

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

**ESTUDO GENÉTICO QUANTITATIVO DO FLUXO LÁCTEO EM
BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA**

Monyka Marianna Massolini Laureano

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Lucia Galvão de Albuquerque

Co-Orientadora: Dr^a. Lenira El Faro Zadra

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

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL

Novembro de 2008

L378e Laureano, Monyka Marianna Massolini
Estudo genético quantitativo do fluxo lácteo em bovinos da raça
Holandesa / Monyka Marianna Massolini Laureano. -- Jaboticabal,
2008

xv, 84 f. : il. ; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, 2008

Orientadora: Lucia Galvão de Albuquerque

Banca examinadora: Laila Talarico Dias Teixeira, Aníbal Eugênio
Vercesi Filho, Humberto Tonhati, Henrique Nunes de Oliveira

Bibliografia

1. Características funcionais. 2. Funções de covariâncias. 3.
Modelos de regressão aleatória. I. Título. II. Jaboticabal - Faculdade
de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.082:636.2

unesp



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



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO


TÍTULO: ESTUDO GENÉTICO QUANTITATIVO DO FLUXO LÁCTEO EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA

AUTORA: MONYKA MARIANNA MASSOLINI LAUREANO
ORIENTADORA: Dra. LUCIA GALVAO DE ALBUQUERQUE
Co-Orientador(a): Dra. LENIRA EL FARO ZADRA

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR em GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL pela Comissão Examinadora:


Dra. LUCIA GALVAO DE ALBUQUERQUE


Dra. LAILA TALARICO DIAS TEIXEIRA


Dr. ANIBAL EUGÊNIO VERCESI FILHO


Dr. HUMBERTO TONHATI


Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA

Data da realização: 24 de novembro de 2008.


Presidente da Comissão Examinadora
Dra. LUCIA GALVAO DE ALBUQUERQUE

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

MONYKA MARIANNA MASSOLINI LAUREANO – filha de José Sérgio Laureano e Maria Massolini Laureano, nasceu em 17 de outubro de 1980, na cidade de Ribeirão Bonito, estado de São Paulo. É Zootecnista formada na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Campus de Jaboticabal, em 31 de julho de 2004. Ingressou no Programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal, na mesma universidade, em 01 agosto de 2004, sob orientação da Prof^a. Dr^a. Lúcia Galvão de Albuquerque. Em 21 de fevereiro de 2006, submeteu-se ao exame final de defesa de dissertação de mestrado intitulada “Polimorfismos nos genes da Prolactina e do IGF- 1 em bovinos da raça Nelore”, obtendo o título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal. Em 01 de março de 2006 iniciou o doutorado no mesmo programa de pós-graduação, também sob orientação da Prof^a. Dr^a. Lúcia Galvão de Albuquerque. No dia 24 de novembro de 2008, submeteu-se ao exame final de defesa de tese de doutorado intitulada “Estudo genético quantitativo do fluxo lácteo em bovinos da raça Holandesa”, obtendo o título de Doutor em Genética e Melhoramento Animal.

“Esse trabalho não são apenas linhas com discussões e resultados. É a história de vidas, ou seja, de todas as pessoas que participaram, seja direta ou indiretamente, para hoje esse trabalho se concretizar. Dos meus pais, por terem se esforçado para que eu estudasse e conseguisse realizar meu sonho de um dia ser doutora. Dos professores que me ensinaram a arte da zootecnia, em se tratando de todas as linhas de pesquisa. Desta universidade, por ter me oferecido todo o conhecimento, repassados pelos professores, bem como a infra-estrutura necessária. Dos amigos que fiz em Jaboticabal, tanto aqueles do curso de zootecnia, quanto os da pós-graduação. Dos orientadores, pela oportunidade que me deram para que eu pudesse trabalhar dentro da suas linhas de pesquisa, e pelo conhecimento repassado. Enfim, de todos aqueles com quem convivi nesses 9 anos de batalha e muito esforço. Esse trabalho também resume muitos sentimentos... de tristezas e alegrias, dúvidas e conclusões, dificuldades e facilidades, certezas e incertezas, fraquezas e força de vontade, enfim, denota todo o esforço para que este trabalho fosse concluído da melhor forma possível. Espero que esta tese contribua para o conhecimento de algumas pessoas, e para aqueles que não são da área, me basta passar a idéia de que tudo, por mais difícil que pareça ser, deve ser feito com muita responsabilidade e sem medir esforços.”

"A vida não é um corredor reto e tranquilo que nós percorremos livres e sem empecilhos, mas um labirinto de passagens, pelas quais nós devemos procurar nosso caminho, perdidos e confusos, de vez em quando presos a um beco sem saída. Porém, se tivermos fé, uma porta será aberta para nós, não talvez aquela sobre a qual nós mesmos nunca pensamos, mas aquela que definitivamente se revelará boa para nós."

(A. J. Cronin)

Ofereço

Aos meus pais, Maria e Sérgio, pelo amor, confiança e apoio dispensados em todos esses anos de estudos. Por terem sempre me acompanhado, sofrendo e sonhando junto comigo, muitas vezes deixando de lado seus compromissos e não medindo esforços para contribuírem nas realizações de meus sonhos, da mesma forma, sempre acreditando nos meus objetivos e nunca duvidando da minha capacidade e dedicação.

Às minhas irmãs Marcella e Michelli, pelos conselhos e experiências que me passaram, por sempre terem me incentivado a buscar meus sonhos e, por vocês serem sempre tão especiais para mim. E à minha sobrinha e afilhada Bianca, que possui um lugar especial no meu coração e que a cada dia me transmite mais carinho e alegria.

Obrigada por tudo e lembrem-se que Amo muito vocês!

Dedico

Ao meu noivo Mârcio que sempre esteve ao meu lado me apoiando nos momentos mais difíceis, além de ter preenchido com amor, amizade, carinho e felicidade a minha vida durante todo este período de convivência.

"O homem não morre quando deixa de viver, mas sim quando deixa de amar."

(Charles Chaplin)

Agradecimentos

À Deus por permitir que eu chegasse até aqui com muita saúde e sempre rodeada de pessoas maravilhosas.

À Universidade Estadual Paulista Campus de Jaboticabal e ao Departamento de Zootecnia pela oportunidade de realização do curso de zootecnia e da pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos de mestrado e de doutorado.

À minha orientadora Lúcia Galvão de Albuquerque por ter acreditado no meu potencial e pelos ensinamentos transmitidos para o desenvolvimento desse trabalho, além da amizade, paciência e confiança durante esses anos de convívio.

À minha co-orientadora Lenira pelos ensinamentos, pela amizade, atenção e ajuda que prestou durante toda a execução deste trabalho.

À Agropecuária Agrindus S.A., pela concessão dos dados.

Ao Prof. João Ademir, pelas sugestões e correções no exame de qualificação.

Ao Prof. Henrique Nunes, pelas sugestões e correções tanto no exame de qualificação quanto na defesa.

À Profª. Laila e ao Dr. Aníbal, pela disponibilidade e pelas sugestões e correções na defesa.

Ao Prof. Tonhati, não só pelas sugestões e correções no exame de qualificação e de defesa, mas pela amizade e ajuda durante todos esses anos de convivência.

Aos amigos e colegas do "Melhoramento Animal" pelo companheirismo e pela agradável convivência.

Aos amigos e colegas da "Fisiologia Animal", pelo acolhimento e pela agradável convivência em todos os momentos.

Ao amigo Antônio Roberto (Beto) pelos ensinamentos, conselhos, amizade e atenção dispensada sempre que solicitada.

Aos amigos André (Murote), Annaíza, Arione, Denise, Fábio, Fernando, Luciana, Marcos e Marcio, pela consideração e pelos agradáveis momentos de convívio.

Aos amigos Bruno (Faiado) e Melina (Mel), pelo carinho, incentivo e consideração durante todos esses anos de convívio.

À turma de Zootecnia 2000, pelo carinho e pelas lembranças durante os anos de convivência.

Aos fiéis escudeiros Bi ("in memoria") e Nina por terem me acompanhado e me protegido durante muitos anos da minha vida, estando sempre ao meu lado para me fazer companhia, me transmitindo muito carinho e alegria.

Enfim, à todos que, direta e indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

"A amizade é um amor que nunca morre."

(Mário Quintana)

Sumário

RESUMO	XII
ABSTRACT	XIV
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
OBJETIVOS.....	3
SÍNTESE BIBLIOGRÁFICA	3
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	9
CAPÍTULO 2 – PARÂMETROS GENÉTICOS PARA FLUXO LÁCTEO NO DIA DO CONTROLE PARA A PRIMEIRA LACTAÇÃO DE VACAS DA RAÇA HOLANDESA.....	12
INTRODUÇÃO	13
MATERIAL E MÉTODOS.....	14
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	17
CONCLUSÃO	28
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	29
CAPÍTULO 3 – ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA FLUXO LÁCTEO DE VACAS DA RAÇA HOLANDESA UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	32
INTRODUÇÃO	33
MATERIAL E MÉTODOS.....	34
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	39
CONCLUSÕES	54
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	54
CAPÍTULO 4 – ESTIMAÇÃO DE FUNÇÕES DE COVARIÂNCIAS PARA O FLUXO LÁCTEO DE VACAS DA RAÇA HOLANDESA UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA COM FUNÇÕES B-SPLINES	60
INTRODUÇÃO	61
MATERIAL E MÉTODOS.....	62
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	66
CONCLUSÃO	79
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	80
5 - CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	83

TÍTULO: ESTUDO GENÉTICO QUANTITATIVO DO FLUXO LÁCTEO EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA.

RESUMO - Parâmetros genéticos para o fluxo lácteo medido no dia do controle (FLDC) de primeiras lactações de vacas da raça Holandesa foram estimados utilizando modelos de dimensão finita (TDM) e modelos de regressão aleatória. Para os TDM foram analisadas 10 características por meio de modelos uni e bi e multi-características e de repetibilidade, que continham como aleatórios, o efeito genético aditivo e o efeito residual e, como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos e as covariáveis idade da vaca ao parto. A variável número de dias em lactação foi incluída somente no modelo de repetibilidade. Para os MRA, foram considerados os efeitos aleatórios genético aditivo direto, de ambiente permanente e o residual. Foram considerados como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos, os efeitos linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população, modelada por meio de polinômios ortogonais de Legendre de quarta ordem. Os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre e por meio de funções *b-splines*. Diferentes estruturas de variâncias residuais foram testadas, por meio de classes contendo 1, 7, 10, 20 e 43 variâncias residuais, para os MRA modelados por meio de polinômios de Legendre. Já, para os MRA modelados por funções *b-splines*, a estrutura residual foi considerada heterogênea, contendo 7 classes de variâncias. Os MRA foram comparados usando o teste de razão de verossimilhança, o critério de informação de Akaike e o critério de informação de Bayesiano de Schwarz. As estimativas de herdabilidade (h^2) para os FLDC variaram de 0,23 a 0,32 nas análises uni-características, de 0,24 a 0,32 nas bi-características e de 0,28 a 0,37 nas multi-características. Os valores de h^2 estimados variaram no decorrer da lactação, sendo que no início, até os quatro meses, as estimativas foram maiores. A h^2 estimada pelo modelo de repetibilidade foi igual a 0,27 e o coeficiente de repetibilidade foi de 0,66 na primeira lactação. Para os MRA modelados por meio de polinômios ortogonais de Legendre, em relação à variância residual, o melhor modelo foi aquele que considerou 7

classes residuais. E, para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, o modelo mais adequado para o ajuste dos dados foi aquele que utilizou polinômio de terceira e sexta ordens para esses efeitos. As estimativas de h^2 para este modelo variaram entre 0,23 a 0,38. Em relação aos MRA modelados por meio de funções *b-splines*, o modelo empregando uma *b-splines* quadrática com sete coeficientes de regressão e cinco segmentos, foi suficiente para o ajuste dos dados. Para este modelo, os valores das estimativas de h^2 variaram entre 0,28 a 0,39. Os resultados encontrados indicam que o fluxo lácteo pode promover ganhos genéticos rápidos se for selecionado, visto que as herdabilidades estimadas foram de magnitude moderada a alta. Dentre os modelos avaliados, o MRA empregando polinômio de Legendre de terceira e sexta ordens, respectivamente, para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, foi o mais adequado para as análises do fluxo lácteo.

Palavras-chave – Características funcionais, Funções de covariância, Funções *b-splines*, Modelos de regressão aleatória, Parâmetros genéticos, Polinômios de Legendre.

TITLE: GENETIC QUANTITATIVE MILK FLOW ESTUDY OF HOLSTEIN CATTLE.

ABSTRACT – Flow milk genetic parameters to the first lactation test-day milk yields of Holstein cattle were estimated using Test-day models (TDM) and Random regression models (RRM). Ten TDM different traits were analyzed using uni, bi and multi-trait and repeatability animal models, that included the additive genetic as random effect and the fixed effects of contemporary group, age of cow (linear and quadratic) as covariables. The days in milk (linear) variable was included only at repeatability model. To RRM were included the additive genetic, permanent environmental and residual as random effects, the fixed effects of contemporary group, age of cow as covariable (linear and quadratic effects) and a 4th-order Legendre orthogonal polynomials of days in milk, to model the mean trend. The additive genetic and permanent environmental effects were fitted by Legendre orthogonal polynomials and b-splines functions. Different structures of residual variances were used, through the variances classes containing 1, 7, 10, 20, and e 43 residual variances, to the models fitted by Legendre orthogonal polynomials. Moreover, for the RRM fitted by b-splines-functions, the residual structure was considered heterogeneous, having 7 variance classes. The RRM were compared by Likelihood ratio test, Bayesian and Akaike's information criteria. The heritability estimated ranged from 0.23 to 0.32 by uni-trait analyses, from 0.24 to 0.32 by bi-traits analyses and from 0.28 to 0.37 by multi-trait analyses. The h^2 estimates varied during the lactation being the highest estimate at the fourth month. The estimate obtained by the repeatability model was 0.27, and a repeatability estimate of 0.66. For the MRA fitted by Legendre orthogonal polynomials, related to the residual variance, the best model the one that deemed 7 residual classes. For the additive and permanent environmental effects, the having 3th-order and a 6th-order model fitted best, respectively, for these effects. The h^2 estimates for this model ranged from 0.23 to 0.38. About MRA fitted by b-splines functions, the model using a quadratic b-splines function with seven regression coefficients and five segments was sufficient for the data's adjustment. For this model the h^2 estimates ranged from 0.28 to 0.39. The results indicated that milk flow can promote rapid genetic gains if selected due the heritability estimates being from

moderate to high. Among the evaluated models, a model having a 3th-order Legendre polynomial to additive and a 6th-order polynomial to permanent environmental effects fitted best to the flow milk analyses.

Keywords – Functional traits, Covariance functions, b-splines functions, Random regression models, Genetic parameters, Legendre polynomials.

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

O rebanho nacional de gado de leite é expressivo, entretanto, os níveis de produtividade ainda não são satisfatórios. Deficiências de manejo relacionadas com a qualidade do leite, assim como, custos de produção e o potencial genético dos rebanhos contribuem diretamente para esse resultado. Nesse contexto, um dos objetivos dos pesquisadores e produtores de leite tem sido investigar características que possam contribuir para o aumento da eficiência dos sistemas de produção de leite.

Dentre as várias características estudadas, as funcionais, como o fluxo lácteo (kg de leite/min) e tempo de ordenha, têm se mostrado de grande importância pelo fato de estarem possivelmente associadas com a rentabilidade do sistema de produção. Isso se deve ao fato de que a seleção de animais para maior fluxo lácteo pode implicar em aumento da produção de leite por minuto de ordenha das vacas, influenciando de forma importante na produção total de leite do rebanho. Além disso, com o aumento da velocidade de ordenha, por meio do processo de seleção, pode ocorrer uma redução no tempo de ordenha total e, conseqüentemente, dos custos dispensados com essa atividade. De acordo com BOETTCHER et al. (1998), o aumento da velocidade de ordenha por vaca promove redução nos gastos com energia elétrica e aumenta a durabilidade dos equipamentos de ordenha. Por outro lado, o fluxo lácteo também tem importância em estudos relacionados com características que envolvem a saúde do úbere, pois a seleção para tempo de ordenha pode estar associado com a incidência de mastite no rebanho. Neste caso, a maior velocidade de ordenha, reduz a tensão do esfíncter mamário, proporcionando menor resistência do úbere à infecção por patógenos causadores da mastite (BOETTCHER et al., 1998). Assim, tanto o fluxo lácteo como o tempo de ordenha devem ser avaliados de forma eficiente, considerando seus aspectos positivos e negativos, para, posteriormente, serem incorporados em índices de seleção aplicados em programas de melhoramento genético.

Estudos que envolvem a avaliação do tempo de ordenha ainda são bastante restritos, e a melhor forma de analisar esta característica ainda não está bem definida. Alguns dos fatores que têm contribuído para essa dificuldade é a diversificação na

forma de mensuração da característica em questão, feita por meio de escores visuais, mensuração por meio de cronômetros e até mensurações eletrônicas em ordenhadeiras que possuem equipamentos acoplados a programas de computador. Cabe ressaltar que as mensurações feitas por meio de escores visuais são as mais utilizadas, embora possam causar maiores erros nas avaliações, quando comparadas às medições realizadas por equipamentos eletrônicos que ainda são muito pouco utilizadas.

O tempo de ordenha pode ser medido várias vezes no mesmo animal ao longo do tempo (dentro de uma mesma lactação ou entre lactações), podendo ser este considerado uma medida repetida. Alguns modelos têm sido propostos para a avaliação dessa característica, seja ela medida de forma objetiva ou de forma subjetiva. Dentre eles, os modelos de repetibilidade (ERF et al., 1992; RENSING & RUTEN, 2005; WIGGANS et al., 2007), em que as medidas são consideradas uma só característica e as correlações genéticas entre elas são iguais à unidade, e os modelos multi-características (LUTTINEM & JUGA, 1997; RUPP & BOICHARD, 1999; VICARIO et al., 2006), em que as covariâncias não são estruturadas e cada medida é considerada como uma característica diferente, o que fornece predições para pontos ou idades específicos.

Outra possibilidade para a avaliação do tempo de ordenha é a aplicação de modelos de regressão aleatória (KARACAOREN et al., 2006). Esse tipo de análise permite a predição de valores genéticos para qualquer ponto desejado na escala de tempo, assim como para as funções da curva estudada. Além disso, permite melhor eficiência na utilização dos dados, uma vez que considera todas as medidas feitas no animal e em seus parentes, inclusive dados diários, podendo aumentar a acurácia de seleção. Nos modelos de regressão aleatória, os polinômios ortogonais de Legendre têm sido largamente empregados para descrever a trajetória das curvas fixas e aleatórias. Entretanto, polinômios de altas ordens têm sido necessários para modelar as mudanças de médias e variâncias ao longo da escala de tempo, o que proporciona aumento do número de parâmetros a serem estimados e aumento da demanda computacional para a estimação dos componentes de variâncias. Uma alternativa que vem sendo estudada para minimizar esses problemas é o emprego de polinômios

segmentados ou funções *splines* nos modelos de regressão aleatória. Essas curvas são formadas por segmentos de polinômios com baixo grau, que são unidos por determinados pontos chamados de nós. As funções *splines*, dependendo da forma com que são modeladas, podem facilitar a estimação dos parâmetros genéticos por se tratarem de funções de menores graus, e ainda, apresentam a vantagem de ter interpretação biológica simples (MEYER, 2005).

OBJETIVOS

Objetivos gerais

Estimar componentes de variâncias para fluxo lácteo utilizando diferentes modelos de análise, buscando propor alternativas para a inclusão desta característica como critério de seleção em programas de melhoramento genético de bovinos leiteiros.

Objetivos específicos

- Estimar parâmetros genéticos para o fluxo lácteo aplicando modelos uni, bi e multi-características e de repetibilidade;
- Estimar funções de covariâncias e parâmetros genéticos para o fluxo lácteo aplicando polinômios de Legendre ou funções *b-splines* em modelos de regressão aleatória, buscando modelos mais parcimoniosos.

SÍNTESE BIBLIOGRÁFICA

A maioria das avaliações genéticas de gado de leite se baseia na produção de leite e componentes, nas características funcionais como as de conformação e de saúde do úbere, e em outras relacionadas com a longevidade. Isso está relacionado ao fato dessas características apresentarem associação com características produtivas, o que pode contribuir para o aumento da eficiência da seleção para produção de leite, por vias indiretas. Entretanto, além dessas características, outras economicamente importantes, como o fluxo lácteo ou tempo de ordenha, estão associadas à eficiência e habilidade de produção, além da saúde do úbere. De acordo com SIVARAJASINGAM et al. (1984), o tempo de ordenha é a terceira característica mais importante que está

envolvida na rentabilidade de um rebanho leiteiro, depois da produção de leite e da porcentagem de gordura do leite.

O fluxo lácteo pode ser considerado uma característica funcional de grande importância em gado de leite, relacionada tanto à saúde do úbere quanto à eficiência de utilização da mão de obra. Fluxo lácteo maior está associado com diminuição no tempo de ocupação da mão de obra e, conseqüente, diminuição dos gastos com a mesma. Além disso, ordenha mais rápida implica em redução de custos com eletricidade e manutenção das máquinas. Entretanto, um maior fluxo lácteo pode estar associado com o aumento de incidência de mastite no rebanho (BOETTCHER et al., 1998).

