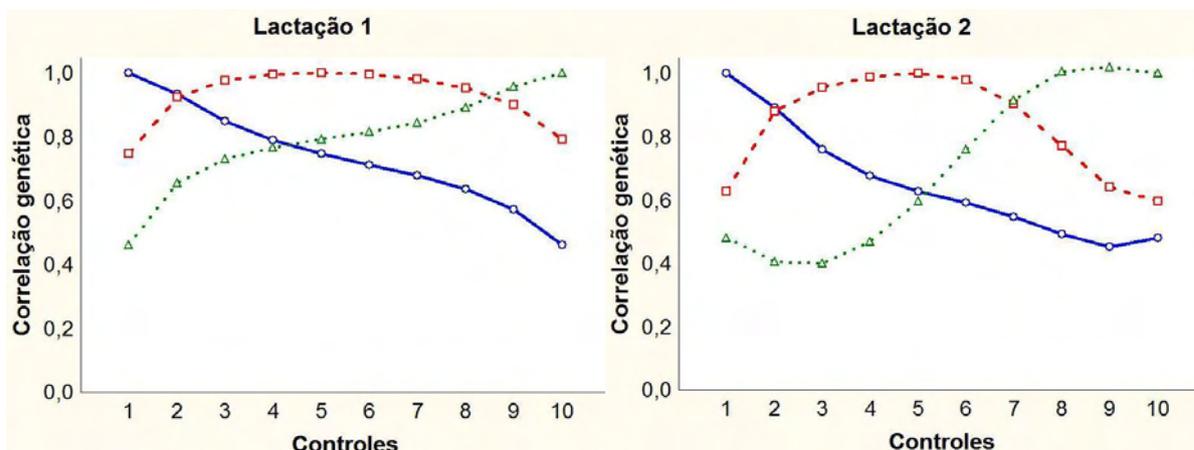
As altas magnitudes das estimativas de herdabilidade obtidas no terço final da segunda lactação podem estar relacionadas ao baixo número de observações neste período. Segundo STRABEL & MISZTAL (1999) há dificuldade na estimação dos componentes de variância quando existem poucas observações. Isto também foi constatado no trabalho de YANG et al. (2005), em que foram observadas maiores estimativas de herdabilidade para os controles do final da lactação, e para as últimas idades consideradas no estudo, sendo estas, as etapas com menor número de registros de produção de leite.

As estimativas das correlações genéticas entre as produções de leite entre dois controles dentro de cada lactação variaram entre 0,35 e 0,99 (Figura 2). Em geral, as estimativas das correlações genéticas foram maiores entre controles adjacentes e diminuíram a medida que houve maior distanciamento entre eles, concordando com os resultados encontrados em outros estudos (LIU et al., 2001; COBUCCI et al., 2011). As menores estimativas foram obtidas, dentro de lactação, entre produções no 1° e no 10° controles, sendo de 0,46 e 0,48 para o primeiro e segundo parto, respectivamente. As maiores estimativas

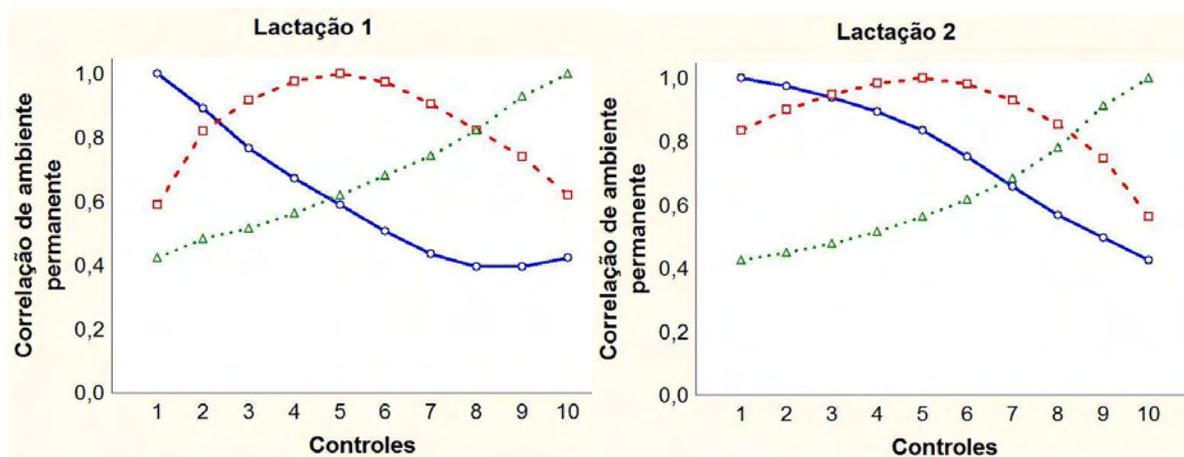
foram observadas entre as produções do 4º e do 5º controle, sendo de 0,99 em cada lactação.

Apesar das estimativas de correlações genéticas apresentarem variação semelhante nas duas lactações, a tendência foi uma diminuição da magnitude das mesmas com o avanço da ordem de parto. Além disto, as correlações genéticas entre as produções de leite da segunda lactação descreveram um comportamento ao longo da lactação com maior variação que as estimativas para as PLDC da primeira lactação (Figura 2).

As estimativas das correlações de ambiente permanente entre os controles em cada uma das duas lactações variaram entre 0,42 e 0,99 (Figura 3). As menores estimativas foram encontradas entre o controle 1º e 10º em cada lactação e as maiores, entre o 7º e 8º controle para a primeira lactação e entre o 2º e o 3º controle na segunda lactação. Estas estimativas foram maiores entre as produções dos controles adjacentes apresentando decréscimo das estimativas com o avanço da lactação, como mencionado por outros autores (LIU et al. 2001; COBUCI et al. 2011).



**Figura 2.** Estimativas de correlação genética entre as produções de leite nos controles 1 (—○—), 5 (---□---) e 10 (---△---) com todos os demais controles dentro de lactação para cada um dos dois partos, empregando modelos de regressão aleatória bi-características na raça Gir Leiteiro.



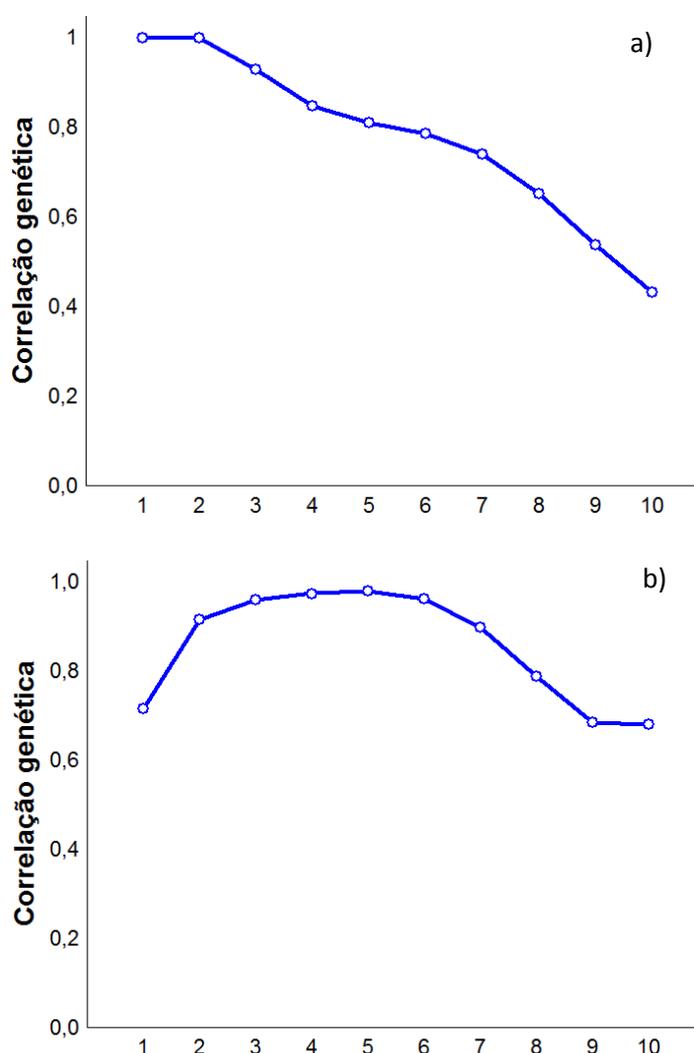
**Figura 3.** Estimativas de correlação de ambiente permanente entre as produções de leite nos controles 1 (—○—), 5 (---□---) e 10 (---△---) com todos os demais controles dentro de lactação para cada um dos dois partos, empregando modelos de regressão aleatória bi-características na raça Gir Leiteiro.