A viabilidade da inclusão dessa característica no objetivo de seleção de programas de melhoramento genético vem sendo avaliada. Nesse contexto, BOETTCHER et al. (1998) agruparam o tempo de ordenha com características de conformação e de saúde do úbere, em um índice de seleção desenvolvido para características de saúde do úbere, pelo fato destas se mostrarem favoravelmente relacionadas entre si. Esses autores demonstraram que índices de seleção desenvolvidos para características de saúde do úbere que incluem o tempo de ordenha e características de conformação, são mais eficientes quando comparados a índices que incluem somente a contagem de células somáticas, em termos de resposta de seleção para o tempo total de ordenha. Para serem agregadas em um índice, as características devem ser avaliadas com eficiência, para que o progresso genético pela seleção das mesmas seja obtido de forma satisfatória. Nesse contexto, estudos que incluem o tempo de ordenha se tornam importantes, pois, além de ser uma característica pouco estudada, a melhor forma de analisá-la ainda não está bem definida. Um dos fatores que contribui para isto, é que vários tipos de medidas têm sido feitas para avaliar o fluxo lácteo, como: mensurações por escores subjetivos (com escalas variando de 1 a 8 pontos), mensuração por cronômetro e mensuração por medidores automáticos instalados nas salas de ordenha. Além disso, essas medidas são definidas de formas diferentes como tempo de ordenha total, produção de leite em até 2 minutos, pico e média do fluxo de leite produzido, dentre outras (BLACK & McDANIEL, 1978; VICARIO et al., 2006). Outro fato importante é que embora o tempo

de ordenha seja uma característica que possa ser medida repetidamente, existem trabalhos que a analisam como medida única por animal, provavelmente pelo fato de sua mensuração ser bastante trabalhosa quando não existem equipamentos eletrônicos. Assim, fica claro que pesquisas que envolvem a descrição desta característica, assim como as formas de avaliação, são bastante variadas.

Alguns estudos descritos na literatura analisaram a correlação genética entre as mensurações de fluxo lácteo feitas de forma objetiva (kg/min) e subjetiva (por escores). VICARIO et al. (2006) verificaram que existe correlação de 82,7% entre os dois diferentes métodos de medição do fluxo lácteo. Esses resultados são semelhantes aos estudos prévios de RENSING & RUTEN (2005) que relataram correlação de 79% entre os tipos de mensurações. Entretanto, ZWALD et al. (2005) relataram dificuldades na utilização das mensurações de fluxo lácteo realizadas de forma subjetiva. Os autores afirmaram que dados mensurados de maneira subjetiva estão mais expostos a possíveis erros e vícios nas análises, e que a comparação de avaliações genéticas de touros em diferentes países ou núcleos de inseminação se torna difícil. Em adição a isto, MOORE et al. (1983) relataram que a acurácia das predições dos parâmetros genéticos do tempo de ordenha pode aumentar se forem tomadas medidas objetivas dessa característica na avaliação.

PARÂMETROS GENÉTICOS

Os parâmetros genéticos do tempo de ordenha ou velocidade de ordenha têm sido calculados de diversas maneiras ao longo dos anos, como descrito anteriormente. De acordo com os trabalhos consultados na literatura, os valores das estimativas de herdabilidade apresentam variação de 0,11 a 0,24 para dados subjetivos, e de 0,003 a 0,28 para dados medidos de maneira objetiva.

MEYER & BURNSIDE (1987) estimaram herdabilidades para velocidade de ordenha utilizando dados subjetivos (escores variando de 1 a 5), por meio do método da máxima verossimilhança restrita em modelos uni-características. As estimativas dos coeficientes foram de 0,21 e 0,17, respectivamente, para dados mensurados no início e no final da lactação. Os autores concluíram que observações únicas de velocidade de

ordenha por animal podem ser insuficientes para análises acuradas, pelo fato dos fatores genéticos e ambientais que influenciam esta característica variarem durante a lactação e em lactações subseqüentes. Já, LAWSTUEN et al. (1988), também utilizando medidas únicas por animal e uma escala de pontos variando de 1 a 5 na mensuração da velocidade ordenha, estimaram coeficiente de herdabilidade igual a 0,11 para esta característica.

ERF et al. (1992) estimaram os parâmetros genéticos para a velocidade de ordenha, utilizando um modelo multi-características. Neste estudo, os dados de velocidade de ordenha foram medidos por meio de escores com escala variando de 1 a 3 e, além dessa característica, outras de tipo funcional foram consideradas nas análises para a estimação das correlações genéticas. Os autores obtiveram coeficiente de herdabilidade de 0,18 para a velocidade de ordenha, e concluíram que esta característica pode responder ao processo de seleção e deve ser incluída nos programas de melhoramento genético.

Em estudo prévio, LUTTINEN & JUGA (1997) utilizaram modelo touro em análises multicaracterísticas para estimar os componentes de variância do fluxo lácteo. Os dados foram coletados em rebanhos das raças Ayrshire e Holandesa, de forma subjetiva, em escala de escores variando de 1 a 5. As estimativas de herdabilidade obtidas para as raças foram de 0,24 e 0,16, respectivamente. Os autores verificaram ainda, que o fluxo lácteo não apresenta relação com a produção de leite, ao contrário de outros estudos que mostram que a seleção para maior produção implica em aumento do fluxo lácteo (MILLER et al., 1976).

Da mesma forma, BOETTCHER et al. (1997) utilizando dados de tempo de ordenha provenientes de uma escala de escores variando de 1 a 5, estimaram os parâmetros genéticos para esta característica e verificaram a sua correlação genética com a contagem de células somáticas. As estimativas foram obtidas por máxima verossimilhança restrita sob um modelo de touro. A herdabilidade encontrada foi de 0,15 para o tempo de ordenha, e a correlação genética com a contagem de células somáticas foi igual a 0,41, indicando que ordenhas mais rápidas estão associadas ao

aumento de células somáticas no leite. Resultados semelhantes de herdabilidade (0,17) e de correlação genética (0,44) foram encontrados por RUPP & BOICHARD (1999), para a mesma escala de escores e modelo animal.

Já WIGGANS et al. (2007), utilizaram dados de velocidade de ordenha provenientes de avaliações baseadas em uma escala com pontuações variando de 1 a 8 e estimaram herdabilidade, utilizando modelo de repetibilidade e metodologia de máxima verossimilhança restrita, de 0,22. Os autores consideraram essa estimativa moderada e concluíram que essa característica pode ser utilizada na detecção de touros que venham a gerar filhas com ordenhas lentas. Além disso, os autores sugeriram que se a velocidade de ordenha for incluída em um índice, um nível intermediário pode ser requerido, pelo fato de que ordenhas muito rápidas estão relacionadas ao aumento do gotejamento de leite antes da ordenha.

Em relação aos estudos baseados em mensurações objetivas, SEYKORA & McDANIEL (1985) estimaram os parâmetros genéticos do tempo de ordenha medindo-se esta característica como a produção de leite obtida nos primeiros dois minutos após a colocação das teteiras nas vacas. A herdabilidade estimada pelos autores foi de 0,15 e a correlação genética entre a produção de leite em dois minutos e o escore de células somáticas foi positiva, ou seja, quanto maior a produção de leite nos dois primeiros minutos de ordenha maiores serão os escores de células somáticas.

POVINELLI et al. (2003) estimaram os componentes de variância de características ligadas à habilidade de produção (tempo total de ordenha e fluxo lácteo) utilizando modelo animal univariado e inferência bayesiana em um rebanho da raça Pardo-Suíça. As herdabilidades foram iguais a 0,19, tanto para o tempo total de ordenha como para o fluxo lácteo. Da mesma forma, ZWALD et al. (2005) avaliaram o tempo de ordenha por meio de análise bayesiana, com base em dados únicos por animal obtidos eletronicamente. A estimativa de herdabilidade encontrada foi de 0,17, sendo esta semelhante às relatadas por BOETTCHER et al. (1998), MEYER & BURNSIDE (1987) e RUPP & BOICHARD (1999), utilizando medidas subjetivas de tempo de ordenha. Os autores também verificaram neste estudo que a curva

correspondente do tempo de ordenha é bastante similar a curva típica da lactação, devido ao tempo de ordenha depender da produção de leite.

Utilizando modelo de repetibilidade, RENSING & RUTEN (2005) compararam estimativas de herdabilidade obtidas por mensurações objetivas e subjetivas (escala variando de 1 a 5). A herdabilidade estimada usando equipamentos eletrônicos (0,28) foi significativamente superior àquela estimada utilizando os dados subjetivos (0,10). Os autores destacaram a importância de uma padronização de escalas e/ou definições nos estudos de tempo de ordenha. VICARIO et al. (2006) também estimaram herdabilidades para os dois tipos de medidas do tempo de ordenha, por meio de um modelo animal multi-características. As herdabilidades estimadas para os dados medidos de maneira subjetiva e objetiva foram, respectivamente, de 0,15 e 0,20.

KARACAOREN et al. (2006), considerando dados repetidos por animal, utilizaram modelo de regressão aleatória de ordem quadrática para os efeitos aditivo e de ambiente permanente, para estimar os parâmetros genéticos para a velocidade de ordenha. Estes autores encontraram estimativas de herdabilidades que variaram de 0,003 e 0,098, valores inferiores aos relatados na literatura. Um fato que pode ter contribuído para a baixa estimativa de herdabilidade, segundo os autores, foi o pequeno número de animais avaliados. Correlações genéticas entre a velocidade de ordenha e a produção de leite em análises de regressão aleatória bi-características também foram estimadas nesse mesmo estudo. As estimativas variaram de 0,31 a 0,41 sendo consideradas de média magnitude pelos autores, concluindo que embora as análises tenham sido baseadas em dados experimentais, os padrões genéticos encontrados são informações importantes para a construção de índices específicos para características funcionais em gado de leite.

Em relação às estimativas dos coeficientes de repetibilidade para o tempo de ordenha, os valores encontrados na literatura foram de 0,37 e 0,42 (ERF et al., 1992; RENSING & RUTEN, 2005), respectivamente, para dados medidos de forma subjetiva e objetiva, para controles efetuados nas primeiras lactações, e igual a 0,47 para

diferentes lactações, considerando dados mensurados de maneira subjetiva por escores (WIGGANS et al., 2007).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BOETTCHER, P. J., JAIRATH, L. K., KOOTS, K. R., DEKKERS, J.C.M. Effects of interactions between type and milk production on survival traits of Canadian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.11, p.2984–2995, 1997.

BOETTCHER, P. J., DEKKERS, J. C.M., KOLSTAD, B. W. Development of an udder health index for sire selection based on somatic cell score, udder conformation, and milking speed. **Journal of Dairy Science**, v.81, n.4, p.1157–1168, 1998.

BLACK, R. W., McDANIEL, B. T. Relationships among rates of milk flow, machine time, udder conformation, and managerial aspects of milking efficiency: A review. **Journal of Dairy Science**, v.61, n.4, p.363-378, 1978.

ERF, D. F., HANSEN, L. B., LAWSTUEN, D. A. Inheritance and Relationships of Workability Traits and Yield for Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.75, n.7, p.1999-2007, 1992.

KARACAÖREN, B., JAFFRÉZIC, F., KADARMIDEEN, H. N. Genetic Parameters for Functional Traits in Dairy Cattle from Daily Random Regression Models. **Journal of Dairy Science**, v.89, n.2, p.791-798, 2006.

LAWSTUEN, D. A., HANSEN, L. B., STEUERNAGEL, G. R., JOHNSON, L. P. Management traits scored linearly by dairy producers. **Journal of Dairy Science**, v.71, n.3, p.788–799, 1988.

LUTTINEN, A., JUGA, J. Genetic Relationships between Milk Yield, Somatic Cell Count, Mastitis, Milkability and Leakage in Finnish Dairy Cattle Population. In **Proceedings...** Interbull Bulletin Evaluation Service, INTERBULL Bull. n.15, p.78–83, Uppsala, Sweden, 1997.

MEYER, K., BURNSIDE, E.P. Scope of a subjective assessment of milking speed. **Journal of Dairy Science**, v.70, n.5, p.1061–1068, 1987.

MEYER, K. Random regression analyses using *B-splines* to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.473-500, 2005.

MILLER, R. H., PEARSON, R. E., WEINLAND, B. T., FULTON, L. A. Genetic parameters of several measures of milk flow rate and milking time. **Journal of Dairy Science**, v.59, n.5, p.957, 1976.

MOORE, R. K., KENNEDY, B. W., BURNSIDE; E. B., MOXLEY, J. E. Relationships between speed of milking and somatic cell count and production in Holsteins. **Canadian Journal of Animal Science**, v.63, p.781–789, 1983.

POVINELLI, M., ROMANI, C., DEGANO, L., CASSANDRO, M., DAL ZOTTO, R., BITTANTE, G. Sources of variation and heritability estimates for milking speed in Italian Brown cows. **Italian Journal of Animal Science**, v.2 (suppl.1), p.70-72, 2003.

RENSING, S., RUTEN, W. Genetic evaluation for milking speed in German Holstein population using different traits in a multiple trait repeatability model In: INTERBULL MEETING. In **Proceedings...** Uppsala, Sweden, n. 33, p.167-170, 2005.

RUPP, R., BOICHARD, D. Genetic Parameters for Clinical Mastitis, Somatic Cell Score, Production, Udder Type Traits, and Milking Ease in First Lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 82, n.10, p.2198–2204, 1999.

SEYKORA, A. J., MCDANIEL, B. T. Heritabilities of teat traits and their relationships with milk yield, somatic cell count, and percentage of two-minute milk. **Journal of Dairy Science**, v.68, n.10, p.2670–2683, 1985.

SIVARAJASINGAM, S., BURNSIDE, E. B., WILTON, J. W., PFEIFFER, W. C., GRIEVE, D. G. Ranking Dairy Sires by a Linear Programming Dairy Farm Model. **Journal of Dairy Science**, v.67, n.12, p.3015-3024, 1984.

VICARIO, D., CARNIER, P., DEGANO, L. Test-day model for national genetic evaluation of somatic cell count in Italian Simmental Population. In **Proceedings... INTERBULL MEETING**, Uppsala, Sweden, v.33, n.35, p.171-175, 2006.

WIGGANS, G. R., THORNTON, L. L. M., NEITZEL, R. R., GENGLER, N. Genetic Evaluation of Milking Speed for Brown Swiss Dairy Cattle in the United States. **Journal of Dairy Science**, v.90, n.2, p.1021–1023, 2007.

ZWALD, N. R., WEIGEL, K. A., CHANG, Y. M., WELPER, R. D., CLAY, J. S. Genetic Evaluation of Dairy Sires for Milking Duration Using Electronically Recorded Milking Times of Their Daughters. **Journal of Dairy Science**, v.88, n.3, p.1192–1198, 2005.

CAPÍTULO 2 – PARÂMETROS GENÉTICOS PARA FLUXO LÁCTEO NO DIA DO CONTROLE PARA A PRIMEIRA LACTAÇÃO DE VACAS DA RAÇA HOLANDESA

Parâmetros Genéticos para Fluxo Lácteo no Dia do Controle para a Primeira Lactação de Vacas da Raça Holandesa

RESUMO – Foram estimados parâmetros genéticos para o fluxo lácteo no dia do controle (FLDC) de 2.175 primeiras lactações de vacas da raça Holandesa. O grupo de contemporâneos para os FLDC foi definido como ano e mês do controle e restringiu-se que cada grupo deveria conter, no mínimo, sete informações. Os modelos incluíram efeito genético aditivo direto, como aleatório, e os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático). Para o modelo de repetibilidade, foi incluído também o efeito de ambiente permanente de animal como aleatório. Os componentes de variância foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), em análises uni, bi e multi-características e repetibilidade. As estimativas de herdabilidade (h^2) para os FLDC variaram de 0,23 (FLDC 6) a 0,32 (FLDC 2 e FLDC 4) nas análises uni-característica, de 0,24 (FLDC 6) a 0,32 (FLDC 4) nas bi-características e de 0,28 (FLDC 7 e FLDC 10) a 0,37 (FLDC 4) nas multi-características. Em geral, as estimativas de h^2 obtidas foram maiores do início até quarto mês da lactação. A h^2 estimada pelo modelo de repetibilidade foi igual a 0,27 e o coeficiente de repetibilidade dos FLDC na primeira lactação foi de 0,66. As estimativas das correlações genéticas foram positivas e variaram de 0,78 (FLDC 3 e FLDC 10) a 1,00, (FLDC 7 e FLDC 8) nas análises bi-características e de 0,72 (FLDC 1 e FLDC 10) a 0,97 (FLDC 4 e FLDC 5) nas multi-características. Os resultados indicam que o fluxo lácteo é uma característica que pode responder de forma satisfatória ao processo de seleção promovendo ganhos genéticos rápidos, visto que as herdabilidades estimadas foram de moderadas a altas. Maiores ganhos genéticos podem ser obtidos se a seleção for realizada, no quarto mês de controle. Tanto o modelo de repetibilidade como o multi-características podem ser utilizados para

avaliação genética dos animais para o fluxo lácteo, entretanto o modelo multi-características produz estimativas de valores genéticos mais acuradas.

Palavras-chave: Características funcionais, Correlação genética, Facilidade de ordenha, Herdabilidade.

INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético de gado de leite têm se baseado na seleção de características relacionadas com a produção e composição do leite e outras como conformação, saúde do úbere e longevidade. Entretanto, devido à evolução de novas técnicas e equipamentos de ordenha e facilidade de mensuração da produção de leite e do tempo de ordenha, características funcionais importantes, como o fluxo lácteo, podem ser incluídas em esquemas de seleção.

O fluxo lácteo está associado à eficiência e habilidade de produção, além da saúde do úbere, podendo interferir de forma efetiva na susceptibilidade dos animais à mastite (ZWALD et al., 2005). Além disso, o fluxo lácteo parece estar relacionado com a rentabilidade do rebanho, pois a seleção de animais que produzem mais leite em menor tempo de ordenha pode levar à redução de gastos com energia elétrica (BOETTCHER et al., 1998), bem como aumentar a durabilidade dos equipamentos de ordenha.

Estudos que envolvem a avaliação do fluxo lácteo ainda são bastante restritos, e a melhor forma de analisar esta característica ainda não está bem definida. Alguns dos fatores que têm contribuído para essa dificuldade é a diversificação na forma de mensuração da característica em questão, que se estende desde medições feitas por escores visuais até mensurações eletrônicas. As estimativas de parâmetros genéticos para fluxo lácteo dependem do tipo de modelo e mensuração realizada. Assim, as estimativas de herdabilidade reportadas na literatura variam bastante, sendo encontrados valores iguais a 0,42 para fluxo medido nos dois primeiros minutos de ordenha, 0,19 para fluxo lácteo total e 0,15 para dados de fluxo obtidos de maneira

subjetiva (SEYKORA & McDANIEL, 1985, BOETTCHER et al., 1997, VICARIO et al., 2006).

Alguns modelos que vêm sendo utilizados para avaliação da produção de leite são candidatos a serem empregados no estudo do fluxo lácteo. Um deles, o “*test-day model*” (TDM), tem sido empregado em bovinos leiteiros para a análise de dados longitudinais, como a produção de leite, gordura ou proteína no dia do controle, bem como a contagem de células somáticas. Tal modelo considera as produções ou as contagens de células somáticas em cada controle como características distintas, podendo ser avaliadas em análises uni ou multi-características.

Os TDM permitem quantificar fatores que são específicos para cada dia, que variam entre animais e entre controles, tais como número de ordenhas, duração do período seco, duração do período de serviço anterior e corrente, prenhez ou doença (FERREIRA et al., 2003).

O uso do TDM possibilita a avaliação de um animal com apenas um controle, acelerando o processo de avaliação genética, uma vez que as informações podem ser incluídas no banco de dados antes do término da lactação (EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003). Outra vantagem seria a avaliação de animais com lactação em andamento, sem a necessidade da utilização de fatores de ajustamento ou da projeção da lactação.

Diante do exposto, o objetivo do presente estudo foi estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para o fluxo lácteo no dia do controle, utilizando diferentes modelos, a fim de fornecer subsídios para a inclusão dessa característica em programas de melhoramento genético.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados controles mensais de fluxo lácteo de 2.175 primeiras lactações de vacas da raça Holandesa pertencentes à Agropecuária Agrindus S.A., localizada no município de Descalvado, SP, com partos registrados no período de 1997 a 2005, filhas de 211 touros e 1.562 vacas. A produção em cada controle e seus respectivos tempos

foram registrados diariamente, sendo provenientes de ordenha mecânica e equipamento eletrônico, realizada três vezes ao dia.

As lactações foram truncadas aos 305 dias e os controles mensais do fluxo lácteo foram obtidos entre sete e 305 dias após o parto, dividindo-se este período em intervalos de aproximadamente 30 dias, totalizando 10 controles (FLDC1 a FLDC 10). Lactações contendo menos que três controles mensais foram desconsideradas das análises.

O fluxo lácteo foi obtido dividindo-se a produção de leite (kg) proveniente das três ordenhas pelo tempo total de ordenha (minutos) das mesmas, resultando em uma variável com unidade kg/min.

As características foram analisadas por meio de modelos animal uni, bi e multi-características e de repetibilidade, sendo que nas análises uni, bi e multi-características o fluxo lácteo em cada controle foram considerados características distintas. Para todas as análises foi utilizado um arquivo de pedigree contendo informação do animal, pai e mãe, totalizando 9.572 animais na matriz de parentesco.

Os modelos incluíram efeito genético aditivo direto, como aleatório, e os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e idade da vaca ao parto (regressão linear e quadrática). A verificação da influência da idade da vaca ao parto sobre o fluxo lácteo foi realizada por meio do método dos quadrados mínimos, utilizando o procedimento GLM do programa *Statistical Analysis System* (SAS, 2002), em análises preliminares. A influência do número de dias em lactação sobre o fluxo lácteo foi avaliada por meio do mesmo procedimento, sendo esta variável inserida somente no modelo de repetibilidade. O grupo de contemporâneos para os FLDC foi definido como ano e mês do controle e restringiu-se que cada grupo deveria conter, no mínimo, sete informações.

O modelo geral utilizado para as análises uni, bi e multi-características pode ser representado, na sua forma matricial, por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{e}$$

em que:

\mathbf{y} = é o vetor do fluxo lácteo (kg/min) em cada controle leiteiro;

\mathbf{b} = é o vetor de efeitos fixos contendo grupo de contemporâneos e a covariável idade da vaca ao parto;

\mathbf{a} = é o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos;

\mathbf{X} e \mathbf{Z} = são as matrizes de incidência para os efeitos fixos e genético aditivo, respectivamente;

\mathbf{e} = é o vetor de efeitos residuais.

As pressuposições em relação às médias e variâncias para as análises bi e multi-características são:

$$E \begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{Xb} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}; \text{ e } V \begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{G} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix}$$

sendo que:

$\mathbf{G} = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0$, é a matriz de (co)variâncias genéticas aditivas entre as características e

$$\mathbf{G}_0 = \begin{pmatrix} \sigma_{a_i}^2 & \sigma_{a_i a_j} \\ & \sigma_{a_j}^2 \end{pmatrix};$$

\mathbf{A} = matriz de parentesco entre os animais;

\otimes = produto de Kroenecker entre matrizes;

$\sigma_{a_i}^2$ e $\sigma_{a_j}^2$ = variâncias genéticas aditivas;

$\sigma_{a_i a_j}$ = covariância genética entre as características i e j;

$\mathbf{R} = \mathbf{I} \otimes \mathbf{R}_0$, é a matriz de (co)variâncias residuais entre as características e

$$\mathbf{R}_0 = \begin{pmatrix} \sigma_{e_i}^2 & \sigma_{e_i e_j} \\ & \sigma_{e_j}^2 \end{pmatrix};$$

\mathbf{I} = matriz identidade.

$\sigma_{e_i}^2$ e $\sigma_{e_j}^2$ = variâncias residuais;

$\sigma_{e_i e_j}$ = covariância residual entre as características i e j.

Para o modelo de repetibilidade, além dos efeitos incluídos nos outros modelos, foi adicionado o efeito de ambiente permanente do animal. As pressuposições para este modelo são, respectivamente, $V(a)=A \sigma_a^2$, $V(c)=I\sigma_c^2$, e $V(e)=I\sigma_e^2$.

Os componentes de variância foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). O programa utilizado nas análises uni-característica, bi-características e de repetibilidade foi o MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995) e para a análise multi-características o REMLF90 (MISZTAL, 2001). O critério de convergência adotado foi de 10^{-9} .

Após a escolha dos modelos mais adequados para descrever a variação do fluxo lácteo, foi calculado o coeficiente de correlação de *Spearman* para comparar os valores genéticos preditos entre esses modelos, verificando assim sua similaridade.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias observadas, os desvios-padrão e coeficientes de variação para o fluxo lácteo no dia do controle (FLDC1 a FLDC10) são apresentados na Tabela 1. Os FLDC apresentaram aumento até o sexto controle (2,50 kg/min), decrescendo até o final da lactação. Esta tendência é semelhante à verificada para a produção de leite no dia do controle (Figura 1). Um fator que pode estar relacionado com a tendência de fluxo lácteo observada, é que o tempo de ordenha dos controles nos meses de maiores produções de leite foi igual ou inferior aos verificados nos controles de menores produções (Figura 1). Este fato pode estar relacionado com a fisiologia da lactação que descreve que, em parte, a velocidade de ejeção do leite depende da pressão acumulada dentro da glândula mamária, ou seja, maiores quantidades de leite armazenadas no úbere aumentam a pressão intra-mamária podendo aumentar a velocidade de ejeção do leite (DUKES, 1996).

Tabela 1 – Resumo da estrutura de dados, número de animais (N), média, desvio-padrão (DP) e coeficiente de variação (CV%) para o fluxo lácteo no dia do controle (FLDC 1 a FLDC 10) e número de animais em A.

Característica	N	Fluxo lácteo (Kg/min)		
		Média	DP	CV(%)
FLDC 1	2000	1,94	0,52	26,80
FLDC 2	2142	2,21	0,64	28,95
FLDC 3	2116	2,31	0,65	28,14
FLDC 4	2011	2,41	0,66	27,39
FLDC 5	1945	2,47	0,66	26,72
FLDC 6	1863	2,50	0,67	26,80
FLDC 7	1778	2,49	0,67	26,90
FLDC 8	1719	2,48	0,67	27,01
FLDC 9	1672	2,41	0,68	28,21
FLDC 10	1562	2,30	0,68	29,57
Animais em A	9572			

A = matriz de parentesco

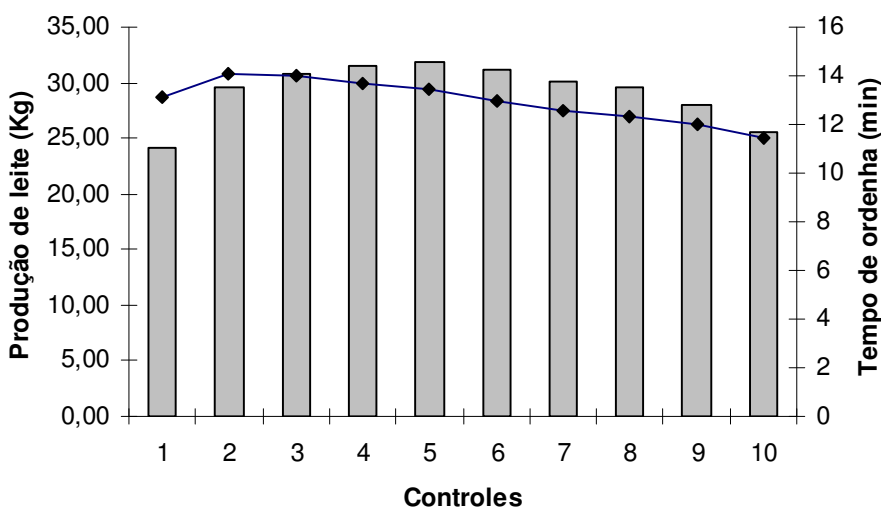


Figura 1 – Produção de leite (barras) e tempo de ordenha (♦) observados por controle.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva, residual e fenotípica, para as análises uni, bi e multi-características e repetibilidade, encontram-se na Figura 2. No geral, as variâncias genéticas aditivas aumentaram até o quarto mês de controle, do quinto ao oitavo mês ocorreu um declínio, com posterior aumento nos dois meses finais da lactação, independente do modelo utilizado. Os valores provenientes da análise multi-características, embora tenham apresentado a mesma tendência, se mostraram pouco superiores aos valores das demais. Este fato pode estar relacionado ao maior número de informações que esta análise considera nas estimativas dos componentes de variâncias. Em relação ao modelo de repetibilidade, a variância genética aditiva assumiu valor semelhante à média das estimativas encontradas nas outras análises.

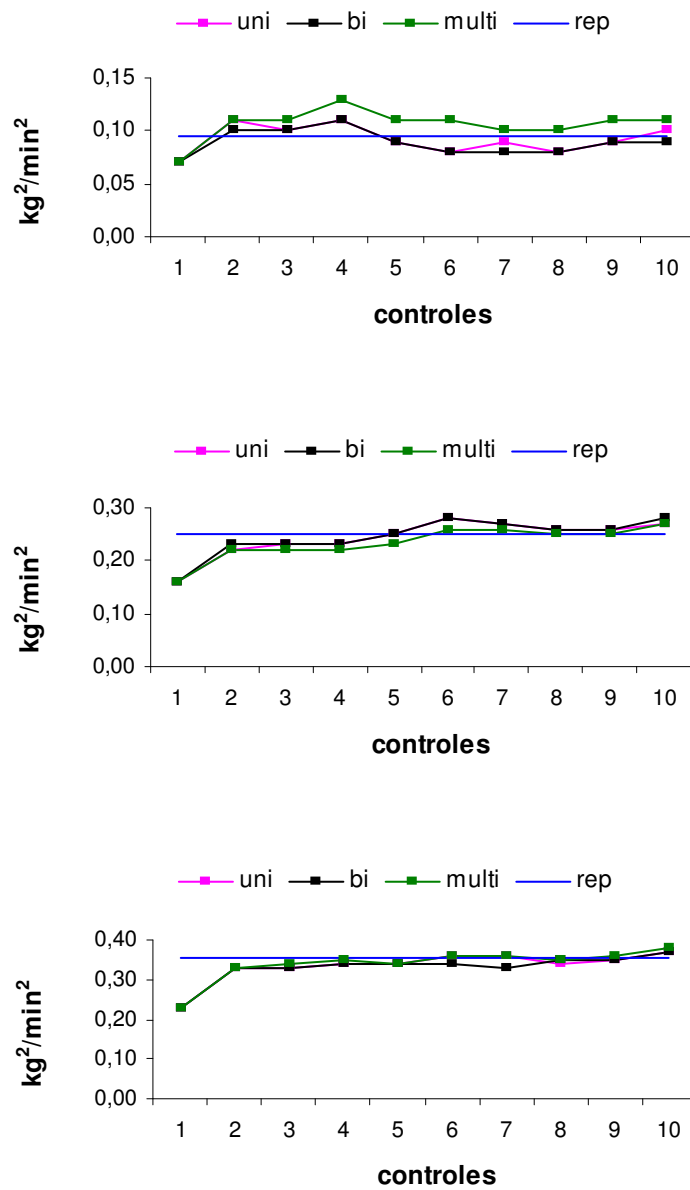


Figura 2 – Variâncias genéticas aditivas (acima), residuais (no centro) e fenotípicas (abaixo) obtidas por meio de análises uni-característica (■), bi-características (■), multi-características (■) e repetibilidade (—), para o fluxo lácteo.

Nas análises uni, bi e multi-características, as variâncias residuais aumentaram gradativamente até o sexto mês de controle, permanecendo quase constantes até o final da lactação. As variâncias residuais foram bastante semelhantes para os três tipos de análise. Para o modelo de repetibilidade, a variância residual (0,25) apresentada na Figura 2, proveniente da soma da variância residual com a variância de ambiente permanente, assumiu valor próximo aos encontrados nas demais análises.

Em relação às variâncias fenotípicas, a mesma tendência foi observada nas análises uni, bi e multi-características. No geral, estas aumentaram até o sexto mês, mantendo-se praticamente constantes até o final da lactação. Os valores estimados por meio destes modelos praticamente não diferiram entre si, sendo a estimativa obtida pelo modelo de repetibilidade próxima à média dos demais modelos.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade (h^2) para os FLDC variaram de 0,23 (FLDC 6) a 0,32 (FLDC 2 e FLDC 4), nas análises uni-característica, sendo que os maiores valores foram obtidos do primeiro (0,30) ao quarto mês da lactação (0,32). Os valores das h^2 provenientes das análises bi-características pouco diferiram dos encontrados nas análises uni-característica, sendo que, os menores e maiores valores encontrados foram no sexto (0,24) e no quarto (0,32) mês de controle. As h^2 resultantes das análises multi-características foram de maior magnitude do que as verificadas nas análises uni e bi-características. A amplitude dessas estimativas foi de 0,28 (FLDC 7 e FLDC 10) a 0,37 (FLDC 4), e os maiores valores foram observados para os fluxos da primeira metade da lactação. A partir do sexto mês de lactação, as estimativas permaneceram sem grandes oscilações como pode ser observado na Figura 3.

Muitos estudos têm discutido sobre a diferença de estimativas de h^2 utilizando análises uni e multi-características. Tem sido ressaltado que as análises multi-características proporcionam estimativas dos parâmetros genéticos mais acuradas, pois esse tipo de análise utiliza as informações de todas as características para obter a estimativa de uma característica específica (MEYER, 1991). Dessa forma, espera-se

que análises multi-características sejam menos tendenciosas, e que suas estimativas proporcionem avaliações genéticas mais acuradas.

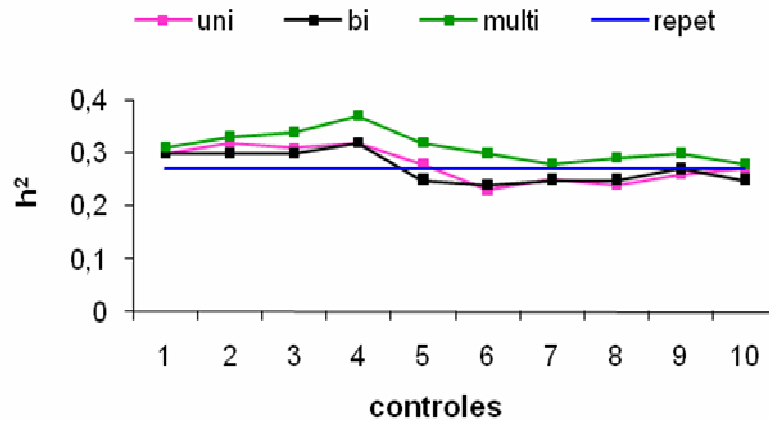


Figura 3 – Estimativas de herdabilidade (h^2) obtidas por meio de análises uni-característica (■), bi-características (■), multi-características (■) e repetibilidade (—), para o fluxo lácteo.

De modo geral, os valores de h^2 estimados variaram no decorrer da lactação, sendo que a primeira metade da lactação se mostrou mais herdável se comparado à segunda metade da lactação. As estimativas podem ser consideradas de magnitude moderada, indicando que parte considerável da variação entre os animais, para o fluxo de leite, está sobre a influência do componente genético aditivo. Dessa forma, esta característica pode responder de forma satisfatória ao processo de seleção promovendo ganhos genéticos rápidos. Os resultados encontrados foram superiores aos verificados por BAGNATO et al. (2003) que relataram valores de h^2 de 0,21 para o fluxo lácteo medido mensalmente durante a lactação. Esses autores utilizaram informações provenientes de 200 animais de três rebanhos diferentes, o que pode ter contribuído para as menores estimativas encontradas.

Entretanto, a amplitude de valores de h^2 encontrada neste estudo está próxima das estimativas relatadas na literatura, que variam de 0,15 a 0,28 para dados medidos de maneira objetiva (SEYKORA & McDANIEL, 1985; POVINELLI et al., 2003; ZWALD et al., 2005; RENSING & RUTEN, 2005; VICARIO et al., 2006).

A estimativa de h^2 obtida a partir do modelo de repetibilidade foi de 0,27, sendo próxima da amplitude inferior dos valores obtidos na análise multi-características. O modelo de repetibilidade considera as variâncias genéticas constantes no decorrer da lactação. Assim, as diferenças existentes na forma da curva são consideradas parte no resíduo e parte no efeito de ambiente permanente, explicando as menores estimativas de herdabilidade para esse modelo. O coeficiente de repetibilidade estimado foi de 0,66, considerado de magnitude média a alta. Este parâmetro indica que existe alto grau de associação entre as medidas de fluxo feitas na primeira lactação de uma mesma vaca.

O valor de h^2 estimado pelo modelo de repetibilidade foi próximo do verificado por RENSING & RUTEN (2005), entretanto a repetibilidade foi superior à estimada por estes autores (0,47). No presente estudo, as medidas analisadas foram provenientes de um único rebanho e, além disso, cada animal possuía até 10 medidas repetidas, o que pode ter contribuído para a maior estimativa de repetibilidade que as encontradas por RENSING & RUTEN (2005). No trabalho desses autores, havia tanto animais com medidas repetidas de fluxo, obtidas na primeira lactação, como animais com apenas uma única medida, quando as informações eram provenientes de teste de progênie.

As estimativas das correlações genéticas entre os fluxos lácteos mensais nas análises bi-características foram positivas e variaram de 0,78 (FLDC 3 e FLDC 10) a 1,00, (FLDC 7 e FLDC 8) sendo a maioria dos valores (67%) próximos ou iguais à unidade. As maiores estimativas foram observadas entre controles adjacentes, diminuindo em magnitude quanto maior a distância entre eles. Em relação ao modelo multi-características (Tabela 2), as correlações genéticas aditivas assumiram valores entre 0,72 (FLDC 1 e FLDC 10) e 0,97 (FLDC 4 e FLDC 5), mostrando novamente que os fluxos mensais são altamente correlacionados. Da mesma forma, estas estimativas foram maiores principalmente entre os controles consecutivos e menores entre os mais

distantes. Apenas as correlações entre os controles iniciais e o final da lactação (9^o e 10^o controles) foram menores que 0,80. Estes resultados sugerem que um modelo de repetibilidade, cujas correlações genéticas entre os controles são consideradas iguais à unidade, poderia ser adequado para analisar essa característica.

Na literatura, dados relacionados ao fluxo lácteo ainda são escassos, principalmente, pela dificuldade de mensuração dessa característica. Porém, fazendo-se uma comparação em termos de tendência de valores entre os controles, as correlações genéticas observadas nos modelos bi-características e multi-características se assemelham às verificadas em estudos de produções de leite no dia do controle (FERREIRA et al., 2003; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; MELO et al., 2005).

As correlações fenotípicas estimadas por meio das análises bi-características foram positivas e seus valores variaram de 0,44 (FLDC 1 e FLDC 10) a 0,84 (FLDC 6 e FLDC 5), sendo pouco inferiores aos verificados nas correlações genéticas. A tendência desses resultados foi semelhante às observadas nas correlações genéticas. O mesmo foi observado para o modelo multi-características. As amplitudes dessas estimativas foram bastante próximas às verificadas nas análises bi-características, variando entre 0,45 (FLDC 1 e FLDC 10) e 0,84 (FLDC 2 e FLDC 3), sendo a maioria desses valores inferiores a 0,80 (Tabela 2).

Tabela 2 – Estimativas de herdabilidades (diagonal) para os fluxos lácteos mensais (FLDC 1 a FLDC 10), correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre os fluxos lácteos mensais, obtidos em análises multi-características.

	FLDC 1	FLDC 2	FLDC 3	FLDC 4	FLDC 5	FLDC 6	FLDC 7	FLDC 8	FLDC 9	FLDC 10
FLDC 1	0,31	0,92	0,92	0,90	0,87	0,89	0,83	0,82	0,75	0,72
FLDC 2	0,73	0,33	0,97	0,96	0,94	0,95	0,91	0,90	0,82	0,78
FLDC 3	0,69	0,84	0,34	0,97	0,95	0,95	0,92	0,91	0,83	0,77
FLDC 4	0,66	0,78	0,83	0,37	0,97	0,95	0,92	0,90	0,84	0,78
FLDC 5	0,61	0,74	0,78	0,81	0,32	0,96	0,93	0,92	0,86	0,79
FLDC 6	0,59	0,70	0,76	0,78	0,81	0,30	0,93	0,91	0,83	0,82
FLDC 7	0,54	0,65	0,70	0,73	0,75	0,79	0,28	0,93	0,87	0,83
FLDC 8	0,54	0,63	0,69	0,72	0,73	0,76	0,80	0,29	0,90	0,87
FLDC 9	0,52	0,59	0,63	0,68	0,70	0,71	0,75	0,77	0,30	0,87
FLDC 10	0,45	0,54	0,57	0,60	0,61	0,66	0,69	0,74	0,76	0,28

Outro critério que pode auxiliar a escolha do modelo é a correlação de posto (*Spearman*) entre os valores genéticos preditos dos touros para o fluxo lácteo medido no 4º controle, avaliado por meio de análise multi-características, e valores genéticos preditos utilizando modelo de repetibilidade. O valor dessa correlação foi igual a 0,82, sugerindo que a utilização de qualquer um desses modelos levaria a seleção de, praticamente, os mesmos animais. Entretanto, selecionado-se 2% (4), 5% (10) e 10% (20) dos melhores touros, com base nos valores genéticos estimados por meio do modelo multi-características para o 4º controle, apenas 50%, 50% e 60% dos touros, respectivamente, também seriam selecionados com base nos valores genéticos estimados com o modelo de repetibilidade. Dessa forma, é possível observar que mesmo que a correlação de posto entre os valores genéticos seja alta, podem ocorrer mudanças na classificação dos animais com conseqüências desfavoráveis ou não nos programas de melhoramento.

Considerando todos os touros, a acurácia média dos valores genéticos foi mais elevada com o modelo multi-características (0,68) quando comparada à obtida pelo modelo de repetibilidade (0,59). A diferença constatada na acurácia média pode ser explicada pela diferença nas estimativas de herdabilidades obtidas com esses dois modelos, que foram superiores quando o modelo multi-características foi utilizado.