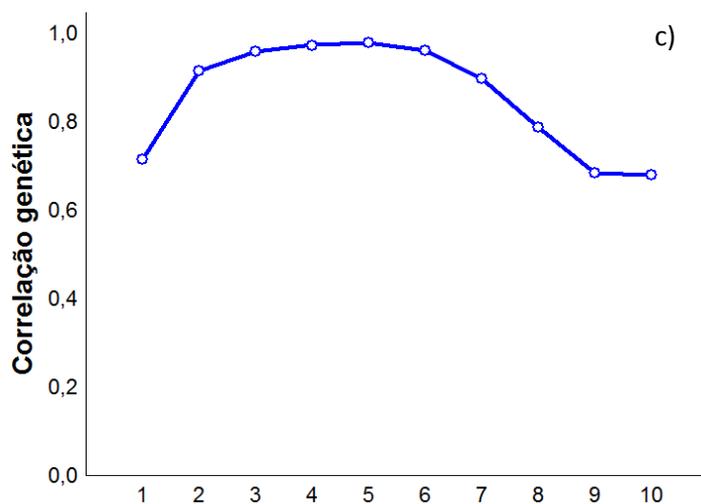
Estimativas das correlações genéticas e de ambiente permanente entre as produções do 1º, 5º e 10º controle da primeira lactação, com todas as produções nos controles das duas lactações são apresentadas (Figuras 4 e 5). Na maioria de trabalhos empregando análises de regressão aleatória multicaracterísticas, têm-se apresentado apenas estimativas de correlações genéticas entre produções de leite de controles de ordem equivalente das três primeiras lactações (LIU et al., 2001; GUO et al., 2002; YANG et al., 2005; STRABEL & JAMROZIK., 2006). Em geral as estimativas das correlações genéticas apresentaram o mesmo comportamento que as estimativas das correlações de ambiente permanente. Entretanto, maiores magnitudes foram observadas para as correlações genéticas, variando entre 0,38 e 1,0, enquanto que as correlações de ambiente permanente variaram entre 0,09 e 0,99.

Estimativas de correlações genéticas e de ambiente permanente de altas magnitudes encontradas entre as PLDC da primeira lactação com os controles de ordem equivalente e adjacentes a eles na segunda lactação foram constatadas, concordando com os resultados das pesquisas de LIU et al. (2001); GUO et al. (2002); YANG et al. (2005) e STRABEL & JAMROZIK (2006). Um decréscimo das estimativas entre as PLDC da primeira com às da segunda lactação, foi observado à medida que aumentou a distância com os controles de ordem equivalente.

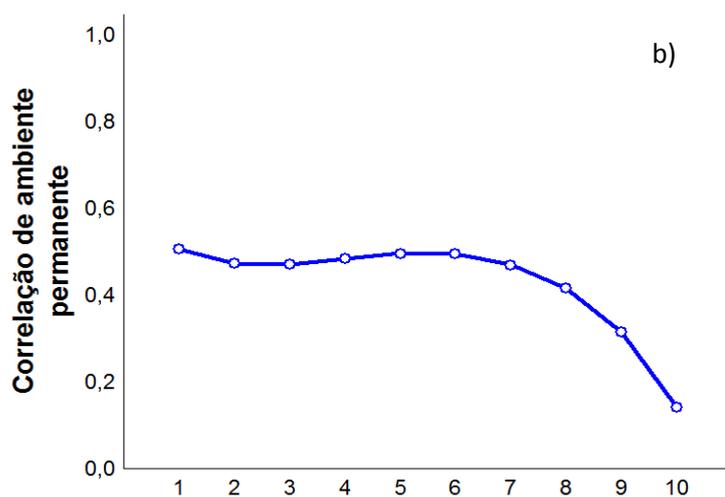
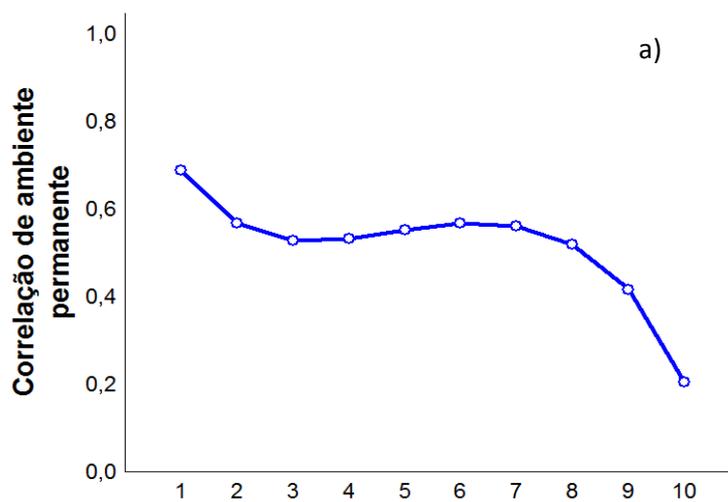
As estimativas das correlações genéticas positivas e de altas magnitudes entre as produções no controle da primeira lactação com as demais produções das duas lactações indicam a existência de grupos de genes em comum. A seleção com base nas produções da metade do primeiro parto, as quais foram mais estáveis (Figura 4), poderia ser vantajosa, na tentativa de antecipar os trabalhos de seleção para poder conseguir maiores progressos genéticos para produção de leite nas várias lactações, como comentado por STRABEL & JAMROZIK, (2006).

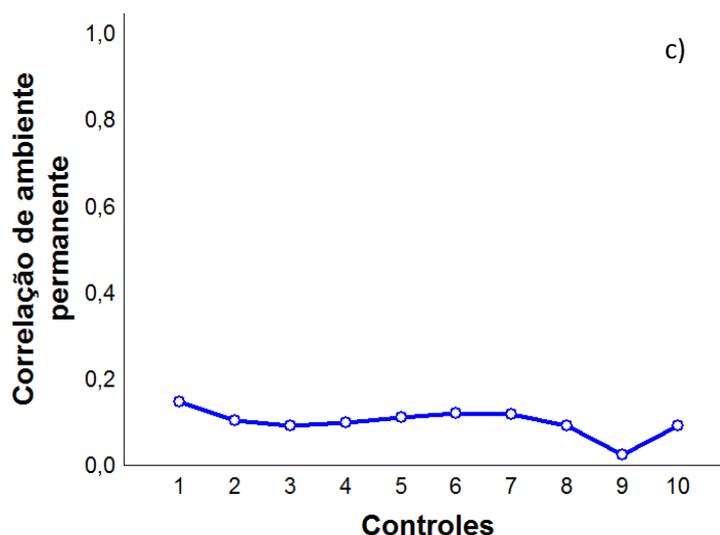
As análises da produção de leite usando modelos bi-característicos por meio dos MRA possibilitam combinar informações de características que estão correlacionadas, neste caso as produções no dia do controle das diferentes lactações, para predizer o mérito genético dos animais para características como a produção de leite acumulada até os 305 dias e a persistência da lactação. Com isto, um MRA incluindo duas lactações contará com um maior número de registros por vaca, o que contribuirá para a estimação de maiores acurácias na predição dos parâmetros e dos valores genéticos.





**Figura 4.** Estimativas de correlações genéticas entre as produções de leite nos controles 1 (a), 5 (b) e 10 (c) da primeira lactação com todos os controles da segunda lactação, empregando modelos de regressão aleatória bi-características na raça Gir Leiteiro





**Figura 5.** Estimativas de correlações de ambiente permanente entre as produções de leite nos controles 1 (a), 5 (b) e 10 (c) da primeira lactação com todos os controles secundalactação, empregando modelos de regressão aleatória bi-características na raça Gir Leiteiro

## CONCLUSÕES

As moderadas estimativas de herdabilidade, além da alta correlação genética entre as produções no dia do controle da metade da primeira lactação com todos os controles nas duas lactações, aparecem como uma estratégia de seleção importante para incrementar a produção de leite ao longo da lactação e para mudar o formato da curva da lactação nas duas primeiras lactações na raça Gir.

## REFERÊNCIAS

ARAÚJO, C.V.; TORRES, R.A.; COSTA, C.N.; et al. Uso de funções ortogonais para descrever a produção de leite no dia de controle por meio de modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.967-974, 2006.

BIASSUS, I. O.; COBUCI, J. A.; COSTA, C. N. et al. Genetic parameters for production traits in primiparous holstein cows estimated by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.1, p.85-94, 2011.

BORMANN, J.; WIGGANS, G. R.; DRUET, T. et al. Within-herd effects of age at test day and lactation stage on test-day yields. **Journal of Dairy Science**, v.86, p.3765-3774, 2005.

BOZDOGAN, H. Akaike's Information Criterion and Recent Developments in Information Complexity. **Journal of Mathematical Psychology**, v.44, p.62-91, 2000.

CARVALHEIRA, J.; POLLAK, E.J.; QUAAS, R.L.; BLAKE, R.W. An autoregressive repeatability animal model for test-day records in multiple lactations. **Journal of Dairy Science**, v.85, p.2040-2045, 2002.

COBUCI, J. A.; EUCLYDES, R.F.; LOPES, P.S. et al. Estimation of genetic parameters for test-day milk in Holstein cows using a random regression model. **Genetics and Molecular Biology**, v.28, n.1, p.75-83, 2005.

COBUCI, J. A.; COSTA, C. N.; NETO, J. B. et al. Genetic parameters for milk production by using random regression models with different alternatives of fixed regression modeling. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.3, p.557-567, 2011.

COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; PACKER, I.U. et al. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.4, p.602-608, 2008.