A Figura 4 mostra a dispersão dos valores genéticos dos touros, comparando os valores preditos por meio dos modelos de repetibilidade e multi-características para o 4º controle. O gráfico enfatiza a relação entre os critérios, como mencionados anteriormente, que apresentaram dispersão dos valores genéticos com relação linear e positiva.

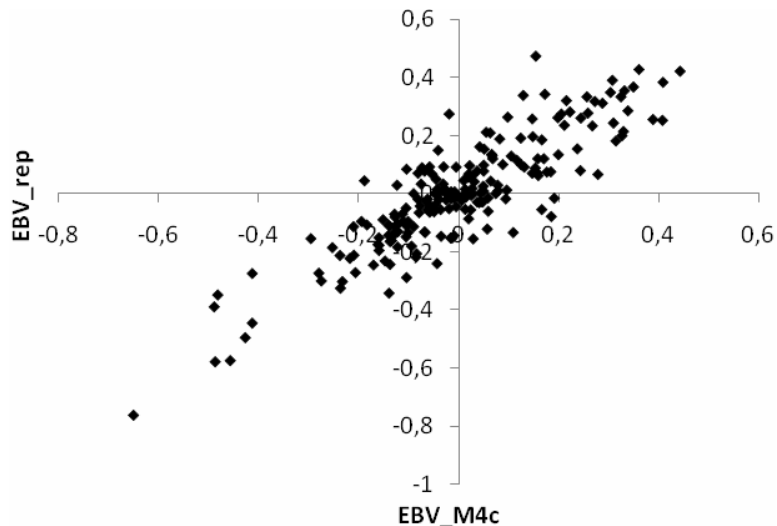


Figura 4 - Dispersão dos valores genéticos obtidos por meio do modelo de repetibilidade (EBV_rep) e modelo multi-características para o 4º controle (EBV_M4c).

No geral, em termos de critério de seleção, as altas correlações genéticas entre os fluxos lácteos mensais indicam que a seleção direta para um controle, pode trazer ganhos genéticos para os demais controles. Se a seleção for aplicada no quarto mês de controle, em que foi verificado o maior valor de herdabilidade, maiores ganhos genéticos serão esperados, principalmente, até o oitavo mês de lactação, devido às maiores correlações genéticas. Uma das principais vantagens da seleção por meio de controles parciais é que as avaliações de touros podem ser realizadas mais precocemente, o que implica em redução do intervalo de gerações.

No caso de medidas de difícil mensuração, como é o caso do fluxo lácteo, a adoção de uma única medida durante a lactação auxilia na sua inclusão em programas de seleção. Nesse caso, estas medidas poderiam ser tomadas, preferencialmente, entre o terceiro e o quinto controles. Sendo que, no quarto controle, é a fase em que o animal, geralmente, já apresentou o pico da lactação e que deve sofrer menores

influências de efeitos de meio, principalmente os relacionados ao balanço energético negativo.

Os resultados indicam que tanto o modelo de repetibilidade como o multi-características podem ser utilizados para avaliação do fluxo lácteo e que a seleção para esta característica pode promover ganhos genéticos rápidos. Entretanto, a adoção do fluxo lácteo em programas de melhoramento, na prática, ainda é difícil, uma vez que poucas propriedades possuem medidores eletrônicos acoplados às salas de ordenha para a tomada das medidas. Por outro lado, a mensuração de uma única medida na lactação poderia ser feita por medidores manuais, durante o controle leiteiro oficial, tornando-se viável a avaliação dessa característica. Dessa forma, os resultados obtidos no presente estudo podem auxiliar na decisão de como incorporar o fluxo em programas de melhoramento, sugerindo que o fluxo lácteo em torno do quarto controle poderia ser adotado.

CONCLUSÃO

Os resultados indicam que o fluxo lácteo é uma característica que pode responder de forma satisfatória ao processo de seleção promovendo ganhos genéticos rápidos, visto que as herdabilidades estimadas foram de moderadas a altas.

A seleção de animais baseada nos primeiros meses de controle é mais eficiente do que nos outros períodos da lactação, pois estes são mais herdáveis. Os maiores ganhos genéticos podem ser obtidos se a seleção for realizada, principalmente, no quarto mês de controle.

Tanto o modelo de repetibilidade como o multi-características podem ser utilizados para avaliação genética dos animais para o fluxo lácteo, entretanto o modelo multi-características produz estimativas de valores genéticos mais acuradas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BOETTCHER, P. J., DEKKERS, J. C.M., KOLSTAD, B. W. Development of an udder health index for sire selection based on somatic cell score, udder conformation, and milking speed. **Journal of Dairy Science**, v.81, n.4, p.1157–1168, 1998.

BAGNATO, A., ROSSONI, A., MALTECCA, C., VIGO, D., GHIROLDI, S. Milk emission curves in different parities in Italian Brown Swiss cattle. **Italian Journal of Animal Science**, v.2, suppl.1, p.46-48, 2003.

BOLDMAN, K. G., KRIESE, L. A., VAN VLECK, L. D., VAN TESSEL, C. P., KACHMAN, S. D. **A manual for use of MTDFREML**: a set of programs to obtain estimates of variance and (co)variance (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture, USDA-ARS, 1995. 120p.

DUKES, H. H. **Fisiologia dos animais domésticos**. 11. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 1996, p. 856.

EL FARO, L., ALBUQUERQUE, L.G. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle e para a produção acumulada até 305 dias, para as primeiras lactações de vacas da raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.2, p. 284-294, 2003.

FERREIRA, W. J., TEIXEIRA, N. M., EUCLYDES, R. F., VERNEQUE, R. S., LOPES, P. S., TORRES, R. A., WENCESLAU, A., A., SILVA, M. V. G. S., MAGALHAES JR., M. N. Avaliação genética de bovinos da raça holandesa usando a produção de leite no dia do controle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.2, p.295-303, 2003.

MELO, C. M. R., PACKER, I. U., COSTA, C. N., MACHADO, P. F. Parâmetros genéticos para as produções de leite no dia do controle e da primeira lactação de vacas da raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.796-806, 2005.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate Animal Models by Restricted Maximum Likelihood. **Genetic Selection Evolution**, v. 23, p.67-83, 1991.

MISZTAL, I. (2001). RELMF90 Manual. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html/>. Acesso em 07 de fevereiro de 2008.

POVINELLI, M., ROMANI, C., DEGANI, L., CASSANDRO, M., DAL ZOTTO, R., BITTANTE, G. Sources of variation and heritability estimates for milking speed in Italian Brown cows. **Italian Journal of Animal Science**, v.2, suppl.1, p.70-72, 2003.

RENSING, S., RUTEN, W. Genetic evaluation for milking speed in German Holstein population using different traits in a multiple trait repeatability model In: INTERBULL MEETING. **Proceedings...** Uppsala, Sweden, June 2-4, 2005, BULLETIN n.33, p.167-170, 2005.

SAS INSTITUTE, **SAS/STAT** Software: changes and enhancement through release 8.2. Cary, 2002.

SEYKORA, A. J., MCDANIEL, B. T. Heritabilities of teat traits and their relationships with milk yield, somatic cell count, and percentage of two-minute milk. **Journal of Dairy Science**, v.68, n.10, p.2670–2683. 1985.

VICARIO, D., CARNIER, P., DEGANO, L. Test-day model for national genetic evaluation of somatic cell count in Italian Simmental Population. In: INTERBULL MEETING, Uppsala, Sweden, **Proceedings...** v.33, n.35, p.171-175, 2006.

ZWALD, N. R., WEIGEL, K. A., CHANG, Y. M., WELPER, R. D., CLAY, J. S. Genetic Evaluation of Dairy Sires for Milking Duration Using Electronically Recorded Milking Times of Their Daughters. **Journal of Dairy Science**, v.88, n.3, p.1192–1198, 2005.

CAPÍTULO 3 – ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA FLUXO LÁCTEO DE VACAS DA RAÇA HOLANDESA UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Estimação de Parâmetros Genéticos Para Fluxo Lácteo de Vacas da Raça Holandesa Utilizando Modelos de Regressão Aleatória

RESUMO - Foram avaliados 75.555 controles semanais de fluxo lácteo de 2.175 primeiras lactações de vacas da raça Holandesa, pertencentes à Agropecuária Agrindus S.A., localizada no município de Descalvado, SP. Os fluxos lácteos medidos no dia do controle foram considerados em 43 classes semanais de dias em lactação. O modelo utilizado incluiu os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, além do residual. Foram incluídos como efeitos fixos o grupo de contemporâneos, os efeitos linear e quadrático da idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população, modelada por meio de polinômios ortogonais de Legendre de quarta ordem. Os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre, cujas ordens variaram de 3 até 4 e de 3 até 10, respectivamente. Diferentes estruturas de variâncias residuais foram testadas, por meio de classes contendo 1, 7, 10, 20 e 43 variâncias residuais. Os modelos foram comparados usando o teste de razão de verossimilhança, o critério de informação de Akaike, o critério de informação Bayesiano de Schwarz, além da visualização das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos. Em relação à variância residual, o melhor modelo foi aquele que considerou sete classes residuais. Para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, o modelo mais adequado para o ajuste dos dados foi aquele que utilizou polinômio de terceira e sexta ordens para esses efeitos. Para este modelo, as estimativas de herdabilidade para o fluxo lácteo variaram de 0,23 a 0,38, e as estimativas de correlação genética de 0,54 a 0,99. Estes resultados indicam que fluxo lácteo é uma característica de herdabilidade moderada a alta, que pode promover ganhos genéticos rápidos se for

selecionada. Além disso, a seleção para aumentar o fluxo lácteo em determinado controle, implicará em aumento do fluxo nos demais controles.

Palavras-chave: Características funcionais, Funções de covariância, Habilidade de produção, Parâmetros genéticos, Polinômios ortogonais de Legendre

INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético de bovinos leiteiros tem se baseado, principalmente, em características ligadas à produção de leite, assim como, nos seus constituintes. Entretanto, a inclusão de características funcionais nesses programas tem sido indicada para minimizar possíveis efeitos negativos provenientes da seleção para a produção de leite sobre características reprodutivas e as relacionadas à saúde animal (COBUCI et al., 2006). Nesse contexto, o fluxo lácteo se destaca pelo fato de ser uma característica que está associada à eficiência e habilidade de produção, além da susceptibilidade dos animais à mastite (ZWALD et al., 2005).

O fluxo lácteo, ou tempo de ordenha, ainda não é muito estudado por ser uma medida de difícil mensuração. Na maior parte dos trabalhos, essa característica tem sido avaliada, tradicionalmente, por meio de modelos de repetibilidade e de modelos uni ou multi-características. Nos modelos de repetibilidade o fluxo lácteo já foi avaliado em vacas primíparas da raça Holandesa considerando uma escala de escores visuais, variando de 1 a 3 (ERF et al., 1992), e por meio de medidas objetivas (RENSING & RUTEN, 2005), cronometrando o tempo de ordenha (kg por minuto). Já, nos uni e multi-características, a maioria dos estudos avalia o fluxo lácteo por meio de escores visuais, como medida única na lactação (LUTTINEM & JUGA, 1997; RUPP & BOICHARD, 1999), e poucos utilizam dados medidos de forma objetiva (VICARIO et al., 2006).

Os modelos de regressão aleatória (MRA) ou modelos de dimensão infinita foram descritos, inicialmente, por HENDERSON Jr. (1982) e têm sido aplicados para descrever a variação para dados longitudinais em gado de leite, como a produção de leite (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997, JAMROZIK et al., 1997, OLORI et al., 1999). Estudos envolvendo a aplicação dos MRA foram também relatados por MEYER (2004),

MEYER (1998a) e ALBUQUERQUE & MEYER (2005), entre outros, para curva de crescimento de bovinos de corte.

Esses modelos possibilitam a estimação de parâmetros e valores genéticos para todos os animais em quaisquer pontos das trajetórias, que venham a ser de interesse econômico, ao contrário dos modelos multi-características que fornecem predições pontuais. Nas análises empregando MRA são estimadas curvas aleatórias de cada indivíduo como desvio de uma curva média da população ou de um grupo de indivíduos por meio de polinômios ortogonais ou funções lineares. Ao fazer esse ajuste, assume-se implicitamente a existência de uma estrutura de covariâncias entre os coeficientes de regressão estimados pelos MRA, que são denominadas de funções de covariâncias. Essas funções de covariâncias apresentam como vantagem a possibilidade de descrever variações graduais das covariâncias ao longo da curva de lactação, e prever variâncias e covariâncias para pontos da trajetória, mesmo que, as informações entre estes sejam restritas (EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003).

Vários estudos vêm sendo conduzidos com o intuito de determinar quais funções são mais adequadas para modelar os efeitos aleatórios e residuais em análises que empregam os MRA (OLORI, et al., 1999; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; COBUCI et al., 2006). Dentre os polinômios ortogonais e funções lineares, a regressão sobre os polinômios ortogonais de Legendre têm sido amplamente utilizada no estudo de várias características, tais como a produção de leite, os escores corporais, a persistência da lactação, células somáticas, proteína e gordura do leite (COFFEY et al., 2002; JAKOBSEN et al., 2002; ØDEGARD et al., 2003; STRABEL & MISZTAL, 1999).

Diante do exposto, os objetivos do presente estudo foram estimar funções de covariâncias e parâmetros genéticos para o fluxo lácteo de vacas da raça Holandesa, aplicando polinômios de Legendre em modelos de regressão aleatória, visando à possibilidade da inclusão desta característica em programas de seleção.

MATERIAL E MÉTODOS

No presente estudo foram avaliados 75.555 controles semanais de fluxo lácteo de 2.175 primeiras lactações de vacas da raça Holandesa, pertencentes ao rebanho da

Agropecuária Agrindus S.A., localizada no município de Descalvado, SP, com partos registrados no período de 1997 a 2005. Os controles e seus respectivos tempos foram registrados diariamente, sendo provenientes de ordenha mecânica, realizada três vezes ao dia.

O fluxo lácteo foi obtido dividindo-se a produção de leite (kg) proveniente das três ordenhas pelo tempo total de ordenha (minutos) das mesmas, resultando em uma variável com unidade kg/min.

As lactações foram truncadas aos 305 dias, sendo mantidas as medidas tomadas entre os sete e os 305 dias de lactação. O fluxo lácteo foi considerado em classes semanais, dividindo-se o período de lactação em intervalos de aproximadamente sete dias, totalizando 43 classes. Foi estabelecido que cada animal deveria conter, no mínimo, três controles individuais de fluxo de leite na lactação.

O grupo de contemporâneos foi definido como ano e semana do controle, compondo 364 níveis. Aplicou-se a restrição de que cada grupo deveria conter, no mínimo, oito informações. Para todas as análises foi utilizado um arquivo de genealogia contendo informação do animal, pai e mãe, totalizando 9.572 animais na matriz de parentesco.

As análises foram realizadas por meio de um modelo animal uni-característica de regressão aleatória. Foram estimadas funções de covariâncias para os componentes genéticos aditivos e de ambiente permanente, modeladas por polinômios ortogonais de Legendre. O modelo utilizado incluiu os efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente, além do efeito residual e , como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos, os efeitos linear e quadrático da idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população, modelada por meio de polinômios ortogonais de Legendre de quarta ordem.

O modelo de regressão aleatória pode ser representado por:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_b-1} \beta_m \phi_m(t_i) + \sum_{m=0}^{k_a-1} \alpha_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_{ap}-1} \gamma_{jm} \phi_m(t_{ij}) + e_{ij}$$

em que:

y_{ij} = fluxo lácteo do i -ésimo controle, pertencente ao j -ésimo animal;

F = conjunto de efeitos fixos, exceto as covariáveis dias em lactação;

β_m = conjunto de m regressores fixos para a trajetória média da população;

$\phi_m(t_i)$ = função de regressão de ordem k_b , que descreve a curva média da população de acordo com o dia de lactação (t_i);

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

α_{jm}, γ_{jm} = são os m regressores aleatórios genético-aditivos e de ambiente permanente, para cada animal j ;

k_b, k_a e k_{ap} = são as ordens dos polinômios ortogonais de Legendre utilizados para modelar os efeitos descritos acima;

e_{ij} = erro aleatório associado a cada controle i do animal j .

Na forma matricial, o modelo pode ser representado por:

$$y = Xb + Za + Wap + e$$

em que:

y = vetor das observações, mediadas em N_d animais;

b = é o vetor de efeitos fixos;

a = é o vetor de solução para os coeficientes de regressão aleatória genético aditivo;

ap = é o vetor de solução para os coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente;

e = é o vetor dos N diferentes resíduos;

X, Z e W = matrizes de incidência para os efeitos fixos e aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente.

A dimensão do vetor a é de $k_a \times N_A$, sendo que k_a representa o número de parâmetros da função de regressão, N_A , o número de animais no arquivo de dados. O

vetor p tem dimensão de $k_p \times N_D$ coeficientes, sendo que k_p representa o número de parâmetros da função de regressão para ambiente permanente e N_D , o número de animais com informações. Nesse caso, N_A é maior que N_D .

As pressuposições em relação aos componentes foram:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ ap \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; e$$

$$V(a) = K_a \otimes A;$$

$$V(ap) = K_{ap} \otimes I_{N_D};$$

$$V(e) = R;$$

sendo que:

K_a e K_p são as matrizes de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético-aditivos e de ambiente permanente, respectivamente;

A é a matriz de parentesco entre os indivíduos;

I_{N_D} é a matriz de identidade de dimensão N_D ;

\otimes é o produto de Kroeneker entre matrizes;

R representa um matriz bloco diagonal, contendo as variâncias residuais.

Dado o modelo de Regressão Aleatória e as pressuposições associadas aos momentos, as Equações de Modelos Mistos (EMM) foram:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & X'R^{-1}W \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + K_a \otimes A^{-1} & Z'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z & W'R^{-1}W + K_{ap} \otimes I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{ap} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Os componentes de variância foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando-se a função DXMRR do pacote estatístico DFREML (MEYER, 1998b).

A estrutura de variâncias residuais foi considerada por meio de classes homogêneas ou heterogêneas, contendo 1, 7, 10, 20 e 43 classes de variâncias. O agrupamento das classes de variâncias se deu pela semelhança de variações entre as 43 classes estabelecidas. Para o modelo de sete classes residuais, as semanas da lactação foram agrupadas da seguinte forma: 1, 2, 3, 4-9, 10-19, 20-39 e 40-43 semanas. Para o modelo que continha 10 classes de variâncias, as semanas foram agrupadas: 1, 2, 3, 4-9, 10-15, 16-19, 20-30, 31-39, 40, 41-43 semanas. E, para o modelo de 20 classes de variâncias as semanas foram agrupadas: 1, 2, 3, 4, 5-8, 9, 10-15, 16-19, 20-22, 23-25, 26-27, 28-30, 31, 32-33, 34-35, 36-37, 38-39, 40, 41, 42-43.

A comparação entre todos os modelos avaliados foi feita pelo teste de razão de verossimilhança (LRT), e pelos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) (WOLFINGER, 1993), além da visualização das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos. Os testes de AIC e BIC permitem comparações entre os modelos não aninhados e penalizam aqueles com maior número de parâmetros, sendo que o BIC atribui penalidade mais rigorosa. Os critérios de informação podem ser representados por:

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

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

onde p é o número de parâmetros do modelo, N é o número total de observações e r é o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos no modelo e $\log L$ o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita (WOLFINGER, 1993). Menores valores para AIC e BIC indicam melhor ajuste.

Após a escolha dos modelos indicados pelos critérios citados acima, foi calculado o coeficiente de correlação de *Spearman* para comparar os valores genéticos preditos pelos modelos escolhidos, verificando assim sua similaridade.

Os resultados obtidos pelos modelos de regressão aleatória ajustados por polinômios ortogonais de Legendre foram comparados com os obtidos nas análises

multi-características (TDMO) entre as produções mensais de fluxo lácteo, como previamente realizado no Capítulo 2. Este modelo incluiu o efeito genético aditivo direto, como aleatório, e os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e a idade da vaca ao parto (regressão linear e quadrática). Os componentes de variância foram estimados pelo método REML, utilizando-se o pacote estatístico REMLF90 (MISZTAL, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O fluxo lácteo médio no dia do controle foi de 2,36 kg/min, com desvio-padrão de 0,64 kg/min e coeficiente de variação de 27,4%. Como pode ser observado na Figura 1, houve um aumento do fluxo de leite até a 25ª semana (2,50 kg/min) com um pequeno decréscimo até o final da lactação (2,31 kg/min). As maiores variações do fluxo lácteo foram observadas no final da lactação (29,5%). As menores médias para o fluxo foram observadas no início da lactação, atribuídas a menor produção de leite, além de se tratar de primeiras lactações e do início da vida produtiva da vaca, exposta à ordenha pela primeira vez.