DEGROOT, B. J.; KEOWN, J. F.; VAN VLECK, L. D.; KACHMAN S. D. Estimates of genetic parameters for Holstein cows for test-day yield traits with a random regression cubic spline model. **Genetics Molecular Research** v.6, p.434-444, 2007.

DE ROOS, A.P.W.; HARBERS, A.G.F.; DE JONG, G. Random herd curves in a test-day model for milk, fat, and protein production of dairy cattle in the Netherlands. **Journal of Dairy Science**, v.87, p.2693-2701, 2004.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.

FUJII, C.; SUZUKI, M. Comparison of homogeneity and heterogeneity of residual variance using random regression test-day models for first lactation Japanese Holstein cows. **Animal Science Journal**, v.77, p.28-32, 2006.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments (eds. Bernardo, J. M.; Berger, J. O.; Dawid, A. P.; Smith, A. F. M.), New York: Oxford University Press, **Bayesian Statistics**, Oxford, v.4, p.625–631, 1992.

GUO, Z.; LUND, M. S.; MADSEN, P. et al. Genetic parameter estimation for milk yield over multiple parities and various lengths of lactation in Danish Jerseys by Random Regression Models. **Journal of Dairy Science**, v. 85, p.1596-1606, 2002.

HEIDELBERGER, P., & P. WELCH. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operation Research**, v.31, p.1109–1144, 1993.

INTERBULL. 10 jan. 2010. Capturado em 12 dez. 2011. On-line. Disponível na Internet: <http://www-interbull.slu.se>.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for production of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762-770, 1997.

JAMROZIK, J., L. R. SCHAEFFER, Z. LIU, and G. JANSEN. Multiple trait random regression test day model for production traits. Proceedings... Interbull Meeting., Vienna, Austria. **Interbull Bull**, v.16, p.43–47, 1997.

KIRKPATRICK, M. HILL, W. G. THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and ageing, illustrated with lactations in dairy cattle. **Genetic Research**, Pittsburgh, v.64, p.57-69, 1994.

LIU, Z.; REINHARDT, F.; REENTS, R. Estimating parameters of a random regression test day model for first three lactation milk production traits using the covariance function approach. **Interbull Bulletin**, v.25, p.74-80, 2000.

LIU, Z., F.; REINHARDT, A.; BÜNGER, L. et al. Application of a random regression model to genetic evaluations of test day yields and somatic cell scores in dairy cattle. **Interbull Bulletin**, v.27, p.159–166, 2001.

LÓPEZ-ROMERO, P.; CARABAÑO, M.J. Comparing alternative random regression models to analyze first lactation daily milk yield data in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, v.82, p.81-96, 2003.

MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cow. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116, p.181-205, 1999.

MEYER K. "WOMBAT" – digging deep for quantitative genetic analyses using restricted maximum likelihood. CD ROM Eighth World Congress Genetics Applied

Livestock Production, **Proceedings....** Communication No. 27-14, 2006.

MISZTAL, I. BLUPF90: a flexible mixed model program in Fortran 90. 2002. Available at: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/>>. Accessed on: 06/06/2011.

OLORI, V. E.; HILL W. G.; MCGUIRK, B. J.; BROTHERSTONE S. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 61, n. 1, p. 53–63, 1999.

PEREIRA, R. J. BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; et al. Random regression models using Legendre polynomials or linear splines for test-day Milk yield of dairy Gil (*Bos Indicus*) cattle. *Journal of Dairy Science*, v.96, p.1-10, 2013.

POOL, M.H.; JANSSE, L.L.G.; MEUWISSEN, T.H.E. Genetic parameters of Legendre polynomials for first parity lactation curves. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.2640-2649, 2000.

REKAYA, R., CARABANO, M.J., TORO, M.A. Use of test day yields for the genetic evaluation of production traits in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, vol. 57, n. 3, p.203-217, 1999.

SCHAEFFER L.R., 2008. **Random regression**. <<http://www.aps.uoguelph.ca/%7EElrs/ABModels/NOTES/RRM14a.pdf>>. Acessado em novembro de 2012.

SMITH, B. J. boa: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistical Software**, v.21, p.1–37, 2007.

STRABEL, T.; MISZTAL, I. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of Polish Black and White cattle with random regression test-day models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 82, n. 11, p. 2805-2810, 1999.

STRABEL, T.; JAMROZIK, J. Genetic analysis of milk production traits of Polish black and white cattle using large-scale random regression test-day models. **American Dairy Science Association**, v.89, p.3152-3163, 2006.

TIER, B.; MEYER, K. Approximating prediction error covariances among additive genetic effects within animals in multiple-trait and random regression models. **Journal Animal Breeding and Genetics**, v.121, p.77-89, 2004.

WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models. **Communications in Statistics**, v.22, n.4, p.1079-1106, 1993.

YANG, R. Q.; REN, H. Y. ; SCHAEFFER, L.R. et al. Estimation of genetic parameters for lactational milk yields using two-dimensional random regressions on parities and days in milk in Chinese Simmental cattle. **Journal Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.49-55, 2005.

## CAPÍTULO 4 – AVALIAÇÃO GENÉTICA DA PERSISTÊNCIA DA LACTAÇÃO DE VACAS GIR USANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EM ANÁLISES BICARACTERÍSTICAS

**RESUMO** - O presente trabalho foi conduzido com o objetivo de estudar a persistência da lactação de vacas da raça Girpor meio de um modelo de regressão aleatória em análise bi-características. Os componentes de variância para duas medidas de persistência ( $PS_1$  e  $PS_2$ ) e para a produção de leite acumulada até os 305 dias ( $P305$ ) foram estimados por meio de inferência bayesiana. As estimativas de herdabilidade foram de 0,19, 0,12 e 0,41 na primeira e de 0,43, 0,27 e 0,38 na segunda lactação para  $PS_1$ ,  $PS_2$  e  $P305$ , respectivamente. As correlações genéticas entre as  $PS_i$  foram positivas e de alta magnitude nas duas lactações, enquanto que entre as  $PS_i$  e a  $P305$  estas estimativas foram negativas e de baixa magnitude com a  $PS_1$  e quase nulas com a  $PS_2$  nas duas lactações. Estimativas de correlações genéticas negativas foram encontradas entre as  $PS_i$  com as produções no dia do controle (PLDC) do começo e positivas com as PLDC do final da lactação. A correlação de posição entre os valores genéticos preditos para as  $PS_i$  para os touros com no mínimo 5 filhas com registros produtivos, foram maiores que 0,80 nas duas lactações, e entre as  $PS_i$  e a  $P305$ , essas estimativas foram de baixa magnitude, sendo negativas entre  $P305$  e a  $PS_1$  e positivas entre  $P305$  e a  $PS_2$  nas duas lactações. A coincidência no ranking dos touros quando feita a seleção em diferentes níveis de acordo com o valor genético predito para  $P305$  foi maior à medida que diminuiu a intensidade de seleção. A coincidência no ranking dos primeiros 5 lugares com base nos valores genéticos para  $P305$  não mudou da primeira para a segunda lactação. Quando classificados os primeiros 5 touros de acordo com os valores genéticos preditos para as  $PS_i$  houve grande diferença no posicionamento dos touros pela  $P305$ , especialmente para  $PS_1$ . Os resultados obtidos indicam que dentre as duas medidas de persistência consideradas no estudo, a  $PS_2$  é mais adequada para se utilizar nas avaliações genéticas para persistência da lactação na raça Gir no Brasil, pelo fato de apresentar baixa correlação genética com a  $P305$ , herdabilidade de moderada magnitude e correlação genética positiva com as PLDC posteriores ao do pico de lactação. Entre tanto, as correlções de posição entre

as  $PS_2$  e a P305 indicaram que há uma significativa alteração na classificação dos touros quando um ou outro critério de seleção é empregado no melhoramento genético para produção de leite.

**Palavras - chaves:** correlação de posição, curva da lactação, parâmetros genéticos, polinômios de Legendre

## INTRODUÇÃO

No Brasil a raça Gir leiteiro é uma das raças de maior importância econômica, por ser rústica e adaptada ao clima e ao manejo, e resistente a muitas doenças presentes em ambientes tropicais. Apesar de ser a raça zebuína leiteira mais trabalhada em programas de melhoramento, algumas características ligadas à forma da curva de lactação ainda precisam ser melhoradas. A Gir é uma raça que se caracteriza por apresentar curvas de produção de leite com picos da lactação ocorrendo logo após o parto, baixas persistências da lactação e lactações mais curtas (GONÇALVES et al., 1997; REBOUCAS et al., 2008) em comparação com as raças taurinas. Vacas com maior persistência ingerem menos alimento para produzir a mesma quantidade de leite produzido por uma vaca com menor persistência, sendo assim mais facilmente alimentadas de acordo com seus requerimentos, visto que suas curvas de lactação são diretamente relacionadas com sua capacidade de ingestão de alimentos, o que pode contribuir para diminuir os custos de produção (SHAHRBABA, 1997).