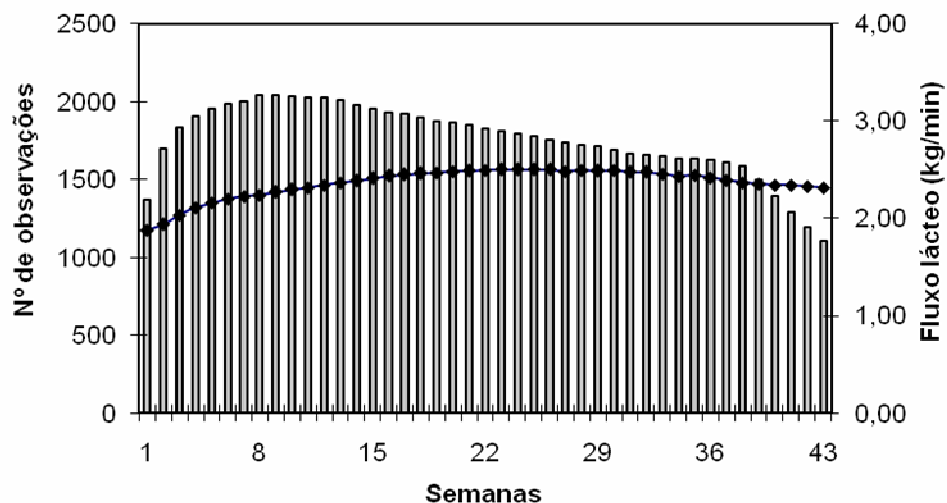


Figura 1 - Número de observações (barras) e fluxo lácteo semanal (linha), de acordo com a semana da lactação.

O resumo das análises com Log da função de verossimilhança (Log L) e dos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano (BIC) está apresentado na Tabela 1.

Os modelos 1 até 5 consideraram ordens iguais a três para k_a e k_{ap} , variando-se apenas os número de classes de variâncias residuais, para verificar qual a estrutura seria mais apropriada para modelar esse efeito. O modelo que considerou homogeneidade de variâncias residuais promoveu pior ajuste, como observado pelos critérios de AIC e BIC. Este fato indica que as variâncias residuais apresentam comportamento diferenciado no decorrer da lactação, havendo a necessidade de se considerar heterogeneidade de variâncias. O teste da razão de verossimilhança entre modelos aninhados acusou diferenças significativas apenas entre o modelo contendo sete classes de variâncias residuais (modelo 2) e o modelo que considerou homogeneidade de variâncias (modelo 1).

De acordo com o critério AIC, o modelo 4 foi o que proporcionou melhor ajuste dentre os modelos que consideraram diferentes agrupamentos de classes de variâncias residuais. Entretanto, o critério BIC, que penaliza de forma mais rigorosa modelos com altos números de parâmetros, indicou o modelo 2 como o melhor. Considerando o critério BIC e os valores dos componentes de variância dos modelos 2 e 4 que praticamente não diferiram entre si, optou-se pelo modelo 2, uma vez que este apresenta menor número de parâmetros, o que é aconselhável para evitar problemas de convergência na estimação dos componentes de covariância (REKAYA et al., 1999).

Resultados relatados por OLORI et al. (1999) demonstraram que modelos de terceira ordem para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, resultaram em poucas mudanças na média das estimativas dos parâmetros genéticos quando a estrutura de variâncias residual foi modelada por meio de 1, 4 10 e 37 classes. Este fato sugere que a utilização de classes residuais mais fragmentadas muitas vezes não é necessária, pois, além dos modelos com menores classes residuais serem mais parcimoniosos, as estimativas dos parâmetros não são afetadas.

Tabela 1 – Ordem do polinômio para efeitos genéticos (k_a) e de ambiente permanente (k_{ap}), resíduo (e), número de parâmetros (p), log da função de verossimilhança (2LogL) e critérios de convergência de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) e teste de razão de verossimilhança.

Modelo	Ordem do polinômio			p	2Log L	AIC	BIC	LRT ^a
	k_a	k_{ap}	e					
1	3	3	1	13	283	-540	-420	(2-1) 550**
2	3	3	7	19	833	-1627	-1452	(3-2) 15 ^{NS}
3	3	3	10	22	848	-1652	-1449	(4-3) 13 ^{NS}
4	3	3	20	32	861	-1657	-1362	(5-4) 11 ^{NS}
5	3	3	43	55	872	-1633	-1126	-
6	3	4	7	23	1716	-3385	-3173	(7-6) 557**
7	3	5	7	28	2273	-4489	-4231	(8-7) 388**
8	3	6	7	34	2661	-5255	-4941	(9-8) 180**
9	3	7	7	41	2841	-5601	-5222	(10-9) 117**
10	3	8	7	49	2958	-5818	-5366	(11-10) 88**
11	3	9	7	58	3046	-5975	-5440	(12-11) 55 ^{NS}
12	3	10	7	68	3101	-6066	-5438	-
13	4	4	7	27	1726	-3398	-3149	(14-13) 555**
14	4	5	7	32	2281	-4497	-4202	(14-15) 390**
15	4	6	7	38	2671	-5265	-4914	(16-15) 180**
16	4	7	7	45	2851	-5612	-5196	(17-16) 116**
17	4	8	7	53	2967	-5829	-5339	(17-18) 88**
18	4	9	7	62	3055	-5985	-5413	-

^a teste de razão de verossimilhança entre os modelos aninhados; **: $P < (0,01)$; ^{NS}: não significativo. Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em AIC e BIC.

Após a escolha da estrutura de variâncias residuais, os modelos foram comparados quanto à ordem dos polinômios para modelar as funções de covariância para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente (Tabela 1). Foi observado que aumentando-se a ordem das funções de covariância para o efeito genético aditivo, de 3 para 4, houve pouca alteração nos valores de Log L. Quando foi fixada a ordem do polinômio para o efeito genético aditivo e variou-se a ordem do polinômio para o efeito de ambiente permanente, observou-se melhora nos valores de Log L e dos critérios de AIC e BIC.

Os valores de Log L e de AIC indicaram o modelo 12, com polinômios de terceira e décima ordens, respectivamente, para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, como o de melhor ajuste. Entretanto, pelo critério BIC, o melhor modelo indicado foi o 11, com terceira e nona ordens, respectivamente, para os mesmos efeitos. Por meio do teste LRT, foi possível verificar que não existe diferença significativa na função de verossimilhança entre os modelos 11 e 12, indicando que a ordem 9 foi suficiente para modelar o efeito de ambiente permanente. Entretanto, analisando as estimativas dos componentes de variâncias do modelo 8, ajustado por polinômios de terceira e sexta ordens, respectivamente, para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, foi possível observar que estas se mostraram bastante semelhantes às obtidas pelos modelos 11 e 12, que por sua vez também foram semelhantes entre si. O fato do modelo 8 apresentar menor número de parâmetros (34) em relação aos modelos 11 (58) e 12 (68), proporcionou convergência mais rápida na estimação dos componentes de variância, sendo, dessa forma, mais parcimonioso.

As variâncias fenotípicas, genéticas e ambientais estimadas por meio de modelos de regressão aleatória para os modelos 8, 11 e 12 e para o modelo multi-características de dimensão finita (TDMO), apresentaram a mesma tendência (Figura 2). Nos MRA, as maiores variâncias fenotípicas ocorreram no período final da lactação. Estas aumentaram até a 7^a semana da lactação, permaneceram sem grandes alterações até 40^a semana, aumentando novamente até final da lactação.

As variâncias genéticas aditivas, obtidas para ambos os MRA, apresentaram a mesma tendência observada para o TDMO, sendo de menor magnitude em alguns pontos da curva. Em relação às variâncias ambientais, que para o MRA corresponde ao somatório das variâncias de ambiente permanente e temporário, estas apresentaram valores pouco superiores até a metade da lactação quando comparadas com as variâncias residuais obtidas pelo TDMO, compensando a diferença existente nas variâncias genéticas, já que, as variâncias fenotípicas foram semelhantes. Nas demais semanas de lactação, tanto para os MRA como para o TDMO, as estimativas foram bastante próximas. Os valores mais elevados do somatório das variâncias ambientais verificados nos modelos de regressão aleatória, no final da lactação, podem estar

relacionados ao menor número de animais com informações devido à proximidade do período de secagem e também ao período de gestação.

Cabe ressaltar, que as variâncias estimadas por meio dos MRA (modelos 8, 11 e 12), assumiram valores semelhantes entre si, sugerindo que um modelo com menor número de parâmetros, como o modelo 8, poderia ser utilizado na análise de fluxo lácteo sem perdas de precisão das estimativas.

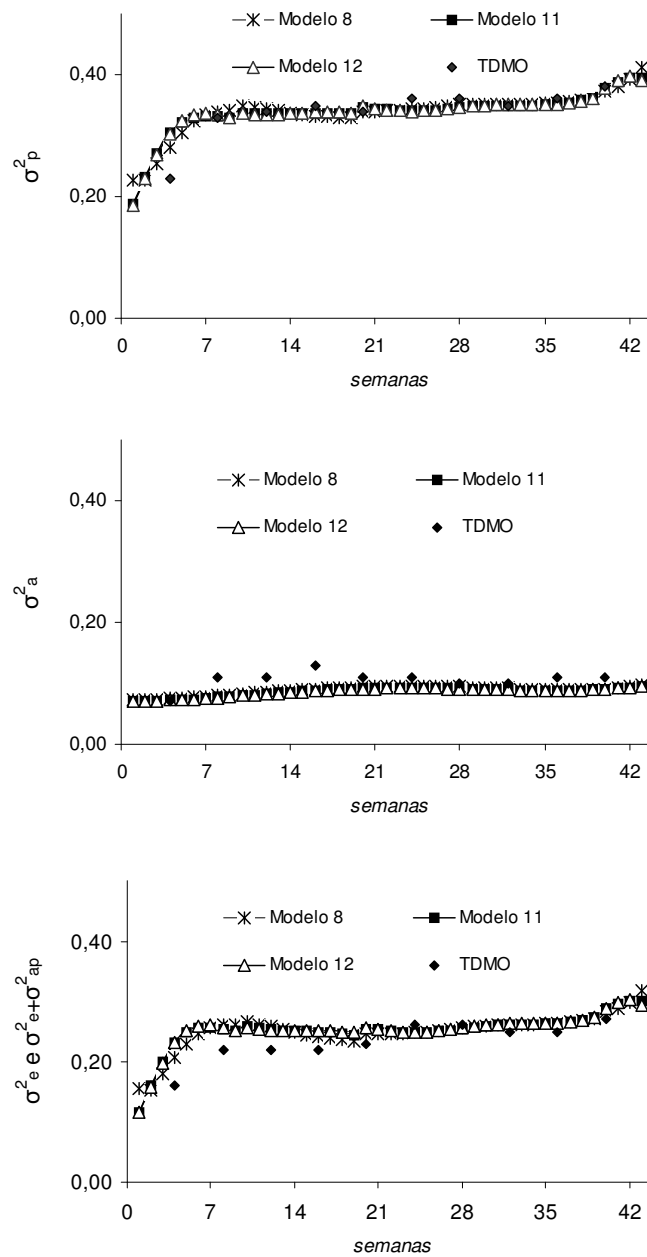


Figura 2 – Variâncias fenotípicas (σ^2_p), genéticas (σ^2_a), ambientais (σ^2_e) ou ($\sigma^2_{ap} + \sigma^2_e$), estimadas por meio de modelos de regressão aleatória $k_a=3$, $k_{ap}=6$ (modelo 8), $k_a=3$, $k_{ap}=9$ (modelo 11) e $k_a=3$, $k_{ap}=10$ (modelo 12) para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, ajustado para uma estrutura de variâncias residuais de 7 classes, e para o modelo multicaracterísticas de dimensão finita (TDMO).

Na Figura 3 são apresentados os coeficientes de herdabilidade estimados por meio de MRA (modelos 8, 11 e 12) e multi-características (TDMO). As estimativas de herdabilidade para ambos MRA foram muito próximas, descrevendo tendências semelhantes. Para o modelo 8, as estimativas variaram entre 0,23 a 0,33, e para os modelos 11 e 12, variaram entre 0,22 a 0,37, sendo que, para esses três modelos, os maiores valores de herdabilidade foram verificados nas três primeiras semanas da lactação e entre a 19^a e 27^a semanas. No geral, os coeficientes de herdabilidade estimados pelo TDMO, foram de magnitude superior quando comparados aos MRA, sendo que o maior valor foi observado por volta da 16^a semana, ou seja, aproximadamente no quarto mês de lactação, como tem sido observado para a produção de leite (MELO et al., 2005; BIGNARDI et al., 2008).

A tendência das estimativas de herdabilidade verificada para os modelos de regressão aleatória difere das observadas por KARACAOREN et al. (2006), que usaram MRA de ordem quadrática para os efeitos aleatórios do modelo (aditivo e de ambiente permanente). Estes autores encontraram baixos valores de h^2 (0,003 e 0,098) para o tempo de ordenha (kg/min) medido eletronicamente, e concluíram que um fato que pode ter contribuído para esta baixa magnitude de valores foi o pequeno número de animais avaliados.

As estimativas de herdabilidade para fluxo lácteo presentes na literatura assumem valores bastante distintos, pelo fato da mensuração dessa característica ser realizada de maneiras diversas. Para dados medidos subjetivamente, por escores visuais, foram encontrados valores de herdabilidade iguais a 0,14, 0,17 e 0,25, respectivamente, por BOETTCHER et al. (1998), RUPP & BOICHARD (1999) e ILAHI & KADARMIDEEM (2004). Já, para dados medidos de maneira objetiva, ou eletronicamente, ZWALD et al. (2005) encontraram estimativa de 0,25, por meio de metodologia Bayesiana, utilizando medidas únicas na lactação.

A prática mais comum indicada na literatura tem sido tomar apenas uma medida de escores na lactação, e analisá-la por meio de modelos uni-característica ou multi-características juntamente com características ligadas à saúde e conformação (LUTTINEM & JUGA, 1997; RUPP & BOICHARD, 1999; VICARIO et al., 2006).

Entretanto, os escores utilizados nesses estudos diferenciam-se quanto à escala de valores adotada, variando de 1 a 3 até 1 a 8 nas pontuações de fluxo lácteo, o que dificulta a comparação de estimativas de herdabilidades encontradas para esta característica.

Apesar das divergências observadas na literatura para medir e analisar o fluxo lácteo, as estimativas de herdabilidade obtidas no presente estudo foram muito próximas das encontradas na literatura.

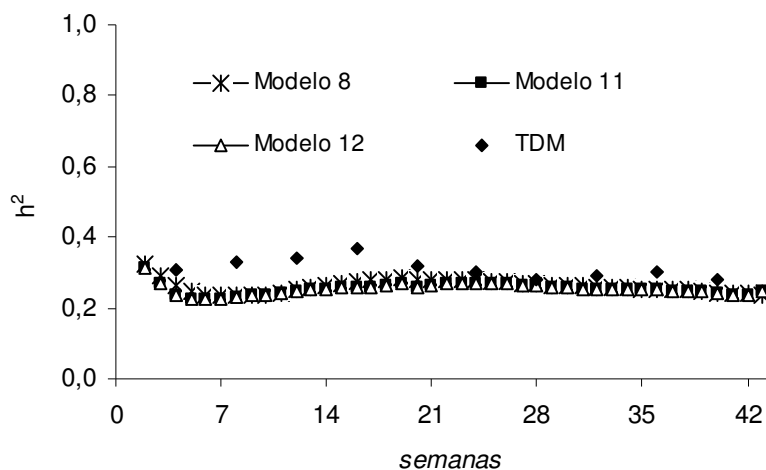


Figura 3 – Herdabilidades estimadas para os fluxos lácteos semanais de acordo com os modelos de regressão aleatória $k_a=3$, $k_{ap}=6$ (modelo 8), $k_a=3$, $k_{ap}=9$ (modelo 11) e $k_a=3$, $k_{ap}=10$ (modelo 12) para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, ajustado para uma estrutura de variâncias residuais de 7 classes, e para o modelo multi-características de dimensão finita (TDMO).

As correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente permanente estimadas entre os fluxos lácteos semanais para os MRA analisados (Figura 4), apresentaram valores bastante semelhantes. Para o TDMO, as correlações fenotípicas e genéticas são apresentadas na Figura 5.

Como a ordem da função de covariância para o efeito genético foi pequena, não foram observadas oscilações nas estimativas das correlações genéticas, como pode ser observado no gráfico. Os valores dessas estimativas foram positivos, e variaram de 0,54 a 0,99 para o modelo 8, e de 0,51 a 0,99 para os modelos 11 e 12. Para o modelo multi-características (Figura 5), as correlações genéticas também foram positivas e assumiram valores entre 0,72 (entre o 1º e 10º controles) e 0,97 (entre 4º e 5º controles). Embora a tendência observada seja semelhante, a amplitude de valores no modelo multi-características foi menor do que a encontrada pelos MRA. Para todos os modelos analisados, os maiores valores de correlação genética foram observados entre os controles adjacentes, diminuindo em magnitude com o aumento da distância entre os controles. Estes resultados indicam que a seleção para o aumento do fluxo lácteo em determinado ponto da lactação, pode resultar em reflexos positivos em quaisquer outros pontos da lactação. KARACAROEN et al. (2006) observaram a mesma tendência para as correlações genéticas entre fluxos lácteos diários, encontrando valores próximos da unidade quando estas eram referentes a controles adjacentes, e valores em torno de 0,23 entre controles mais distantes, por exemplo, entre 270 a 305 dias da lactação. Em estudos que envolvem a produção de leite, padrões semelhantes vêm sendo observados (ARAÚJO et al., 2006; COBUCI et al., 2005).

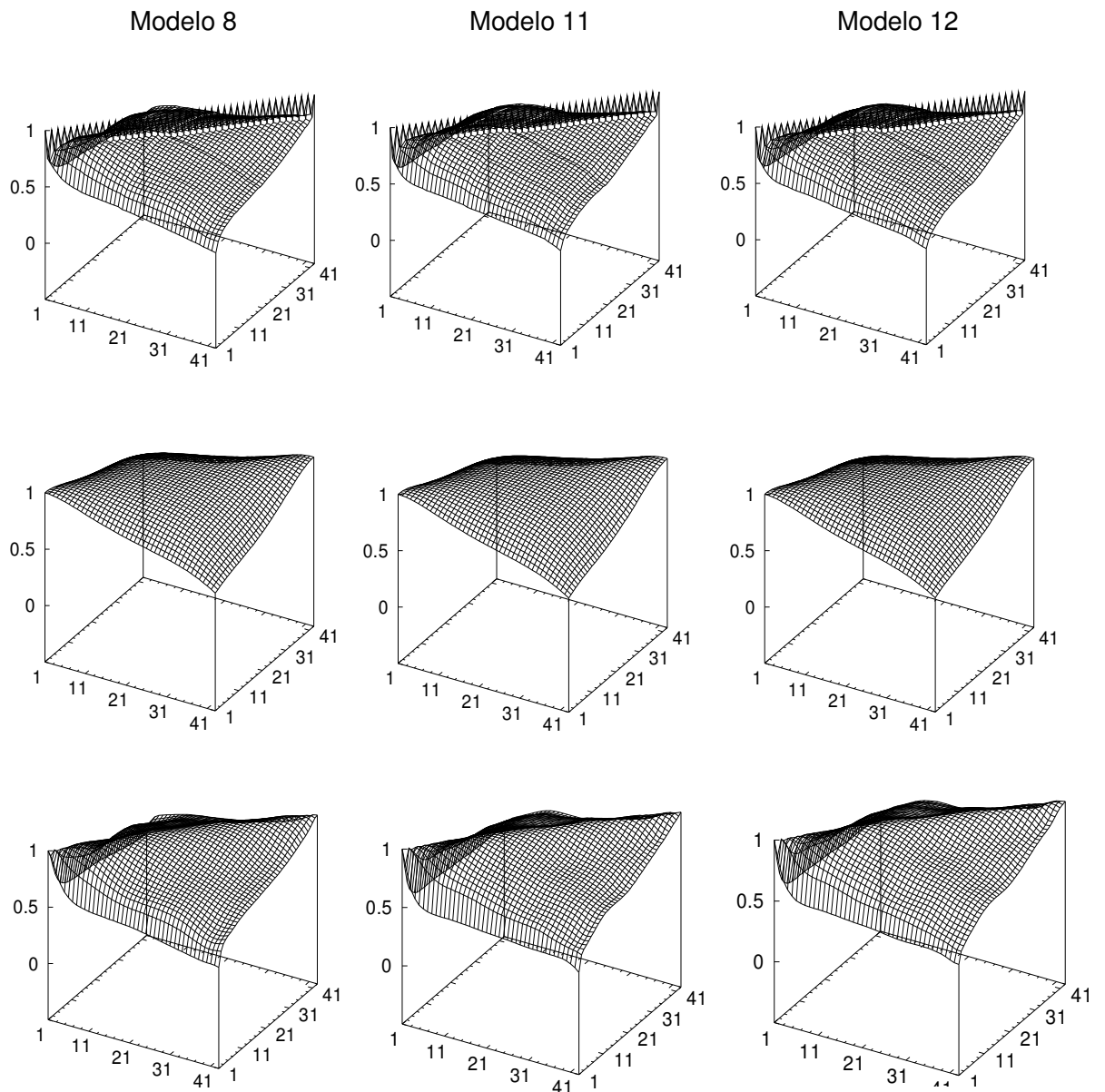


Figura 4 - Estimativas de correlações fenotípicas (1^a linha), genéticas (2^a linha) e de ambiente permanente (3^a linha), de cima para baixo, entre os fluxos lácteos semanais, de acordo com os modelos de regressão aleatória $k_a=3$, $k_{ap}=6$ (modelo 8), $k_a=3$, $k_{ap}=9$ (modelo 11) e $k_a=3$, $k_{ap}=10$ (modelo 12) para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, ajustado para uma estrutura de variâncias residuais de 7 classes.