Os Modelos de Regressão Aleatória (MRA) tem sido utilizados na avaliação genética para produção de leite em vários países (INTERBULL, 2012), sendo de grande utilidade por permitirem a predição de valores genéticos para a produção de leite acumulada, para a produção de leite em qualquer dia específico e para a persistência da lactação, sendo esta última uma das grandes vantagens deste tipo de modelos. Como resultado das análises é obtido um conjunto de autovalores e autofunções (análogos aos auto-vetores) que fornecem informações sobre a direção na qual a curva média (crescimento, lactação, etc.) tem maior chance de ser modificada por seleção, pelo fato de apresentarem maior variância genética (KIRKPATRICK & HECKMAN, 1989). As curvas genéticas de cada animal podem permitir a seleção de animais cujas curvas de lactação sejam mais persistentes (PTAK & SCHAEFFER, 1993; SCHAEFFER, 1996; JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997).

Na raça Gir existem vários trabalhos avaliando a persistência da lactação (GONZÁLEZ-HERRERA et al., 2008; PEREIRA et al., 2012). Nesses estudos, tem-se encontrado estimativas de herdabilidade moderada para esta característica, o que indica que se podem obter progressos genéticos para a

persistência da lactação quando incluída como objetivo de seleção nos programas de melhoramento genético. Entretanto, estudos envolvendo mais de uma lactação em outras raças, têm indicado que as várias lactações devem ser consideradas como características diferentes, por existir variação nas estimativas dos parâmetros genéticos (LIU et al., 2001; STRABEL et al., 2004). Além disso, segundo os últimos autores citados, com a análise incluindo várias lactações, é de se esperar ganho em acurácia das estimativas dos valores genéticos pelo fato de poder contar com maior número de registros por vaca. Neste sentido, a avaliação da persistência da lactação na raça Gir, considerando as duas primeiras lactações, pode contribuir ao melhoramento genético da característica nessa raça.

O objetivo do presente trabalho foi estudar a persistência da lactação na raça Gir por meio de modelos de regressão aleatória em análises bi-características, buscando a medida mais adequada para se utilizar em avaliações genéticas para esta característica nessa raça.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

As produções de leite no dia do controle das duas primeiras lactações de vacas da raça Gir leiteira foram analisadas por meio de modelos de regressão aleatória bi-características. Os registros são provenientes de 238 rebanhos participantes do programa de melhoramento genético de zebuínos (PMGZ) da Associação Brasileira de Criadores de Zebú (ABCZ).

Os animais foram agrupados de acordo com o grupo de contemporâneas (GC) formado por rebanho, ano e estação de controle. Duas estações de controle foram constituídas, sendo a estação das águas formada pelos meses de outubro a março e a estação seca pelos meses de abril a setembro. A inclusão da estação do controle no grupo de contemporâneas foi preferida à utilização do mês de controle, com o intuito de não perder grande quantidade de registros na depuração do arquivo de dados. Na consistência dos dados foram considerados os controles realizados entre o 5<sup>o</sup> e 305<sup>o</sup> dia da lactação de vacas com idade ao parto entre 24 e 60 e entre 36 e 72 meses para a primeira e segunda lactação, respectivamente. As pesagens de leite foram agrupadas em 10 classes, cada uma com intervalo de 30 dias. Foram excluídas das

análises lactações com menos de três controles e com o primeiro controle mensurado após os primeiros 45 dias de lactação, produções de leite superiores ou inferiores a 3,5 desvios padrão dentro do grupo de contemporâneas, além de grupos de contemporâneas com menos de três registros. Após a consistência dos dados restaram 53.328 controles pertencentes a 7.118 lactações, de 5.853 vacas nascidas entre 1979 e 2007 e com partos registrados entre 1983 e 2009. O arquivo de pedigree foi composto por 15.209 animais, 883 touros e 7.762 vacas.

As análises de regressão aleatórias bi-características foram realizadas por inferência Bayesiana utilizando-se o programa GIBBS3F90 (MISZTAL, 2010). Polinômios de Legendre de quarta ordem foram utilizados para descrever os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, e a curva fixa da população. Outros efeitos fixos foram o grupo de contemporâneas e, como covariável, a idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático), além das trajetórias médias de lactação dentro de ordem de parto (polinômios de Legendre de quarto grau). Foi considerado heterogeneidade de variância residual por meio de uma estrutura de cinco classes de variâncias com o agrupamento dos meses de lactação da seguinte maneira: 1, 2, 3, 4-9 e 10.

O modelo de regressão aleatória pode ser representado por:

$$y = X\beta + Za + Wp + e,$$

em que  $\mathbf{y}$  é o vetor das observações;  $\beta$ , o vetor dos efeitos fixos que inclui as soluções para o grupo de contemporâneas, para a covariável idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático) e para a trajetória média da lactação dentro de ordem de parto;  $\mathbf{a}$ , o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito genético aditivo de animal;  $\mathbf{p}$ , o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito de ambiente permanente;  $\mathbf{e}$ , o vetor de efeito residual; e  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  e  $\mathbf{W}$  são as matrizes de incidência correspondentes às observações, para efeitos fixos, efeitos genético aditivo e de ambiente permanente. Assumiu-se que:

•  $\mathbf{y} | \mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{p}, \sigma_{e_1}^2, \dots, \sigma_{e_n}^2 \sim \text{NMV}(\mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp}, \mathbf{R})$ ,  $\mathbf{R} = \text{diag}\{\sigma_{e_x}^2\}$ , com  $x$  variando de 1 até  $n$ , em que  $n$  é o número de classes de resíduos.

As pressuposições acerca das distribuições *a priori* para os parâmetros desconhecidos foram consideradas como a seguir:

- $\mathbf{a} | \Lambda_a \sim \text{NMV}(0, \mathbf{G})$ , com  $\mathbf{G} = \Lambda_a \otimes \mathbf{A}$ , em que  $\mathbf{A}$  é a matriz do numerador dos coeficientes de parentesco entre os animais e  $\Lambda_a$  é a matriz contendo as covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória genético-aditivos;
- $\mathbf{p} | \Lambda_p \sim \text{NMV}(0, \mathbf{P})$ , com  $\mathbf{P} = \Lambda_p \otimes \mathbf{I}$ , em que  $\mathbf{I}$  é uma matriz identidade e  $\Lambda_p$  é a matriz contendo as covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente;
- $\Lambda_a | v_a, S_a^2 \sim W^{-1}(v_a, v_a S_a^2)$ ,  $\Lambda_p | v_p, S_p^2 \sim W^{-1}(v_p, v_p S_p^2)$  e  $\mathbf{R} | v_e, S_e^2 \sim \chi^{-2}(v_e, v_e S_e^2)$ , em que  $v_a, S_a^2$ ,  $v_p, S_p^2$  e  $v_e, S_e^2$  representam o grau de confiança e os valores *a priori* para as covariâncias dos coeficientes de regressão genético-aditivos e de ambiente permanente, e para as variâncias residuais, respectivamente; e
- $\mathbf{b} \propto \text{constante}$ .

$\text{NMV}, W^{-1}$  e  $\chi^{-2}$  referem-se às distribuições normal multivariada, Wishart invertida e Qui-quadrado invertida escalonada, respectivamente.

As inferências sobre os parâmetros de interesse foram realizadas a partir de suas correspondentes distribuições marginais posteriores. Para isto foi gerada uma cadeia de 1.500.000 amostras e de forma conservadora, as primeiras 150.000 amostras foram descartadas. Procedeu-se então um intervalo de descarte amostral de 50, restando 27.000 amostras que foram utilizadas para se fazer as inferências. A convergência foi monitorada segundo os critérios propostos por HEIDELBERGER & WELCH (1993) e GEWEKE (1992) com o uso do pacote “boa” (SMITH, 2007) do programa “R” e pela inspeção gráfica das amostras x iterações.

As duas medidas de persistência ( $PS_1$  e  $PS_2$ ) consideradas no estudo (Tabela 1) foram selecionadas na tentativa de comparar medidas que consideram a apresentação do pico de produção de leite em diferentes períodos da lactação, para ver qual delas se ajusta melhor ao formato da curva de lactação na raça Gir, sendo que a  $PS_1$  (JAKOBSEN et al., 2002), considera o pico após os 60 dias de lactação e tem sido muito utilizada na raça Holandesa, enquanto que a  $PS_2$ , considera o pico entre os 30 e 60 dias de

lactação e esta sendo utilizada na avaliação genética para persistência da lactação na raça Gir (ABCZ, 2012).

**Tabela 1.** Medidas de persistência da lactação usadas nas análises.

$PS_i$	Autor
$PS_1 = \left( \sum_{t=106}^{205} Vg_t - \sum_{t=6}^{105} Vg_t \right)$	JAKOBSEN et al. (2002)
$PS_2 = \sum_{t=60}^{305} Vg_t - \frac{1}{31} \left( \sum_{t=30}^{60} Vg_t \right)$	ABCZ (2012)

As estimativas das variâncias genéticas e de ambiente permanente para as medidas de persistência ( $PS_i$ ) e para a produção de leite acumulada até os 305 dias ( $P_{305}$ ), foram estimadas a partir da multiplicação das matrizes de covariância e vetores contendo covariáveis específicas para a  $P_{305}$  e para as medidas de persistência estudadas. Essas estimativas são representadas da seguinte maneira:

$$\hat{\sigma}_a^2 PS = f' \Lambda_A f, \hat{\sigma}_{ap}^2 PS = f' \Lambda_{AP} f, \hat{\sigma}_a^2 P_{305} = f' \Lambda_A f \text{ e } \hat{\sigma}_{ap}^2 P_{305} = f' \Lambda_{AP} f$$

Em que:

$\hat{\sigma}_a^2 PS$  é a variância aditiva para as medidas de persistência

$\hat{\sigma}_{ap}^2 PS$  variância de ambiente permanente para as medidas de persistência

$\hat{\sigma}_a^2 P_{305}$  variância aditiva para a produção de leite acumulada até os 305 dias

$\hat{\sigma}_{ap}^2 P_{305}$  variância de ambiente permanente para a produção de leite acumulada até os 305 dias

$f$  é o vetor de covariáveis correspondentes à função das  $PS_i$  (Tabela 1) e da  $P_{305}$  e  $\Lambda_a$  e  $\Lambda_{ap}$  são respectivamente, a matriz de covariância para o efeito genético aditivo e de ambiente permanente entre os coeficientes de regressão aleatória.

As variâncias residuais foram calculadas como:

$$\hat{\sigma}_e^2 PS = Ve(PS_i), \quad \hat{\sigma}_e^2 P_{305} = Ve(P_{305})$$

Em que:

$\hat{\sigma}_e^2 PS$  é a variância residual dada pela produção de leite em função dos dias em lactação para cada uma das  $PS_i$ , e

$\hat{\sigma}_e^2 P_{305}$  é a variância residual em função de 301 dias de lactação para a P305.

Nas duas situações mencionadas anteriormente em relação a variância residual, foram assumidas as mesmas variâncias para os resíduos dentro de um intervalo e variâncias heterogêneas entre intervalos de acordo com as classes de variâncias residuais previamente estabelecidas.

As herdabilidades das  $PS_i$  e da P305 foram calculadas por:

$$\hat{h}^2 PS = \frac{\hat{\sigma}_a^2 PS}{\hat{\sigma}_a^2 PS + \hat{\sigma}_{ap}^2 PS + \hat{\sigma}_e^2 PS}, \quad \hat{h}^2 P_{305} = \frac{\hat{\sigma}_a^2 P_{305}}{\hat{\sigma}_a^2 P_{305} + \hat{\sigma}_{ap}^2 P_{305} + \hat{\sigma}_e^2 P_{305}}$$

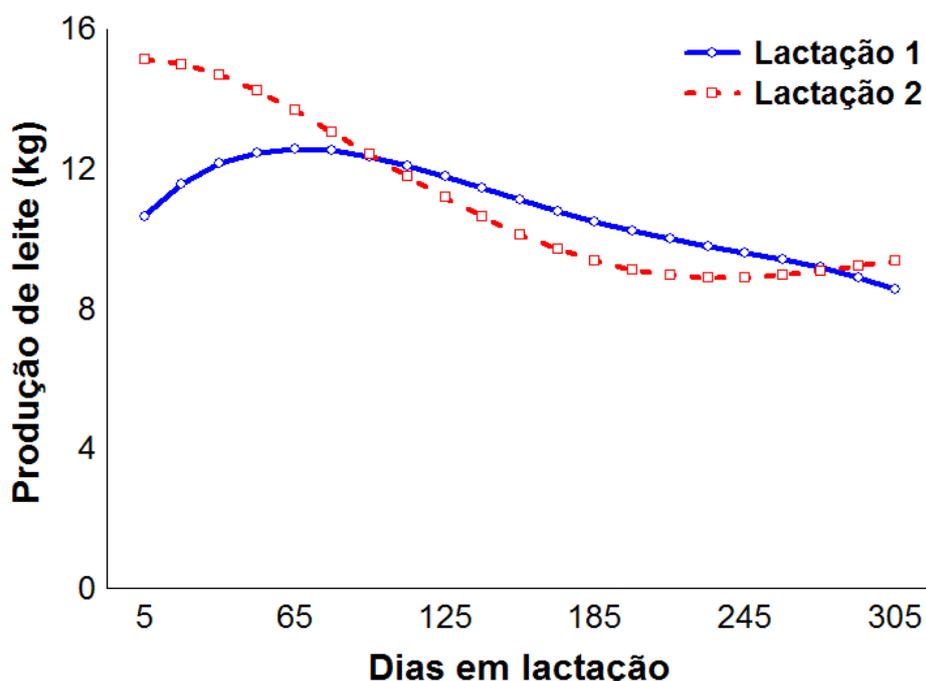
As herdabilidades para os coeficientes de regressão aleatórios foram estimadas como apresentado por JAMROZIK et al. (2001).

As correlações genéticas entre as  $PS_i$  e as produções no dia do controle foram estimadas, na tentativa de encontrar a associação destas medidas de persistência com controles específicos da lactação.

Foram preditos os valores genéticos para os coeficientes de regressão aleatória para cada animal e estes coeficientes foram usados para prever valores genéticos para a produção de leite em cada dia da lactação. Posteriormente foram estimados os valores genéticos para P305 e para as  $PS_i$  (Tabela 1). As  $PS_i$ , a P305 e os coeficiente de regressão  $a_0$  e  $a_1$ , foram contrastadas por meio da correlação de posição entre os valores genéticos preditos para cada característica e quanto ao percentual de animais coincidentes quando diferentes intensidades de seleção foram aplicadas, baseando-se nos valores genéticos preditos para P305.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

O pico da produção de leite (Figura 1) ocorreu após os 60 dias na primeira lactação. Na segunda lactação, a produção de leite foi em média maior no primeiro terço, comparada com a primeira lactação, com pico de produção de leite quase inexistente. Os dois primeiros autovalores associados à matriz de correlações genéticas (Tabela 2) responderam por 96,7 e 94,4% da variação genética total na primeira e segunda lactação, respectivamente. Para o efeito de ambiente permanente estes valores foram, na mesma ordem, de 93,6 e 95,6%. A importância dos dois primeiros autovalores para os efeitos aditivo e de ambiente permanente foi superior à reportada por DRUET et al. (2003) na raça Holandesa e por PEREIRA (2012) na raça Gir. Os dois primeiros autovalores em cada uma das lactações, explicaram a maior porcentagem da variação para cada efeito como comentado por vários autores (POOL et al., 2000; DRUET et al., 2003; STRABEL & JAMROZIK 2006). Segundo COBUCI (2003) este tipo de resultado indica que na análise de característica múltiplas, como é o caso da produção de leite, a dimensionalidade do espaço paramétrico das análises poderia ser reduzida a duas dimensões sem a perda de informação importante, sendo que geralmente as estimativas a partir do terceiro autovalor são próximas de zero. Neste sentido, procedera-se a incluir na discussão apenas os resultados encontrados para os dois primeiros coeficientes de regressão para cada efeito.



**Figura 1.** Produção média de leite de acordo com o dia de lactação para vacas da raça Gir leiteiro em duas lactações.

**Tabela 2.** Autovalores obtidos por meio da matriz de correlações genéticas (G) e de ambiente permanente (AP), seus respectivos valores e contribuições em porcentagem (CA) para as duas lactações.

	Lactação 1				Lactação 2			
	G		AP		G		AP	
Autovalor	Valor	CA (%)						
1	9,48	92,90	12,41	78,30	12,43	82,40	16,70	81,50
2	0,39	3,83	2,42	15,30	1,81	12,00	2,89	14,10
3	0,26	2,52	0,74	4,70	0,63	4,20	0,70	3,40
4	0,07	0,71	0,27	1,70	0,20	1,30	0,19	0,94
<b>total</b>	<b>10,20</b>	<b>100,00</b>	<b>15,84</b>	<b>100,00</b>	<b>15,10</b>	<b>100,00</b>	<b>20,50</b>	<b>100,00</b>

As estimativas de herdabilidade para os coeficientes de regressão  $a_0$  foram de 0,39 e 0,36 e para o  $a_1$  de 0,12 e 0,30 na primeira e segunda lactação, respectivamente (Tabela 3). As correlações entre os dois primeiros coeficientes de regressão na primeira e segunda lactação (Tabela 3), foram de -0,31 e -0,27 para o efeito genético aditivo e de 0,17 e -0,17 para o efeito de ambiente permanente, respectivamente. Estimativa negativa entre os dois primeiros coeficientes de regressão foi observada também por PEREIRA (2012) na raça Gir, enquanto que foi positiva na raça Holandesa no estudo de JAMROZIK et al. (2002). As diferenças entre as estimativas de correlação genética entre os dois primeiros coeficientes de regressão do presente estudo e na pesquisa

realizada por PEREIRA (2012) com o trabalho de JAMROZIK et al. (2002), podem estar relacionadas com o nível de produção dos rebanhos estudados e o momento em que ocorre o pico durante a lactação em cada raça (STRABEL & JAMROZIK, 2006). No caso da raça Gir o nível de produção de leite é menor e o pico de produção ocorre mais cedo, quando comparado com a raça Holandesa.