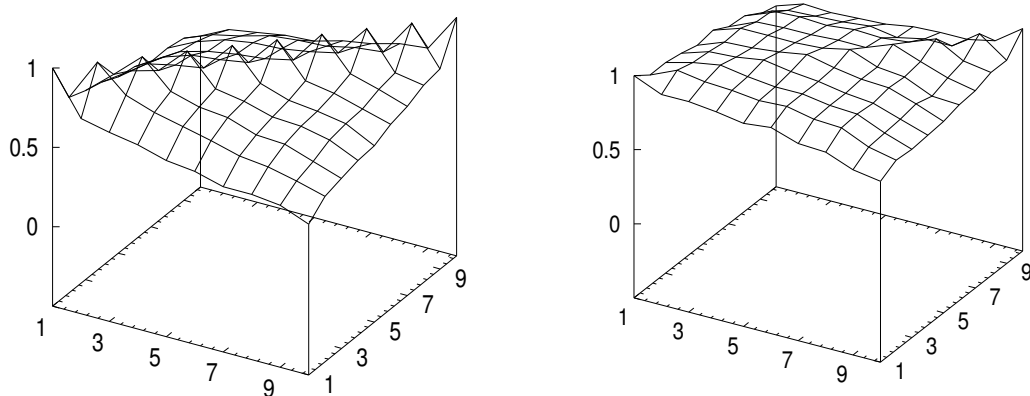


Figura 5 - Estimativas de correlações fenotípicas (esquerda) e genéticas (direita), entre os fluxos lácteos mensais, de acordo com o modelo multi-características.

As estimativas obtidas para as correlações fenotípicas e de ambiente permanente apresentaram valores semelhantes para os MRA. Estas correlações variaram de 0,35 a 0,87, 0,34 a 0,88 e de 0,36 a 0,78, respectivamente, para os modelos 8, 11 e 12, sendo que, as maiores estimativas foram observadas entre os controles adjacentes. Já, os valores das correlações de ambiente permanente, variaram de 0,34 a 0,99, 0,37 a 0,99 e de 0,44 a 0,99, respectivamente, para os mesmos modelos, assumindo valores pouco superiores que os das correlações fenotípicas. As maiores oscilações observadas nas estimativas dessa correlação ocorreram em função do número de parâmetros terem sido maiores para o efeito de ambiente permanente. Pode-se observar também, que algumas regiões do gráfico se mostraram mais regulares, ou seja, com menores oscilações, para o modelo 8, devido, provavelmente, a menor ordem de polinômio ajustada para o efeito de ambiente permanente.

O valor das correlações fenotípicas provenientes das análises multi-características está próximo dos valores obtidos pelos MRA. A amplitude dessas estimativas variou entre 0,45 (entre o 1º e 10º controles) e 0,84 (entre o 2º e 3º controles). De acordo com os resultados observados, as correlações genéticas e fenotípicas estimadas utilizando polinômios ortogonais apresentaram dispersão mais

uniforme, delineando um gráfico com menores oscilações do que o obtido por meio do modelo multi-características.

Os componentes de variâncias e os parâmetros genéticos estimados pelos modelos 8, 11 e 12 foram, de modo geral, bastante semelhantes. Entretanto, os valores de Log L apresentaram diferenças entre esses modelos, assim como os critérios de informação AIC e BIC, favorecendo modelos com maior número de parâmetros. Como poucas mudanças foram observadas nos parâmetros genéticos estimados pelos modelos 8, 11 e 12, o modelo empregando ordem cúbica e sexta ordem, respectivamente, para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, poderia ser utilizado na avaliação do fluxo lácteo sem perda de precisão das estimativas, proporcionando ainda redução do número de parâmetros a serem estimados. Dificuldades para a escolha de modelos mais adequados para descrever a variação tanto de características de crescimento como de produção de leite também foram relatadas por outros autores (ALBUQUERQUE, 2003; JAFFRÉZIC et al., 2002), que sugerem como critérios de escolha, modelos que predizem valores genéticos mais acurados ou que promovem maiores respostas à seleção (JAFFRÉZIC et al., 2002).

A correlação de posto (*Spearman*) entre os valores genéticos dos touros estimados pelos modelos 8 e 11, modelos 8 e 12 e modelos 11 e 12, foram, respectivamente, 0,98, 0,97 e 0,99. Essas correlações sugerem que a utilização de qualquer um desses modelos levaria à seleção de, praticamente, os mesmos animais. Este resultado pode ser explicado pelas estimativas dos componentes de variâncias e parâmetros genéticos que foram bastante semelhantes entre esses modelos.

Selecionando-se 10% (20) dos melhores touros com base nos valores genéticos estimados pelo modelo 8, 95% deles seriam coincidentes se a seleção fosse feita baseada nos valores genéticos estimados pelos modelos 11 ou 12. A coincidência seria de 100% se os animais fossem selecionados com base nos valores genéticos estimados por meio dos modelos 11 ou 12. Isto indica que a seleção dos animais com valor genético superior, de acordo com os modelos de avaliação descritos acima, não levaria a mudanças importantes da classificação dos animais. Assim, considerando que existe coincidência dos animais no processo de seleção, ou seja, aqueles que seriam

utilizados por um critério de seleção também seriam pelo outro, a escolha do modelo mais parcimonioso se torna vantajoso.

Os autovalores estimados da matriz dos coeficientes de regressão aleatória do efeito genético do modelo 8, foram 0,160, 0,013 e 0,003. Os dois primeiros autovalores para este efeito, foram responsáveis por 98,3% da variação genética total. Sendo que, o primeiro autovalor foi responsável por, aproximadamente, 91% dessa variação e o segundo por 7,4%. Para este mesmo modelo, os autovalores estimados para o efeito de ambiente permanente, modelado por polinômio de sexta ordem, foram 0,327, 0,035, 0,012, 0,007, 0,003 e 0,001. Para este efeito, os três últimos autovalores apresentaram valores próximos de zero. Já, os dois primeiros autovalores, somaram uma variação de, aproximadamente, 94%. A redução do posto das matrizes de coeficientes, em função da magnitude dos autovalores, não foi testada no presente estudo, mas, de acordo com MEYER (1998a), alguns autovalores das funções de covariâncias podem apresentar valor nulo ou valores muito pequenos em relação aos demais autovalores. Isso implica que k ordens de polinômios são requeridas para modelar adequadamente a curva, mas uma redução de m direções (autovalores) poderia ser suficiente. Assim, para o efeito genético aditivo, uma matriz de coeficientes de posto 2, mas com uma função polinomial com $k_a=3$, poderia modelar as variâncias adequadamente. Já, para o efeito de ambiente permanente, provavelmente uma matriz de coeficientes com posto 3, poderia ser suficiente. A redução de posto não altera as estimativas dos parâmetros (MEYER, 1998a; EL FARO et al., 2008), apesar de proporcionar convergência mais rápida.

As três autofunções para o efeito genético aditivo, referentes ao modelo 8 são apresentadas na Figura 6, com a finalidade de verificar prováveis direções da seleção para o fluxo lácteo. Autofunções são funções contínuas, nas quais os coeficientes são formados pelos elementos dos autovetores das matrizes de coeficientes das funções de covariância. Para cada autofunção existe um autovalor associado, que representa a variação da proporção total que a mesma explica. Assim, cada direção provável da seleção ao longo do tempo, possui uma variação a ela associada.

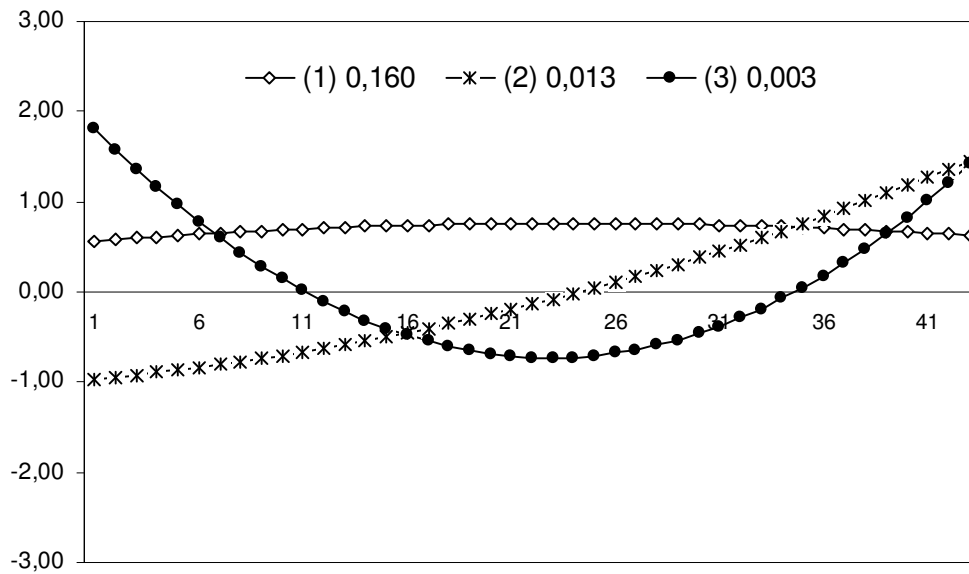


Figura 6 – Autofunções (1, 2 e 3) estimadas para o efeito genético aditivo e seus respectivos autovalores, para o modelo de regressão aleatória $k_a=3$, $k_{ap}=6$ para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, com estrutura de variâncias residuais contendo 7 classes (modelo 8).

A primeira autofunção foi positiva e praticamente constante em toda a lactação. Este resultado sugere que a maior parte da variação genética do fluxo lácteo é explicada por genes que atuam na mesma direção por toda a lactação, o que já foi constatado pelas estimativas positivas de correlação genética entre todos os controles avaliados. Assim, a seleção feita para aumentar o fluxo lácteo em determinado controle, implicará em aumento no fluxo nos demais controles.

A segunda autofunção foi negativa até, aproximadamente, a 25ª semana de lactação e positiva nas demais semanas. A mudança de sinal da autofunção indica que a seleção para este componente apresentará efeitos contrários do fluxo lácteo para o início e final da lactação. Entretanto, a mudança genética por seleção sobre este componente seria muito pequena em virtude deste ser responsável por apenas 7,4% da variação genética.

Polinômios de altos graus não foram necessários para ajustar o efeito genético aditivo no presente estudo, entretanto, para o efeito de ambiente permanente foi necessário grau 6 para modelar adequadamente esse efeito. Polinômios de altos graus aumentam a demanda computacional, levando a dificuldades de convergência do processo iterativo para estimar os componentes de variância. Este fato muitas vezes limita a utilização desse tipo de metodologia nas avaliações genéticas que utilizam grande conjunto de dados.

O mais comum na avaliação genética de características de importância econômica em gado de leite, como a produção de leite, é a utilização de modelos de repetibilidade, por se tratar de dados longitudinais. No caso do fluxo lácteo, que ainda não é empregado em programas de melhoramento genético, pelo fato de sua mensuração ser difícil, a avaliação se dá por meio de modelos uni-característica e multi-características. Esse último, como empregado nesse estudo, utiliza as informações de todos os parentes na matriz de parentesco, mas, embora considere as correlações entre as características, utiliza matrizes de covariâncias não estruturadas, o que pode implicar em diferenças de estimativas dos componentes de variância quando comparadas aos MRA.

No caso de MRA uma regressão fixa foi utilizada para modelar a curva média de fluxo lácteo da população, e cada efeito aleatório (genético e de ambiente permanente) foi modelado por trajetórias em função da semana de lactação. Nesse modelo, os efeitos de ambientes são separados em efeitos permanentes e temporários, diferentemente do modelo multi-características, o que tende a proporcionar estimativas mais acuradas dos componentes de variâncias. Esse fato provavelmente pode explicar as diferenças nas estimativas de herdabilidades encontradas por meio do modelo multi-características e dos MRA. Além disso, os MRA permitem previsões para qualquer ponto da curva no período avaliado, ao contrário dos modelos multi-características. MEYER (2004), trabalhando com dados simulados, verificou que os MRA proporcionaram estimativas de valores genéticos mais acuradas do que os modelos multi-características. Esta vantagem foi atribuída à melhor modelagem dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos produzida pelos MRA.

Devido às suas propriedades, os MRA vêm sendo utilizados em estudos que avaliam dados longitudinais e podem vir a ser empregados, futuramente, em avaliações genéticas. Entretanto, algumas alternativas para diminuir a ordem dos polinômios devem ser estudadas para reduzir a demanda computacional desse tipo de análise, para que esta se torne viável.

CONCLUSÕES

Existe a necessidade de considerar a heterogeneidade de variâncias residuais para modelar o fluxo lácteo. O modelo contendo sete classes residuais é o mais adequado para descrever a trajetória desse efeito no decorrer da lactação.

O modelo que utilizou polinômio de terceira ordem para o efeito genético aditivo e sexta ordem para o efeito de ambiente permanente, é o mais adequado para descrever as variações do fluxo lácteo, sendo mais parcimonioso.

As herdabilidades estimadas por meio do modelo que empregou polinômios de ordens 3 e 6, respectivamente, para os efeitos genéticos aditivo e de ambiente permanente, foram de magnitude moderada a alta, sugerindo que esta característica pode promover ganho genético rápido se for selecionada. As correlações genéticas estimadas por este mesmo modelo foram positivas, e indicam que a seleção feita para aumentar o fluxo lácteo em determinado controle, implicará em aumento no fluxo nos demais controles.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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**, v.79, n.11, p.2776-2789, 2001.

ALBUQUERQUE, L. G. **Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça Nelore**. 2003. 87 f. Livre Docência (Disciplina Métodos de Melhoramento Animal) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2003.

ALBUQUERQUE, L. G., MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Nelore cattle applying a parametric correlation structure to model within animal correlations. **Livestock Production Science**, v.93, n.3, p.213-222, 2005.

ARAÚJO, C. V., TORRES, R. A., COSTA, C. N., TORRES FILHO, R. A., ARAÚJO, S. I., LOPES, P. S., REGAZZI, A. J., PEREIRA, C. S., SARMENTO, J. L. R. Uso de modelos de regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, supl., p.975-98, 2006.

BIGNARDI, A. B., EL FARO, L., ALBUQUERQUE, L. G., CARDOSO, V. L., MACHADO, P. F. Modelos de dimensão finita para a estimação de parâmetros genéticos para a produção de leite de primeiras lactações de vacas da raça Holandesa. **Ciência Rural**, v.38, n.6, p.1705-1710, 2008.

BOETTCHER, P. J., DEKKERS, J. C. M., KOLSTAD, B. W. Development of an udder health index for sire selection based on somatic cell score, udder conformation, and milking speed. **Journal of Dairy Science**, v.81, n.4, p.1157-1168. 1998.

COBUCI, J. A., EUCLYDES, R. F., LOPES, P. S., COSTA, C. N., TORRES, R. A., PEREIRA, C. S. 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., TEIXEIRA, N. M., FREITAS, A. F. 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.

COFFEY, M. P., SIMM, G., BROTHERSTONE, S. Energy Balance Profiles for the First Three Lactations of Dairy Cows Estimated Using Random Regression. **Journal of Dairy Science**, v.85, n.10, p.2669-2678, 2002.

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.

EL FARO, L., CARDOSO, V. L., ALBUQUERQUE, L. G. Variance component estimates applying random regression models for test-day milk yield in Caracu heifers (*Bos taurus* Artiodactyla, Bovidae). **Genetics and Molecular Biology**, v.31, n.3, 665-673, 2008.

ERF, D. F., HANSEN, L. B., LAWSTUEN, D. A. Inheritance and Relationships of Workability Traits and Yield for Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.75, n.7, p.1999-2007, 1992.

HENDERSON, R. JR. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, non homogeneous and random regressions. **Biometrics**, v.38, n.3, p.623-640, 1982.

ILAHÍ , H., KADARMIDEEN, H. N. Bayesian segregation analysis of milk flow in Swiss dairy cattle using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, v.36, p.563-576.2004.

JAFFRÉZIC, F., WHITE, I. M. S, THOMPSON, R., VISSCHER, P. M. Contrasting Models for Lactation Curve Analysis. **Journal of Dairy Science**, v.85, n.4, p.968-975, 2002.

JAKOBSEN, J.H., MADSEN, P., JENSEN, J., PEDERSEN, J., CHRISTENSEN, L. G., SORENSE, 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.607-1616, 2002.

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, n.4, p.762-770, 1997.

JAMROZIK, G. J., KISTEMAKER, J. C. M., DEKKERS, SCHAEFFER, L. R. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.10, p.2550-2556, 1997.

KARACAÖREN, B., JAFFRÉZIC, F., KADARMIDEEN, H. N. Genetic Parameters for Functional Traits in Dairy Cattle from Daily Random Regression Models. **Journal of Dairy Science**, v.89, n.2, p.791-798, 2006.

LUTTINEN, A., JUGA, J. Genetic Relationships between Milk Yield, Somatic Cell Count, Mastitis, Milkability and Leakage in Finnish Dairy Cattle Population. In **Proceedings...** Interbull Bulletin Evaluation Service, INTERBULL Bull. n.15. p.78–83, Uppsala, Sweden, 1997.

MELO, C. M. R., PACKER, I. H., COSTA, C. N., MACHADO, P. F. Parâmetros genéticos para as produções de leite no dia do controle e da primeira lactação de vacas da raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.796-806, 2005.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection Evolution**, v.30, p.221-240, 1998a.

MEYER, K. DXMRR – a program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, Amidale. **Proceedings...** Amidale. CD-ROM, 1998b.

MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, n.3, p.69-83, 2004.

MISZTAL, I. (2001). RELMF90 Manual. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html/>. Acesso em 07 de fevereiro de 2008.

ØDEGARD, J., JENSEN, J., KLEMETSDAL, G., MADSEN, P., HERINGSTAD, B. Genetic Analysis of Somatic Cell Score in Norwegian Cattle Using Random Regression Test-Day Models. **Journal of Dairy Science**, v.86, n.12, p.4103-4114, 2003.

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**, v.61, p.53-63, 1999.

REKAYA, R., CARABANO, M. J., TORO, M. A. Random regression in animal models for test-day production in dairy cattle. Proceedings of the fifth world congress on genetics applied to livestock production. **Proceedings...** Guelph, v.18, p.443-446. 1999.

RENSING, S., RUTEN, W. Genetic evaluation for milking speed in German Holstein population using different traits in a multiple trait repeatability model In: INTERBULL MEETING. **Proceedings...** Uppsala, Sweden, June 2-4, 2005, BULLETIN n.33, p.167-170, 2005.

RUPP, R., BOICHARD, D. Genetic Parameters for Clinical Mastitis, Somatic Cell Score, Production, Udder Type Traits, and Milking Ease in First Lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.82, n.10, p.2198–2204, 1999.

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**, v.82, n.12, p.2805-2810, 1999.

VICARIO, D., CARNIER, P., DEGANI, L. Test-day model for national genetic evaluation of somatic cell count in Italian Simmental Population. In: INTERBULL MEETING, Uppsala, Sweden, **Proceedings...** v.33, n.35, p.171-175, 2006.

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

ZWALD, N. R., WEIGEL, K. A., CHANG, Y. M., WELPER, R. D., CLAY, J. S. Genetic Evaluation of Dairy Sires for Milking Duration Using Electronically Recorded Milking Times of Their Daughters. **Journal of Dairy Science**, v.88, n.3, p.1192–1198, 2005.

CAPÍTULO 4 – ESTIMAÇÃO DE FUNÇÕES DE COVARIÂNCIAS PARA O FLUXO LÁCTEO DE VACAS DA RAÇA HOLANDESA UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA COM FUNÇÕES *B-SPLINES*

Estimação de Funções de Covariâncias Para o Fluxo Lácteo de Vacas da Raça Holandesa Utilizando Modelos de Regressão Aleatória com Funções *b-splines*.

RESUMO - Foram avaliados 75.555 controles semanais de fluxo lácteo de 2.175 primeiras lactações de vacas da raça Holandesa, pertencentes à Agropecuária Agrindus S.A., localizada no município de Descalvado, SP. Os fluxos lácteos medidos no dia do controle foram considerados em 43 classes semanais de dias em lactação. O modelo utilizado incluiu os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente como aleatórios, além do residual. Foram considerados como efeitos fixos o grupo de contemporâneos, os efeitos linear e quadrático da idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população, modelada por meio de polinômios ortogonais de Legendre de quarta ordem. Os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de regressão aleatória empregando funções *b-splines*. A estrutura residual foi considerada heterogênea, contendo 7 classes de variâncias. Os modelos foram comparados usando as informações do critério de informação de Akaike e do critério Bayesiano de Schwarz, além da visualização das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos. O modelo de regressão aleatória empregando uma *b-splines* cúbica com o número de coeficientes de regressão aleatória igual oito, e cinco segmentos, tanto para o efeito aleatório genético aditivo como de ambiente permanente foi o mais adequado para o ajuste dos dados, de acordo com os critérios de comparação avaliados. Entretanto, como poucas mudanças foram constatadas nos parâmetros genéticos estimados, o modelo empregando uma *b-splines* quadrática com sete coeficientes de regressão e mesmo número de segmentos, poderia ser utilizado sem perda na precisão das estimativas, proporcionando ainda uma redução do grau da função de cada segmento e do número de parâmetros.