**Tabela 3.** Estimativas de herdabilidade (diagonal em negrito) e de correlação entre os coeficientes de regressão ( $a_0$  e  $a_1$ ) para os efeitos aditivo (acima da diagonal) e de ambiente permanente (abaixo da diagonal) nas duas lactações.

	Primeira Lactação		Segunda Lactação	
	$a_0$	$a_1$	$a_0$	$a_1$
$a_0$	<b>0,39</b>	-0,31	<b>0,36</b>	-0,27
$a_1$	0,17	<b>0,12</b>	-0,17	<b>0,30</b>

Segundo STRABEL & JAMROZIK (2006), o primeiro coeficiente do polinômio de Legendre ( $a_0$ ), associado com o efeito genético aditivo, está relacionado à produção de leite total e o segundo ( $a_1$ ) com a persistência da produção de leite. Os autores observaram baixa associação genética entre a produção de leite total e a persistência da lactação, com base nas estimativas de correlação genética entre os coeficientes  $a_0$  e  $a_1$ , o que também foi observado no presente estudo, embora essa correlação não seja nula.

As estimativas de herdabilidade (Tabela 4) para  $PS_1$  foram maiores nas duas lactações que as estimadas para a  $PS_2$ . A estimativa de herdabilidade para a  $PS_1$  no presente trabalho é semelhante às estimativas encontradas nas pesquisas de JAKOBSEN et al. (2002) e COBUCI et al. (2006) na raça Holandesa, menor que as reportadas por GONZÁLEZ-PEÑA et al. (2011) na raça Siboney em Cuba, e por FREITAS et al (2010) e SANTOS (2011) na raça Guzerá.

A  $PS_2$  é uma medida que tem sido utilizada nas avaliações genéticas para produção de leite na raça Gir (ABCZ, 2012), entre outros motivos, pelo fato de considerar que o pico da lactação ocorre entre os 30 e 60 dias na primeira lactação, como é de se esperar que aconteça nesta raça, e porque a correlação entre os valores genéticos preditos para a  $p305$  e  $PS_2$ , foram próximas a zero. Comparando diferentes medidas de persistência, MADSEN

(1975) também observou diferenças nas estimativas de herdabilidade, o que, segundo este autor, podem ser atribuídas às diferentes maneiras como elas foram estimadas, aos períodos da lactação que cada uma delas leva em consideração e à eficiência biológica com que cada medida consegue descrever a persistência da lactação. Conforme SANTOS et al. (2011), a maior estimativa de herdabilidade encontrada para  $PS_1$  pode estar relacionada ao fato desta medida considerar unicamente a variância residual da última parte da lactação a qual apresentou a menor das estimativas, enquanto que a  $PS_2$  considera a maioria das variâncias residuais ao longo da lactação. Entretanto, as estimativas de herdabilidade para P305 foram semelhantes às encontradas para o coeficiente  $a_0$  (Tabela 3), da mesma maneira que as estimadas para  $PS_2$  similares as encontradas para  $a_1$ , nas duas lactações (Tabela 4). A estimativa de herdabilidade equivalente para a P305 e o coeficiente  $a_0$  na primeira lactação foi observada também por PEREIRA (2012) na raça Gir.

A estimativa de herdabilidade para a P305 na primeira lactação no presente trabalho é maior às encontradas em vários estudos feitos na raça Holandesa (JAMROZIK et al., 1997; JAKOBSEN et al., 2002; DORNELES et al., 2009; COSTA et al., 2005) e em raças zebuínas (PEREIRA et al., 2012, SANTOS, 2011). A estimativa de herdabilidade para a P305 na segunda lactação é similar à reportada por JAMROZIK et al. (1997). Com base nas estimativas de herdabilidade para a persistência da lactação, é de se esperar ganhos genéticos moderados quando utilizada a  $PS_1$  como critério de seleção na raça Gir na primeira lactação, e quando utilizadas qualquer das duas medidas na segunda lactação.

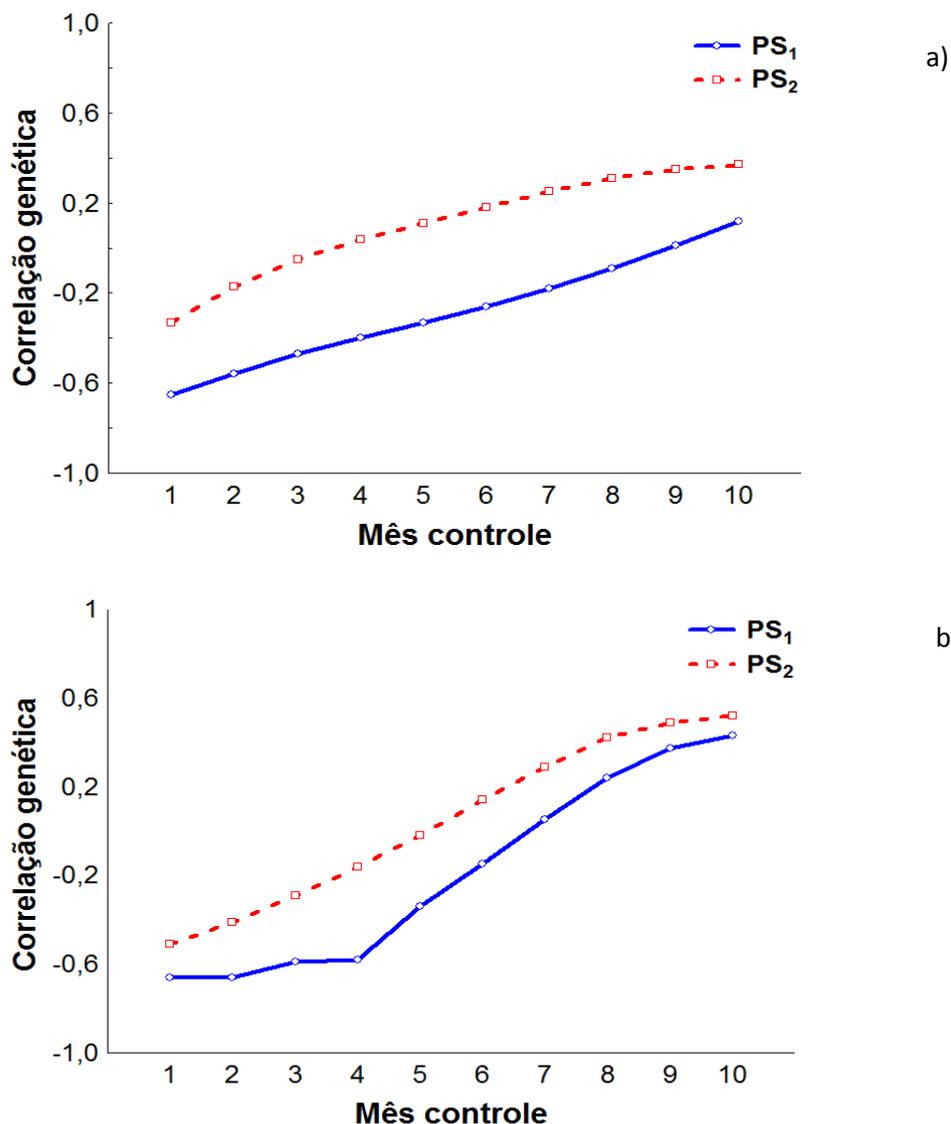
**Tabela 4.** Estimativas de herdabilidade (diagonal em negrito), correlações genéticas (acima da diagonal) e de ambiente permanente (abaixo da diagonal) para as medidas de persistência ( $PS_i$ ) e P305 na primeira e segunda lactação.

	Primeira Lactação			Segunda Lactação		
	$PS_1$	$PS_2$	P305	$PS_1$	$PS_2$	P305
$PS_1$	<b>0,19</b>	0,86	-0,34	<b>0,43</b>	0,90	-0,28
$PS_2$	0,91	<b>0,12</b>	0,07	0,91	<b>0,27</b>	-0,02
P305	0,15	0,33	<b>0,41</b>	-0,18	0,06	<b>0,38</b>

A alta magnitude da estimativa de correlação genética entre as duas medidas de persistência (Tabela 4) é coerente com a maioria de estudos na raça Holandesa (JAKOBSEN et al, 2002; COBUCCI et al, 2004 e COBUCCI et al, 2006), na raça Gir (PEREIRA et al., 2012) e na raça Guzerá (SANTOS, 2011). Este resultado indica que estas duas características são determinadas, em grande parte, pelos mesmos conjuntos de genes, o que seria de se esperar, dado o similar enfoque das medidas em quantificar a redução da produção de leite após o pico de lactação. As estimativas de correlação de ambiente permanente (Tabela 4) entre as  $PS_i$  nas duas lactações foi de 0,91.

As correlações genéticas da  $P305$  com  $PS_1$  foram negativas e baixas e praticamente nulas com  $PS_2$ , nas duas lactações. Estes resultados de correlação genética entre a  $PS_1$  e a  $P305$ , se encontram no intervalo de estimativas reportadas na maioria de trabalhos envolvendo esta medida de persistência da lactação na raça holandesa (JAKOBSEN et al, 2002; COBUCCI et al, 2004 e FREITAS et al, 2010). SANTOS (2011) na raça Guzerá, estimou correlação genética na primeira lactação entre a  $PS_1$  e a  $P305$ , de -0,31, muito próxima à encontrada no presente trabalho.

As estimativas de correlação genética entre a  $PS_1$  e as produções de leite no dia do controle (PLDC) (figura 2) na primeira lactação, variaram entre -0,65 e 0,12 e apresentaram aumento com o avanço da lactação, sendo encontradas estimativas negativas com as PLDC do primeiro até o oitavo controle. Já entre a  $PS_2$  e as PLDC, as estimativas de correlação genética variaram entre -0,33 e 0,37, também apresentando incremento das estimativas com o avanço da lactação, com valores negativos para as três primeiras PLDC e positivas para as demais. Na segunda lactação, as correlações genéticas entre as  $PS_i$  e as PLDC também aumentaram com o avanço da lactação, entretanto, as magnitudes foram maiores com as PLDC do começo e do final da lactação, comparadas com essas estimativas na primeira lactação. Entre as PLDC e a  $PS_1$ , as estimativas foram positivas a partir da PLDC7 e no caso da  $PS_2$  negativas até a PLDC5.



**Figura 2.** Estimativas de correlação genética entre as medidas de persistência (PS<sub>1</sub> e PS<sub>2</sub>) e as produções de leite no dia do controle (PLDC) da primeira (a) e da segunda lactação (b).

As estimativas negativas para a maioria das PLDC com a PS<sub>1</sub> da primeira lactação no presente trabalho diferem do trabalho de JAKOBSEN et al. (2002), na raça Holandesa. No entanto, estas foram similares às encontradas por SANTOS (2011) na raça Guzerá. Nas duas lactações, as estimativas de correlação genética entre as PS<sub>i</sub> com as PLDC foram maiores para a PS<sub>2</sub>.

As estimativas de correlação genética negativa entre as PS<sub>i</sub> com as PLDC do início e positiva com as PLDC do final da lactação, sugerem que a seleção com base nas PLDC do final da lactação será acompanhada do

aumento da persistência, embora as estimativas sejam de mediana a baixa magnitude.

Algumas considerações devem ser atendidas na hora de se eleger uma medida de persistência como critério de seleção. Segundo DEKKERS et al. (1998) a medida de persistência ideal é aquela que apresenta moderada estimativa de herdabilidade e baixa correlação genética com a P305. Além disso, uma medida com baixa correlação genética com as PLDC próximas ao pico e uma correlação maior com as PLDC após o pico de lactação, também é desejável, na tentativa de mudar o formato da curva de lactação atual para um formato de menor queda da produção de leite após o pico de produção. Neste caso, a  $PS_2$  poderia ser a medida mais indicada nas avaliações genéticas da raça Gir, devido a baixa correlação com a P305, herdabilidade de moderada magnitude e à correlação genética positiva com as PLDC posteriores ao pico de lactação. A  $PS_1$ , a qual está muito associada com a estimativa de  $a_1$  neste trabalho e em outros estudos na raça Holandesa (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997; JAKOBSEN et al., 2002; COBUCI et al., 2007), pode ser mais eficiente como critério de seleção na última raça mencionada, a qual tem um formato de curva de lactação que difere do formato que tem a curva de produção de leite da raça Gir, com pico de lactação após o terceiro mês, diferente da raça Gir que apresenta o pico entre os 30 e 60 dias.

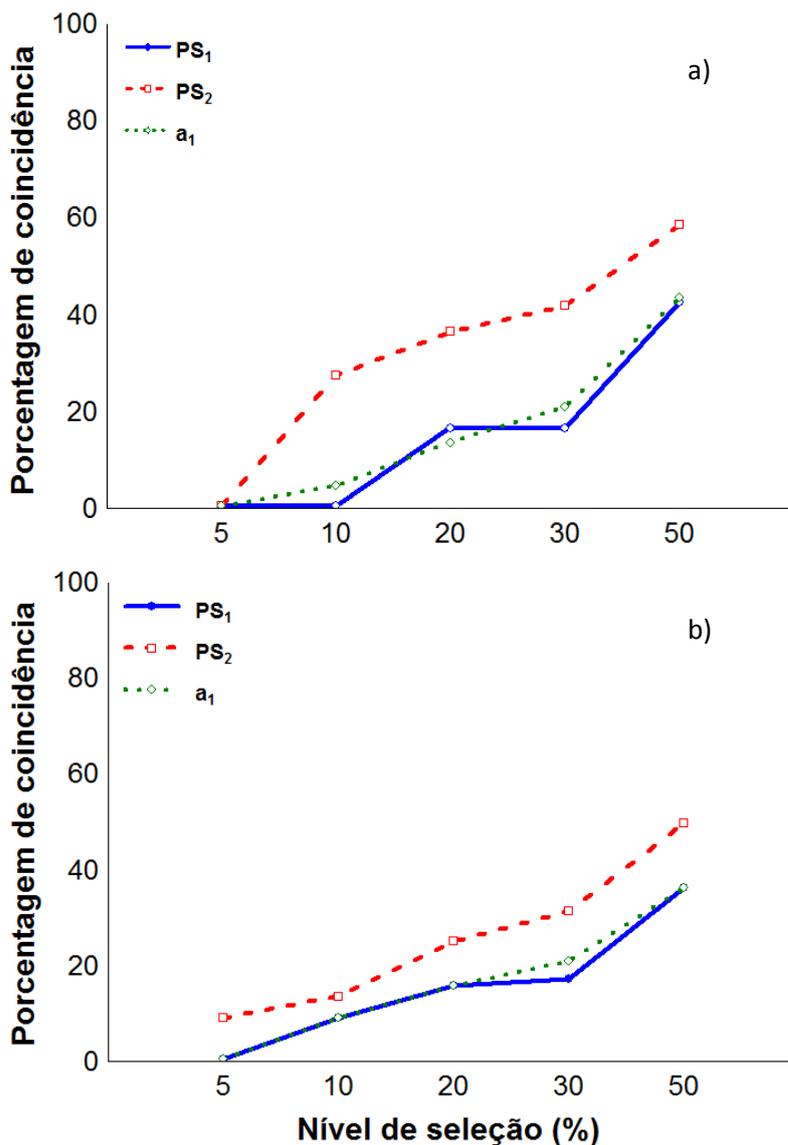
A correlação de posição (Tabela 5) entre os valores genéticos preditos para as  $PS_i$  dos touros com no mínimo 5 filhas com registros de produção de leite, foi de 0,80 e de 0,88 na primeira e segunda lactação, respectivamente. Entre as  $PS_i$  e a P305, a correlação foi de -0,27 e 0,22 na primeira e de -0,21 e 0,11 na segunda lactação para a  $PS_1$  e  $PS_2$ , respectivamente, sendo estas estimativas da mesma magnitude que as encontradas entre as  $PS_i$  e o coeficiente de regressão  $a_0$ , nas duas lactações. SANTOS (2011) encontrou estimativa de -0,44 entre a  $PS_1$  e a P305, de maior magnitude à encontrada no presente trabalho. A correlação de posição entre a  $PS_1$  com o coeficiente  $a_1$  nas duas lactações foi de 1,00, enquanto que entre a  $PS_2$  e  $a_1$  foi de 0,83 na primeira e de 0,89 na segunda lactação. As correlações de posição entre as  $PS_i$  e entre as  $PS_i$  e a P305 indicam que há uma significativa alteração na classificação dos touros quando um ou outro modelo é empregado nas

avaliações genéticas para produção de leite (COBUCI et al., 2007; SANTOS, 2011).

**Tabela 5.** Correlação de posição(primeira linha de cada celula) entre os valores genéticos preditos de 226 touros para as medidas de persistência ( $PS_1$  e  $PS_2$ ), produção de leite acumulada até os 305 dias (P305) e os coeficientes de regressão aleatória ( $a_0$  e  $a_1$ ) e coincidência de ranking (segunda linha de cada celula) expressa em porcentagem entre as características para o 5% de touros melhor posicionados na primeira (acima da diagonal) e na segunda (embaixo da diagonal) lactação.

	$PS_1$	$PS_2$	P305	$a_0$	$a_1$
$PS_1$	1	0,80 72,73	-0,27 0,00	-0,27 0,00	1,00 100
$PS_2$	0,88 45,40	1	0,22 0,00	0,22 0,00	0,83 72,73
P305	-0,21 0,00	0,11 9,10	1	1,00 100	-0,22 0,00
$a_0$	-0,21 0,00	0,11 9,10	1,00 100	1	-0,22 0,00
$a_1$	1,00 100	0,89 45,4	-0,19 0,00	-0,19 0,00	1

A porcentagem de coincidência (Tabela 5) entre as  $PS_i$  e a P305 e entre o coeficiente de regressão  $a_1$  e a P305 no ranking dos 11 touros (top 5%) melhor posicionados para cada característica foi nula nas duas lactações. Entre a P305 e  $a_0$  e entre a  $PS_1$  e  $a_1$  a coincidência foi de 100% nas duas lactações. Entretanto a coincidência entre as  $PS_i$  foi de quase 73% na primeira e de 45% na segunda lactação. Quando levado em consideração o coeficiente  $a_0$  as coincidências no ranking com as outras características foram da mesma magnitude que as encontradas entre a P305 e as outras características nas duas lactações o que também aconteceu com o coeficiente  $a_1$  com relação a  $PS_1$ .