Palavras-chave: Características funcionais, Funções de covariância, Habilidade de produção, Parâmetros genéticos, Funções *b-splines*

INTRODUÇÃO

A regressão aleatória tem sido preconizada em análises genéticas de medidas repetidas no tempo, ou seja, de dados longitudinais. Os polinômios ortogonais são bastante empregados nesse tipo de análise, na avaliação de diversas características em bovinos de leite (KARACAOREN et al., 2006, COFFEY et al., 2002, JAKOBSEN, et al., 2002, ØDEGARD et al., 2003, STRABEL & MISZTAL, 1999). Entretanto, nos estudos de regressão aleatória, altas ordens de polinômios têm sido encontradas como as mais adequadas para modelar as mudanças de médias e variâncias ao longo da escala de tempo. Esse fato proporciona aumento do número de parâmetros a serem estimados, conseqüentemente, exigindo maior demanda computacional para a estimação desses componentes de variâncias. Além disso, de acordo com MEYER (2005), ordens elevadas de polinômios podem ocasionar erros nas estimativas dos parâmetros genéticos devido, principalmente, às oscilações encontradas nos extremos da curva.

Uma alternativa que vem sendo estudada para diminuir a ordem desses polinômios e minimizar problemas nas estimativas é o emprego dos polinômios segmentados ou das chamadas funções *splines*. Essas funções são formadas por segmentos de polinômios com baixo grau, que são unidos por determinados pontos chamados de nós. As funções *splines*, dependendo da forma com que são modeladas, apresentam algumas vantagens de utilização, como ser de fácil estimação e ter interpretação biológica simples. Além disso, por se tratar de uma curva formada por segmentos, existe maior flexibilidade no ajuste de possíveis flutuações estacionais das observações (MEYER, 2005).

No âmbito do melhoramento animal, os polinômios segmentados vêm sendo utilizados nas análises de regressão aleatória para ajustar a curva de lactação de bovinos leiteiros (WHITE et al., 1999; TORRES, 2001) e curva de crescimento de bovinos de corte (MEYER, 2005).

Dentre os tipos de curvas *splines*, a chamada *b-splines*, tem sido muito estudada devido às suas ótimas propriedades numéricas (EILERS & MARX, 2004), e eficiência na modelagem de efeitos aleatórios em análises de modelos mistos, e na estimação de funções de covariância (RICE & WU, 2001).

Diante do exposto o objetivo do presente estudo foi estimar funções de covariância para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente para o fluxo lácteo semanal de vacas da raça Holandesa, utilizando modelos de regressão aleatória com funções *b-splines*.

MATERIAL E MÉTODOS

No presente estudo foram avaliados 75.555 controles semanais de fluxo lácteo de 2.175 primeiras lactações de vacas da raça Holandesa, pertencentes à Agropecuária Agrindus S.A., localizada no município de Descalvado, SP, com partos registrados no período de 1997 a 2005. Os controles e seus respectivos tempos de ordenha foram registrados diariamente, sendo provenientes de ordenha mecânica realizada três vezes ao dia.

O fluxo lácteo foi obtido dividindo-se a produção de leite (kg) proveniente das três ordenhas pelo tempo total de ordenha (minutos) das mesmas, resultando em uma variável com unidade kg/min.

As lactações foram truncadas aos 305 dias e os controles semanais do fluxo lácteo foram obtidos entre sete e 305 dias após o parto. O fluxo lácteo foi considerado em classes semanais, dividindo-se o período de lactação em intervalos de aproximadamente sete dias, totalizando 43 classes. Foram mantidas as primeiras lactações com, no mínimo, três controles de fluxo de leite.

O grupo de contemporâneo foi definido pelas variáveis ano e semana do controle, compondo 364 níveis. Aplicou-se a restrição de que cada grupo deveria conter, no mínimo, oito informações. Para todas as análises foi utilizado um arquivo de pedigree contendo informação do animal, pai e mãe, totalizando 9.572 animais na matriz de parentesco.

As análises foram realizadas por meio de um modelo animal uni-característica de regressão aleatória. Foram estimadas funções de covariâncias para os componentes genéticos aditivos e de ambiente permanente, modeladas por meio de funções *b-splines*. O modelo utilizado incluiu os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente como aleatórios, além do efeito residual. Foram considerados como efeitos fixos o grupo de contemporâneos, os efeitos linear e quadrático da idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população, modelada por meio de polinômios ortogonais de Legendre de quarta ordem. Após a realização de análises prévias para a escolha da melhor estrutura de variâncias residuais, esta foi considerada por meio de classes heterogêneas, contendo sete classes de variâncias, com as semanas agrupadas da seguinte forma: 1, 2, 3, 4-9, 10-19, 20-39 e 40-43 semanas.

Os segmentos individuais foram considerados por meio de polinômios de ordem linear (L), quadrático (Q) e cúbico (C), com funções bases de grau $p=1, 2$ e 3 , unidos em pontos denominados nós, o que permite que a função se torne contínua. Os nós foram considerados eqüidistantes. Foram testados modelos com até seis nós, tanto para o efeito genético como para o de ambiente permanente. Além dos m nós escolhidos para dividir as semanas de fluxo lácteo em intervalos eqüidistantes, foram considerados nós extremos localizados na 1ª e 43ª semana da curva de fluxo lácteo para todos os modelos avaliados. Isso resulta em $m, m+1$ e $m+2$ coeficientes de regressão aleatória para modelar a trajetória por funções bases linear, quadrática e cúbica, respectivamente. Assim, um modelo com dois segmentos lineares terá $m=3$ nós, na 1ª e 43ª semanas representando os pontos extremos e na 22ª semana, uma vez que os intervalos são eqüidistantes. Os nós extremos não interferem no número de parâmetros do modelo.

Nas análises os modelos de regressão avaliados foram descritos como “ XK_aK_{ap} ”, onde $X=L, Q$ ou C indicam o grau do polinômio dos segmentos, e K_a e K_{ap} correspondem ao número dos coeficientes de regressão para os efeitos genético e de ambiente permanente, respectivamente. Assim, um modelo que apresenta a denotação L33 é uma função *b-splines* linear, contendo três coeficientes de regressão aleatória

tanto para o efeito aleatório genético aditivo como o de ambiente permanente, três nós ($m=3$) e dois segmentos ($m-1$).

O modelo animal uni-característica de regressão aleatória empregando uma função *b-splines* pode ser representado por:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_b-1} \beta_m \phi_m(t_i) + \sum_{r=1}^{k_a} \alpha_{jm} B_r(t_{ij}) + \sum_{r=1}^{k_{ap}} \gamma_{jm} B_r(t_{ij}) + e_{ij}$$

em que: y_{ij} é o fluxo lácteo no i -ésimo controle, pertencente ao j -ésimo animal; F é o conjunto de efeitos fixos de grupo de contemporâneos e a idade da vaca ao parto; β_m são os coeficientes de regressão para modelar a trajetória média da população; $\phi_m(t_i)$ é a função de regressão de ordem k_b , que descreve a curva média da população de acordo com o dia de lactação (t_i); $B_r(t_{ij})$ são os valores das r -ésimas funções *b-splines*, avaliadas (ver Eq. 1) para cada indivíduo j , de acordo com o dia em lactação (t_i), para os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente sendo que o grau p , variou de 1 a 3, e os T_x nós, variou de três a seis, como apresentados na Tabela 1; α_{jm}, γ_{jm} , são os m regressores aleatórios genético direto e de ambiente permanente para cada animal j ; k_b, k_a, k_{ap} são as ordens dos polinômios utilizados para os efeitos descritos acima; e E_{ij} é o erro aleatório associado a cada controle i do animal j .

As funções *b-splines* podem ser definidas recursivamente. Funções base de grau $p=0$ têm valores iguais à unidade para todos os pontos em um dado intervalo, e zero caso contrário. Para o k -ésimo intervalo dado por nós T_k e T_{k+1} com $T_k \leq T_{k+1}$,

$$B_{k,0}(t) = \begin{cases} 1 & \text{se } T_k \leq t < T_{k+1}, \\ 0 & \text{caso contrário} \end{cases}$$

Já, as funções bases de grau $B_{k,p}$, para $p > 0$, podem ser representadas por:

$$B_{k,p}(t) = \frac{t - T_k}{T_{k+p} - T_k} B_{k,p-1}(t) + \frac{T_{k+p+1} - t}{T_{k+p+1} - T_{k+1}} B_{k+1,p-1}(t) \quad (\text{Eq. 1})$$

Os componentes de variância das análises foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando-se o pacote estatístico WOMBAT (MEYER, 2006).

A comparação entre todos os modelos avaliados foi realizada pelos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) (WOLFINGER, 1993), além da visualização das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos. Os testes de AIC e BIC permitem comparação entre os modelos não aninhados e penalizam aqueles com maior número de parâmetros, sendo que, o BIC atribui penalidade mais rigorosa.

Os critérios de informação podem ser representados por:

$$\text{AIC} = -2\log L + 2p$$

$$\text{BIC} = -2\log L + p\log(N-r),$$

onde p é o número de parâmetros do modelo, N é o número total de observações e r é o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos no modelo e $\log L$ o logaritmo da função de Máxima Verossimilhança Restrita (WOLFINGER, 1993). Menores valores para AIC e BIC indicam melhor ajuste.

Após a escolha dos modelos indicados pelos critérios citados acima, foi calculado o coeficiente de correlação de *Spearman* para comparar os valores genéticos preditos pelos modelos escolhidos, verificando assim sua similaridade.

Os resultados obtidos pelos MRA ajustados por funções *b-splines* foram comparados com os obtidos utilizando os modelos de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre de ordem cúbica para o efeito genético aditivo e nona ordem para o efeito de ambiente permanente, e outro que empregou essa mesma ordem para o efeito genético aditivo e sexta ordem para o efeito de ambiente permanente, ambos com sete classes de variâncias residuais, como previamente

realizado no Capítulo 3. No texto estes MRA são referenciados como LEG397 e LEG367, respectivamente. Além disso, as comparações também foram feitas com os resultados das análises multi-características entre as produções mensais de fluxo lácteo (TDMO) obtidas no Capítulo 2.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O fluxo lácteo médio no dia do controle foi de 2,36 kg/min, com desvio-padrão de 0,64 kg/min e coeficiente de variação de 27,43%. Como observado na Figura 1, houve um aumento do fluxo de leite até a 25ª semana (2,50 kg/min) com decréscimo até o final da lactação (2,31 kg/min). As maiores variações do fluxo lácteo foram observadas no final da lactação (29,49%).

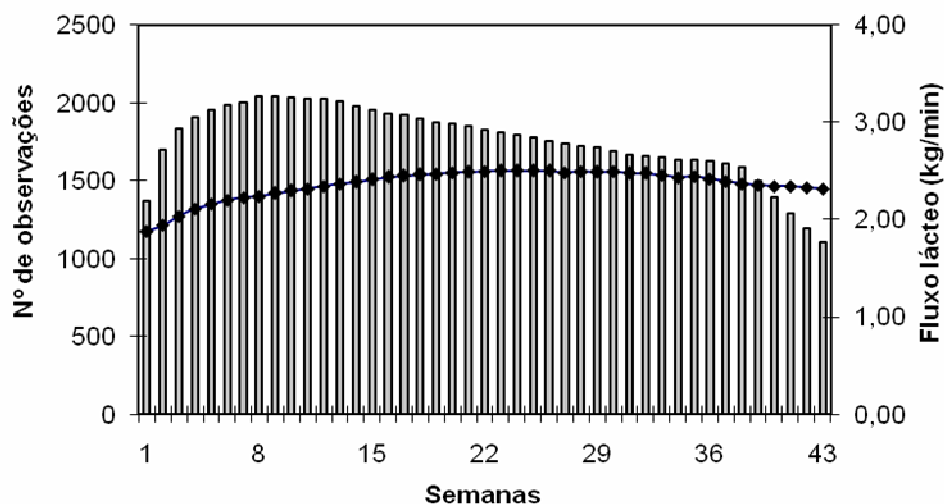


Figura 1 - Número de observações (barras) e fluxo lácteo semanal (linha), de acordo com a semana da lactação.

Os modelos de regressão empregando as funções *b-splines* de ordens linear, quadrática e cúbica foram ajustados considerando sempre a mesma ordem de polinômios para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente. O resumo das análises contendo o Ln da função de verossimilhança (Log L) e os critérios de

informação de Akaike (AIC) e Bayesiano (BIC) para os 14 modelos que convergiram, está apresentado na Tabela 1. Não foi possível atingir a convergência do modelo que empregou a função *b-splines* cúbica com nove coeficientes de regressão aleatória e sete nós, para ambos os efeitos considerados na análise.

Dentre os modelos avaliados, foi possível observar que a medida que o número de parâmetros aumentou, houve uma melhora no valor da função de verossimilhança, independente da função *b-splines* testada. Da mesma forma, comparando-se os modelos com mesmo número de parâmetros, empregando as funções linear, quadrática e cúbica, também foi possível observar que a função mais complexa, a cúbica, foi a que obteve melhor valor de Log L. Assim, para todas as comparações entre modelos com mesmo número de parâmetros, aqueles de ordem cúbica se mostraram sempre superiores aos demais modelos, de acordo com os critérios de AIC e BIC.

O modelo considerado como o de melhor ajuste aos dados, de acordo com os critérios apresentados na Tabela 1, foi o C88, com cinco segmentos, seguido do modelo Q88, contendo seis segmentos, ambos com 79 parâmetros. Entretanto, o modelo Q88, com maior número de segmentos e nós, apresentou problemas de convergência na estimação dos componentes de variância, sendo sua utilização menos vantajosa quando comparado ao modelo C88. De acordo com WHITE et al. (1999), a demanda computacional de modelos que utilizam funções *splines* é dependente do número e da posição dos nós fixados na análise.

O valor da função de verossimilhança do modelo C88 (Log L=3050) foi muito próximo do valor encontrado quando se utilizou os polinômios ortogonais de Legendre de terceira e nona ordens para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, com sete classes heterogêneas de variância (Log L=3046) na análise dos dados. O critério de AIC também acusou valores bastante próximos entre esses dois modelos. Já, o critério de BIC, que penaliza de forma mais rigorosa modelos mais parametrizados, mostrou superioridade do modelo empregando o polinômio de Legendre (58 parâmetros), uma vez que o modelo C88 apresenta número de parâmetros superior. Entretanto, cabe ressaltar que, como observado no Capítulo 3, as estimativas dos componentes de variâncias entre os modelos LEG 397 e o modelo

ajustado com terceira e sexta ordens, respectivamente, para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente (LEG 367), foram bastante semelhantes. Assim, as estimativas do modelo mais parcimonioso, LEG 367, será comparada com as estimativas dos melhores modelos ajustados com funções *b-splines*.

Comparando-se as estimativas dos parâmetros obtidos com os modelos C88 e Q77, com mesmo número de segmentos, mas ajustados com diferentes funções *b-splines* (cúbica e quadrática, respectivamente), foi possível observar que os componentes de variância estimados praticamente não apresentaram diferenças, embora os valores de AIC e BIC indiquem superioridade do modelo C88. O modelo Q77, embora tenha o mesmo número de segmentos que o modelo C88, estes são de ordem quadrática e totalizam menos parâmetros a serem estimados na análise, proporcionando convergência mais rápida na estimação dos componentes de variância, sendo, dessa forma, mais parcimonioso.

Tabela 1 - Modelos, número de parâmetros (n) do modelo, números de segmentos, posição dos nós (semanas), log da função de verossimilhança (Log L) e critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), para os modelos de regressão aleatória empregando função *b-splines*.

Modelo	n	Segmentos	Nós (semanas)	Log L	AIC	BIC
<i>b-splines</i> Linear						
L33	19	2	1, 22, 43	821	-1604	-1429
L44	27	3	1, 15, 29, 43	1686	-3317	-3068
L55	37	4	1, 12, 22, 33, 43	2109	-4144	-3803
L66	49	5	1, 10, 18, 27, 35, 43	2405	-4713	-4261
L77	63	6	1, 8, 15, 22, 29, 36, 43	2655	-5184	-4603
<i>b-splines</i> Quadrático						
Q44	27	2	1, 22, 43	1805	-3556	-3307
Q55	37	3	1, 15, 29, 43	2278	-4483	-4141
Q66	49	4	1, 12, 22, 33, 43	2623	-5148	-4696
Q77	63	5	1, 10, 18, 27, 35, 43	2876	-5625	-5044
Q88	79	6	1, 8, 15, 22, 29, 36, 43	3016	-5874	-5145
<i>b-splines</i> Cúbico						
C55	37	2	1, 22, 43	2327	-4579	-4238
C66	49	3	1, 15, 29, 43	2695	-5292	-4840
C77	63	4	1, 12, 22, 33, 43	2914	-5720	-5121
C88	79	5	1, 10, 18, 27, 35, 43	3050	-5942	-5213
Polinômio Ortogonal de Legendre						
LEG367*	34	-	-	2661	-5255	-4941
LEG397**	58	-	-	3046	-5975	-5440

Valor em negrito indica o melhor modelo com base em AIC e BIC.

* Modelo mais adequado segundo as estimativas de componentes de variâncias e parâmetros genéticos

** Modelo mais adequado segundo o critério de informação BIC

As variâncias fenotípicas (σ^2_p), genéticas (σ^2_a), de ambiente permanente (σ^2_{pe}) e residuais (σ^2_e) estimadas por meio de modelos de regressão aleatória empregando funções *b-splines* para os modelos C88 e Q77 estão apresentadas na Figura 2, bem

como aquelas estimadas pelo modelo com polinômio de Legendre. Como descrito anteriormente, é possível observar que as estimativas dos componentes de variância para os efeitos fenotípico, aditivo e de ambiente permanente apresentaram a mesma tendência para os modelos C88 e Q77.

As estimativas das variâncias fenotípicas para os dois modelos aumentaram até a 6ª semana da lactação, permaneceram sem grandes alterações até 38ª semana, e tiveram um leve aumento até o final da lactação. Da mesma forma, as variâncias genéticas aditivas, em ambos os modelos, aumentaram até a 6ª semana, mas a partir desse ponto, oscilaram até o final da lactação. As estimativas da variância genética aditiva obtidas por meio de regressão empregando funções *b-splines* foram superiores, principalmente na primeira metade da lactação, às obtidas quando se utilizou polinômios ortogonais de Legendre. Além disso, pode-se notar que os valores estimados por meio de polinômios ortogonais se apresentaram constantes, sem grandes oscilações, ao longo da lactação, delineando uma curva mais suave quando comparadas às obtidas por modelos empregando função *b-splines*. Da mesma forma, as estimativas da variância genética aditiva obtidas por meio dos MRA ajustados por meio de funções *b-splines* foram superiores às obtidas pelo modelo multi-características principalmente na primeira metade da lactação, embora estes valores tenham sido mais próximos do que aqueles obtidos pelos polinômios ortogonais (Figura 2).

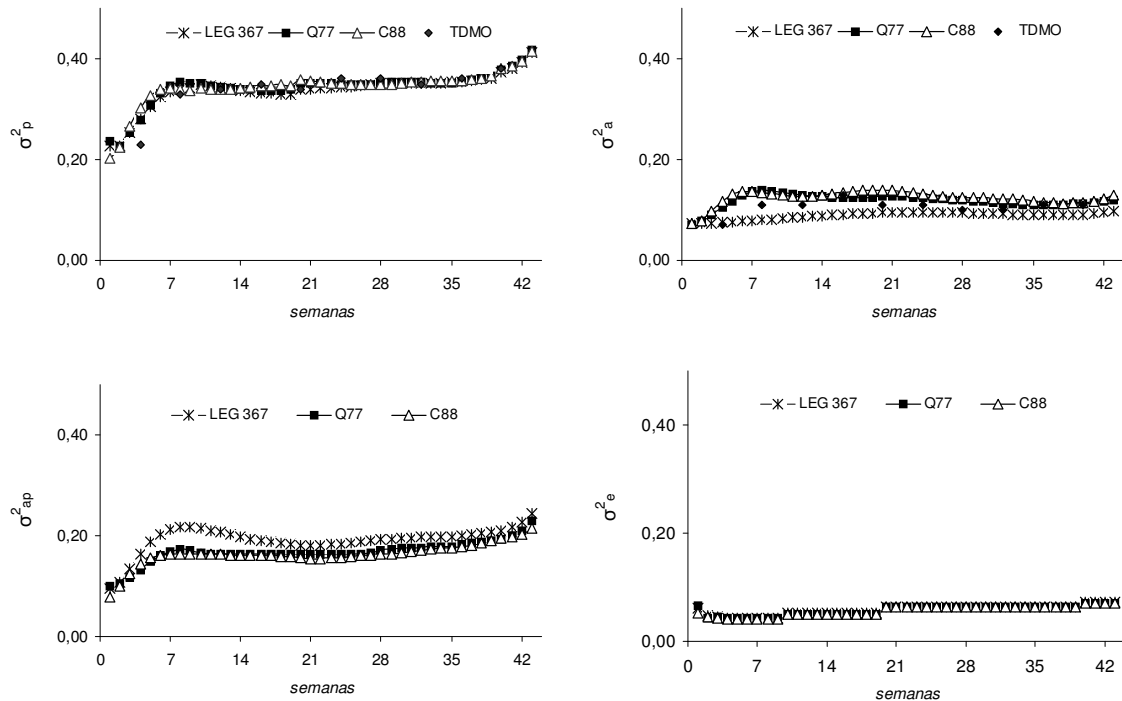


Figura 2 – Variâncias fenotípicas (σ^2_p), genéticas (σ^2_a), ambientais permanente (σ^2_{ap}) e residual (σ^2_e) estimadas por meio de modelos de regressão aleatória empregando funções *b-splines* quadrática (Q77) e cúbica (C88) e polinômios ortogonais de Legendre (LEG367), todos ajustados para uma estrutura de variâncias residuais de 7 classes.