**Figura 3.** Porcentagem de coincidência no ranking entre as medidas de persistência ( $PS_1$  e  $PS_2$ ) e o coeficiente de regressão  $a_1$  com a produção de leite acumulada até os 305 dias ( $P_{305}$ ), para touros com no mínimo 5 filhas com registros de produção de leite em diferentes níveis de seleção para a primeira (a) e segunda lactação (b).

A porcentagem de coincidência de touros entre as  $PS_i$  e o coeficiente  $a_1$  com a  $P_{305}$ , quando feita a seleção com base nos valores genéticos preditos para a  $P_{305}$  em diferentes níveis de seleção pode ser observada na Figura 3. Nas duas lactações a  $PS_1$  e o coeficiente de regressão  $a_1$  apresentaram as mesmas porcentagens de coincidência com exceção do nível 10% na primeira e do nível 30% nas duas lactações.

O número de animais em comum com o coeficiente de regressão  $a_0$  nas duas lactações foi de 100% em todos os níveis (não mostrado na Figura 3). A

PS<sub>2</sub> apresentou a maior porcentagem de coincidência nas duas lactações, sendo maior com a diminuição do nível de seleção. O maior número de animais em comum quando realizada a seleção considerando maior proporção de animais para a PS<sub>1</sub> na primeira lactação foi também observado por COBUCI et al. (2007) na raça Holandesa e por PEREIRA et al. (2012) na raça Gir. Como observado nos dois estudos mencionados, é de se esperar maior coincidência de touros a medida que diminui a intensidade de seleção.

## **CONCLUSÕES**

Dentre as medidas de persistência consideradas no presente estudo, a PS<sub>2</sub> é a mais indicada para se considerar nas avaliações genéticas para persistência da lactação na raça Gir, dado a estimativa de herdabilidade moderada, a baixa correlação genética com a P305, a maior correlação genética com as PLDC do final da lactação e a maior coincidência no ranking com base nos valores genéticos preditos para a P305, em comparação com a PS<sub>1</sub>.

## REFERÊNCIAS

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU – ABCZ. **Sumário de Touros – Aptidão Leiteira – Gir e Gir Mocho**. [2012] Disponível em: <<http://www.pmgz.org.br/?gadoleite>> Acesso em: 14/09/2012.

COBUCI, A.J.; EUCLYDES, R.F.; COSTA, C.N. Análises da persistência na lactação de vacas da raça Holandesa, usando produção no dia do controle e modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p.546-554, 2004.

COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; TEIXEIRA, N.M. et al. Utilização dos polinômios de Legendre e da função de Wilmink em avaliações genéticas para persistência na lactação de animais da raça Holandesa. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.4, p.614-623, 2006.

COBUCI, J.A.; EUCLYDES, R. F.; COSTA, C.N.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; PEREIRA, C. S. Genetic evaluation for persistency of lactation in Holstein cows using a random regression model. **Genetics and Molecular Biology**, v.30, n.2, p.349-355, 2007.

COSTA, C.N.; MELO, C.M.R. de; MACHADO, C.H.C.; FREITAS, A.F. de; PACKER, I.U.; COBUCI, J. de A. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.1519-1530, 2005.

DEKKERS, J.C.M., TEM HAG, J.H., WEERSINK, A. Economic aspects of persistency of lactation in dairy cattle. **Livestock Production Science**, v.53, p. 237-252, 1998.

DORNELESS, C. K. P.; RORATO, P. R. N.; COBUCI, J. A.; et al. Persistência na lactação para vacas da raça Holandesa criadas no Estado do Rio Grande do Sul via modelos de regressão aleatória. **Ciência Rural**, v.39, n.5, p.1485-1491, 2009.

DRUET T.; JAFFRÉZIC, F.; BOICHARD, D. et al. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows, **Journal of Dairy Science**, v.86, p.2480-2490, 2003.

FREITAS, L. S.; SILVA, M. A.; VERNEQUE, R. S.; et al. Avaliação da persistência na lactação da raça Guzerá, utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.62, n.2, p.401-408, 2010.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments (eds. Bernardo, J. M.; Berger, J. O.; Dawid, A. P.; Smith, A. F. M.), New York: Oxford University Press, **Bayesian Statistics**, Oxford, v.4, p.625-631, 1992.

GONÇALVES, T.M., MARTINEZ, M.L., MILAGRES, J.C. Curva de lactação na raça Gir. 2. Influência dos fatores de meio ambiente, estimativas de repetibilidade e herdabilidade para os parâmetros da curva de lactação quadrática logarítmica. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.26, n.1, p.88-97, 1997.

GONZÁLEZ-HERRERA, L.G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.9, p.1584-1594, 2008.

GONZÁLEZ-PEÑA, D. F.; ESPINOZA, V. J. L.; PALACIOS, E. A.; et al. Parametros genéticos para la persistencia de la lactación en vacas Siboney usando modelos de regresión aleatória. **Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias**, v.2, n.2, p.151-160, 2011.

HEIDELBERGER, P., & P. WELCH. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operation Research**, v.31, p.1109–1144, 1993.

INTERBULL. [2011]. <<http://www-interbull.slu.se/eval/framesida-prod.htm>>. Acesso em: 10/10/2012.

JAKOBSEN, J. H., MADSEN, P.; JENSEN, J.; PEDERSEN, J.; CHRISTENSEN, L. G.; SORENSEN, D. A. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holstein estimated in random regression models using REML. **Journal of Dairy Science**, v. 85, n. 6, p. 1606-1616, 2002.

JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G. J.; DEKKERS, J. C. M. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. **Journal of Dairy Science**, v.80, p. n. 1, 2550-2556, 1997.

JAMROZIK J.; SCHAEFFER, L. R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for production of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762– 770, 1997.

JAMROZIK, J.; GIANOLA, D. & SCHAEFFER, L.R. Bayesian estimation of genetic parameters for test day records in dairy cattle using linear hierarchical models. **Livestock Production Science**, v.71, p.223-240, 2001.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. & WEIGEL, K.A. Estimates of genetic parameters for single- and multiple-country test-day models. **Journal of Dairy Science**, v.85, p.3131-3141, 2002.

LIU, Z., F.; REINHARDT, A.; BÜNGER, L. et al. Application of a random regression model to genetic evaluations of test day yields and somatic cell scores in dairy cattle. **Interbull Bulletin**, v.27, p.159–166, 2001.

MADSEN, O. A comparison of some suggested measures of persistency of milk yield in dairy cows. **Animal Production**. v. 20, p. 191-197, 1975.

MISZTAL, I. **BLUPF90 Manual**. [2010]. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>> Acesso em: 10/10/2010

PEREIRA, R. J. **Modelos genéticos para a produção no dia do controle em bovinos Gil leiteiro (*Bos indicus*)**. 2012. 116f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

PEREIRA, R.J.; VERNEQUE, R.S.; LOPES, P.S. et al. Milk yield persistency in Brazilian Gyr cattle based on a random regression model. **Genetics and Molecular Research**, v.11, n.2, p.1599-1609, 2012.

PEREIRA, R. J. BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; et al. Random regression models using Legendre polynomials or linear splines for test-day Milk yield of dairy Gil (*Bos Indicus*) cattle. *Journal of Dairy Science*, v.96, p.1-10, 2013.

POOL, M.H.; JANSS, L.L.G.; MEUWISSEN, T.H.E. Genetic parameters of Legendre polynomials for first parity lactation curves. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.2640-2649, 2000.

PTAK, E.; SCHAEFFER, L.R. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. **Livestock Production Science**, v.34, p.23-34, 1993.

REBUOCAS, G. F.; GONCALVES, T. M.; MARTINEZ, M.L.; et al. Novas funções para estimar a produção de leite, em 305 dias de lactação, de vacas da raça Gir. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.37, n.7, p.1222-1229, 2008.

SANTOS, D.J.A. **Diferentes abordagens para modelar a produção de leite de bovinos da raça Guzerá**. 2011. 141f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

SCHAEFFER, L.R. Tópicos avançados em melhoramento animal: random regression models. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 1996. p.25-33. (notas do curso).

SHAHRBABAQ, M.M. **Feasibility of random regression models for Iranian Holstein testday records**. 1997. 138f. Thesis (PHD) – University of Guelph, Guelph, Canadá, 1997.

SMITH, B. J. boa: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistical Software**, v.21, p.1–37, 2007.

STRABEL, T.; PTAK, E.; SZYDA, J. et al. Multiple-lactation random regression test-day model for Polish Black and White cattle. **Interbull Bulletin**, v.32, p.133-136, 2004.

STRABEL, T. & JAMROZIK, J. Genetic Analysis of Milk Production Traits of Polish Black and White Cattle Using Large-Scale Random Regression Test-Day Models. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.3152-3163, 2006.