As estimativas de variância de ambiente permanente aumentaram acentuadamente até a 6ª semana de lactação, permanecendo sem grandes oscilações até a 32ª semana, com posterior aumento até o final da lactação. Essas estimativas apresentam valores inferiores às obtidas por meio de polinômios ortogonais, o que é esperado devido à semelhança das estimativas das variâncias fenotípicas entre os modelos e a diferença existente nas variâncias genéticas. Observa-se, dessa forma, que para o modelo que empregou polinômio de Legendre houve uma compensação nas variâncias de ambiente permanente em relação às variâncias aditivas (Figura 2).

Os valores das variâncias residuais foram semelhantes tanto para os modelos ajustados por funções *b-splines* quanto para o modelo ajustado por polinômios ortogonais de Legendre. Os maiores valores foram observados no final da lactação, e podem estar relacionados ao menor número de animais com informações devido à proximidade do período de secagem. Em geral, as variâncias residuais foram menores que as de ambiente permanente e as aditivas.

As estimativas de herdabilidade dos modelos Q77 e C88 foram muito semelhantes, seguindo a mesma tendência (Figura 3). Para o modelo ajustado por meio de função *b-splines* quadrática, as estimativas variaram entre 0,28 e 0,39, e para o modelo ajustado por uma função *b-splines* cúbica, variaram de 0,30 a 0,40. Para ambos os modelos, as estimativas de herdabilidade permaneceram sem grandes oscilações até a 21^a semana, decrescendo de forma suave até o final da lactação. O comportamento e a magnitude das herdabilidades no decorrer da lactação, estimadas por estes modelos foram diferentes das obtidas pelo modelo LEG367, que variaram de 0,23 a 0,33.

No modelo que utilizou o polinômio de Legendre pode-se observar menores oscilações das estimativas de herdabilidades à partir da 7^a semana de lactação, sendo esses resultados próximos ao dos encontrados na literatura. Diante desse fato, pode-se inferir que a utilização de polinômios segmentados na análise do fluxo lácteo pode não ser adequada, visto que essas funções são indicadas para dados com grandes variações no decorrer do tempo, o que não se observa neste caso. Para dados de crescimento em gado de corte, MEYER (2005) relata que não verificou diferenças importantes entre as estimativas obtidas por meio de MRA empregando funções *b-splines* e ajustados por polinômios ortogonais de Legendre. Além disso, este autor observou que as funções *b-splines* foram mais adequadas para o ajuste dos dados, principalmente por serem mais robustas contra os problemas de estimativas nos extremos da curva de crescimento.

Em relação às estimativas de herdabilidade obtidas pelo modelo multi-características, estas também apresentaram magnitude inferior àquelas estimadas por

meio de MRA ajustados por funções *b-splines*, embora a tendência dos valores tenha seguido um padrão semelhante.

As estimativas de herdabilidade obtidas nesse estudo, foram superiores às relatadas por KARACAOREN et al. (2006) que encontraram valores entre 0,003 e 0,098 para o tempo de ordenha, utilizando regressão aleatória modelada por polinômios ortogonais. Da mesma forma, valores inferiores (0,25 e 0,28) foram verificados, respectivamente, por ZWALD et al. (2005), que analisaram o fluxo usando abordagem Bayesiana, e por RESING & RUTEN (2005) cuja estimativa foi de 0,28, utilizando um modelo de repetibilidade.

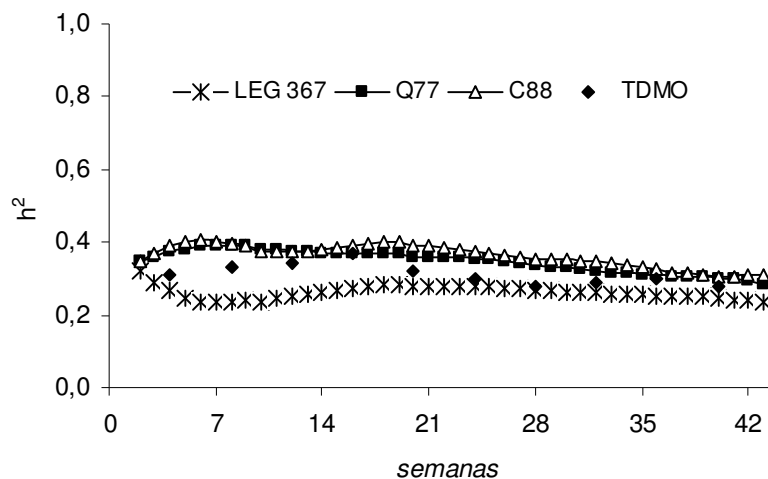


Figura 3 – Herdabilidades estimadas para os fluxos lácteos semanais por meio de modelos de regressão aleatória empregando funções *b-splines* quadrática (Q77) e cúbica (88) e polinômio ortogonal de Legendre (LEG367), todos ajustados para uma estrutura de variâncias residuais de 7 classes, e por meio de modelo multi-características.

As correlações genéticas estimadas entre o fluxo em diferentes controles foram positivas e variaram de 0,507 a 0,999 e 0,262 a 0,999, respectivamente, para os modelos Q77 e C88 (Figura 4). Foi possível observar que as correlações oscilaram

menos quando utilizou-se uma função quadrática do que uma função cúbica, embora os valores das correlações tenham sido semelhantes. As maiores correlações genéticas foram observadas entre os controles adjacentes, e as menores entre controles mais distantes. Estes resultados indicam que a seleção para o aumento do fluxo lácteo em determinado controle, pode resultar no aumento desse fluxo em outros pontos da lactação. KARACAROEN et al. (2006) observaram a mesma tendência para a correlação genética entre fluxos lácteos diários, encontrando valores próximos da unidade quando estes eram referentes a controles adjacentes, e valores em torno de 0,23 entre controles mais distantes.

As estimativas das correlações fenotípicas e de ambiente permanente (Figura 4) apresentaram tendências semelhantes para os modelos Q77 e C88. Os valores das correlações fenotípicas variaram de 0,340 a 0,877 e de 0,342 a 0,877, respectivamente, para os modelos Q77 e C88, sendo que as maiores estimativas foram observadas entre os controles adjacentes. Já, os valores das correlações de ambiente permanente, variaram de 0,401 a 0,998 e de 0,497 a 0,998, respectivamente, para os mesmos modelos, assumindo valores pouco superiores que os das correlações fenotípicas. Embora as estimativas de correlação de ambiente permanente tenham sido semelhantes para os dois modelos, o de ajuste cúbico apresentou maiores oscilações de valores, em relação ao de ajuste quadrático.

Em relação às correlações estimadas pelo modelo LEG367 (não apresentadas), estas mostraram a mesma tendência observada para os modelos empregando funções *b-splines*. Entretanto, as correlações genéticas e de ambiente permanente estimadas utilizando polinômios ortogonais oscilaram menos do que as obtidas pelos modelos ajustados com as funções *b-splines*. Este fato é contrário aos encontrados por outros autores, que verificaram ajuste mais uniforme da variação de produção de leite e crescimento por meio de funções *b-splines* (MEYER, 2005; BIGNARDI et al., 2008).

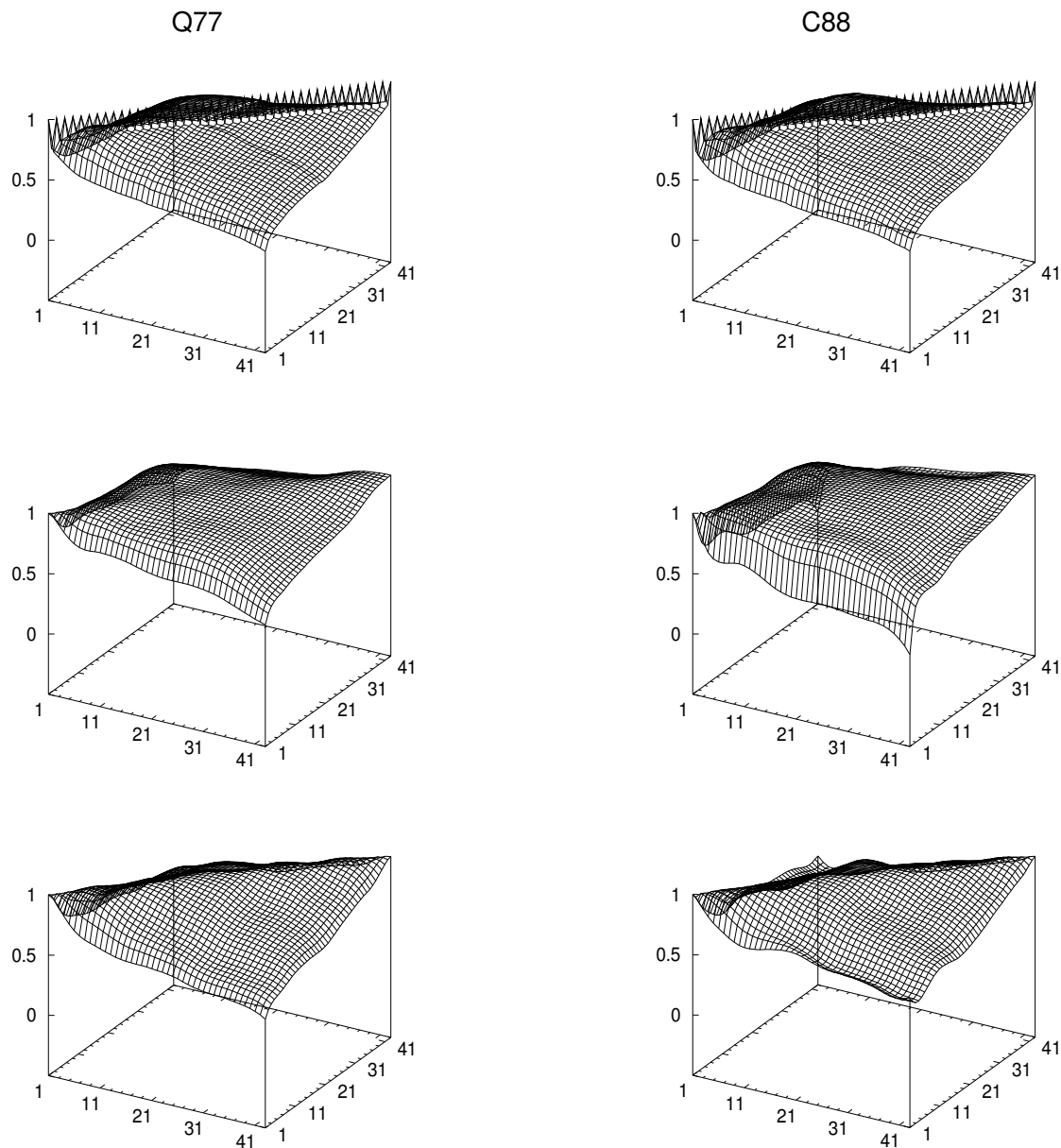


Figura 4 - Estimativas de correlação fenotípica (1ª linha), genética (2ª linha) e de ambiente permanente (3ª linha), de cima para baixo, entre os fluxos lácteos semanais, de acordo com os modelos de regressão aleatória empregando funções *b-splines* Quadrática (Q77) e Cúbica (C88).

Os dois primeiros autovalores (λ_1 e λ_2) da matriz de coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético aditivo para o modelo Q77 foram responsáveis por 88,07% da variação genética total. O primeiro autovalor foi responsável por, aproximadamente, 72,90% dessa variação e o segundo por 15,17%. Já para o modelo ajustado pela função *b-splines* cúbica (C88), os dois primeiros autovalores foram responsáveis por 92,29% da variação genética total, sendo que, o primeiro autovalor foi responsável por, aproximadamente, 84,79% e o segundo por 7,50% dessa variação. De acordo com MEYER (2005), o fato de λ_1 e λ_2 explicarem grande parte da variação é comum em análises de regressão aleatória, independente do número de coeficientes de regressão do modelo.

Proporções semelhantes dos autovalores da matriz de coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético aditivo em relação à variação genética total, foram obtidas ajustando o modelo por meio de polinômios ortogonais de Legendre.

As primeiras autofunções para os modelos Q77, C88 e LEG397 foram praticamente constantes em toda a lactação, e diferiram quanto ao sinal (Figura 5), uma vez que o modelo C88 produziu valores negativos por, praticamente, toda a lactação. Entretanto, o sinal não interfere na interpretação da autofunção, sendo mais importante a trajetória do que os valores durante a lactação, pois indicam prováveis direções da seleção (VAN DER WERF & SCHAEFFER, 1997). Primeiras autofunções com mesmo padrão, sem mudanças de sinal, também foram observadas por OLORI et al. (1999), no estudo de curvas de lactação.

Nesse contexto, os resultados das autofunções sugerem que a maior parte da variação genética do fluxo lácteo é explicada por genes que atuam da mesma maneira em toda a lactação. Dessa forma, assim como foi constatado nas correlações genéticas, a seleção feita para o aumento de fluxo de leite em determinada semana de controle, promove mudanças, na mesma direção, em todas as semanas de lactação. Caso essa característica possa ser incorporada em programas de melhoramento, poucas medidas tomadas no início da lactação poderiam ser adotadas, dada à dificuldade de medi-las em larga escala.

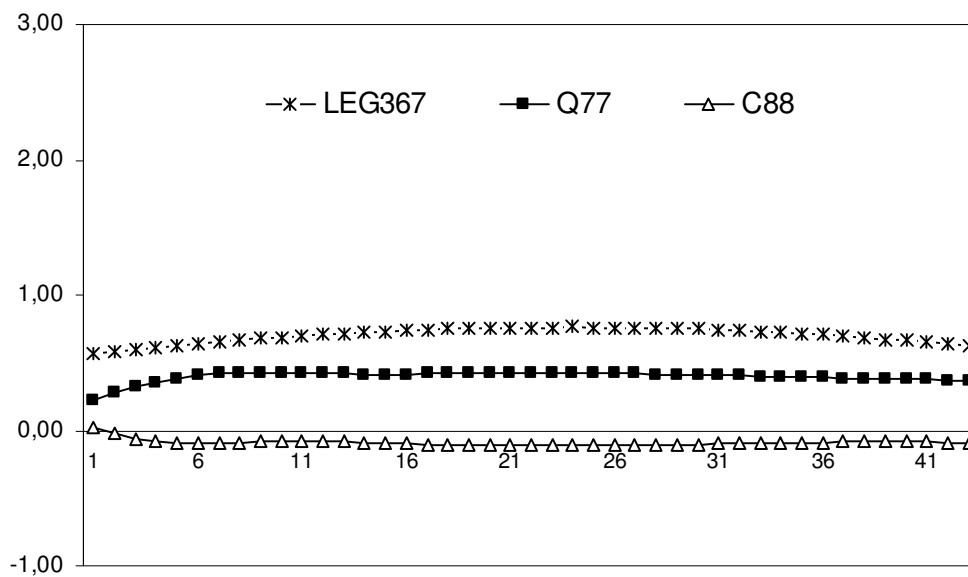


Figura 5 – Primeiras autofunções estimadas para o efeito genético aditivo, para os modelos de regressão aleatória empregando funções *b-splines* quadrática (Q77) e cúbica (C88) e polinômio ortogonal de Legendre (LEG367), considerando estruturas de variâncias residuais com 7 classes.

Além dos componentes de variâncias e dos parâmetros genéticos, a correlação de posto (*Spearman*) entre os valores genéticos dos touros obtidos entre os modelos Q77 e C88 também acusou grande similaridade entre esses modelos. O valor dessa correlação foi de 0,99, e sugere que a utilização de qualquer um desses modelos levaria a seleção dos mesmos animais. Com base nos valores genéticos preditos pelos modelos Q77 e C88, foi possível observar que selecionando 10% (16) dos melhores animais, todos seriam coincidentes. Assim, considerando que existe coincidência dos animais no processo de seleção, a escolha do modelo mais parcimonioso se torna vantajoso.

Em vista dos resultados apresentados, embora o modelo C88 (com oito coeficientes de regressão aleatória e 79 parâmetros) tenha sido considerado como o de melhor ajuste dos dados de acordo com os critérios de AIC e BIC avaliados, o modelo Q77 (com 7 coeficientes de regressão aleatória e 63 parâmetros) com o mesmo número

de segmentos, mas ajustado com uma função quadrática, proporcionou praticamente as mesmas estimativas dos componentes de variâncias, podendo ser utilizado na análise de fluxo lácteo sem perdas de precisão dessas estimativas.

Por outro lado, foi possível observar que o emprego das funções *b-splines* que foram avaliados nesse estudo, não foram tão adequadas para modelar a curva de fluxo de leite e a dispersão de sua estrutura, quanto o modelo empregando polinômio ortogonal de Legendre, ao contrário do que tem sido relatado por alguns autores (WHITE et al., 1999; MEYER, 2005).

Tanto o modelo empregando polinômio de Legendre, quanto os modelos com *b-splines*, apresentaram elevados números de parâmetros, o que pode dificultar a análise dessa característica em avaliações genéticas. Esse é um problema que vem sendo relatado em vários estudos em que polinômios de Legendre de alto grau foram empregados para descrever as trajetórias aleatórias (EL FARO et al., 2008; BIGNARDI et al., 2006). Por outro lado, os modelos de regressão aleatória que empregaram funções *b-splines*, embora tenham se mostrado mais parametrizados do que os de Legendre, pelo fato de serem compostos por segmentos de polinômios de grau baixo (quadrático ou cúbico), apresentam convergência mais rápida na estimativa dos componentes de variância, o que é favorável em análises com grande volume de dados. Os vários segmentos que compõem as curvas *splines*, também conferem a estes modelos maior flexibilidade.

Os modelos de regressão aleatória que empregam funções *b-splines* tendem a ser bastante afetados pela distribuição dos dados e, mais ainda, pela escolha dos nós e do grau das funções *b-splines* (MISZTAL, 2006). Como no presente estudo estes modelos não pareceram ser adequados para explicar a variação do fluxo lácteo, outros modelos deveriam ser testados. Como por exemplo, modelos com diferentes números de nós distanciados de maneira não eqüidistante, bem como variar o grau dessas funções *b-splines*. De acordo com WHITE et al. (1999), a fixação do número e a posição dos nós de forma correta, resultam em modelos que promovem bons ajustes, além de tornar as análises computacionalmente viáveis. MISZTAL (2006) descreveu

duas alternativas para a escolha de número e posição dos nós, em análises de regressão aleatória empregando funções *splines* lineares. A primeira é iniciar a análise com um grande número de nós espaçados equidistantemente, e então eliminar nós altamente correlacionados. A outra possibilidade seria começar a análise com poucos nós, estimar as variâncias e, em seguida, adicionar outros nós, de maneira que no final as correlações entre os nós adjacentes estejam no intervalo de 0,6 a 0,8.

CONCLUSÃO

O modelo de regressão aleatória empregando uma *b-splines* cúbica com o número de coeficientes de regressão aleatória igual oito, e cinco segmentos, tanto para o efeito aleatório genético aditivo como de ambiente permanente foi o mais adequado para o ajuste dos dados, de acordo com os critérios de comparação utilizados. Entretanto, como poucas mudanças foram constatadas nos parâmetros genéticos estimados, o modelo empregando uma *b-splines* quadrática com sete coeficientes de regressão e mesmo número de segmentos, poderia ser utilizado sem perda de precisão das estimativas, proporcionando ainda redução do grau da função de cada segmento e do número de parâmetros.

Regressões aleatórias empregando funções *b-splines* foram menos adequadas para descrever a variação genética do fluxo de leite no decorrer da lactação, quando comparadas aos modelos ajustados por polinômios ortogonais de Legendre, provavelmente devido a pouca variação encontrada na curva dessa característica.

Os modelos que utilizaram a função *b-splines* foram mais parametrizados quando comparados aos modelos de regressão aleatória ajustados por polinômios ortogonais, entretanto a convergência foi mais rápida, sugerindo que a sua utilização deve trazer ganhos, principalmente para curvas onde ocorra maior variação no decorrer do tempo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BIGNARDI, A., EL FARO, L., ALBUQUERQUE, L. G., CARDOSO, V. L., MACHADO, P. F. Modelos de regressão aleatória empregando funções *b-splines* para modelar a produção de leite de vacas da raça Holandesa. In Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 45, Lavras, Minas Gerais. **Anais...** Lavras: SBZ, 2008 (CDROM).

BIGNARDI, A., EL FARO, L., CARDOSO, V. L., MACHADO, P. F., ALBUQUERQUE, L. G. Estimation of genetic parameters for first lactations test day milk yield of Holstein cattle using random regression models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006. CD-ROM.

COFFEY, M. P., SIMM, G., BROTHERSTONE, S. Energy Balance Profiles for the First Three Lactations of Dairy Cows Estimated Using Random Regression. **Journal of Dairy Science**, v.85, n.10, p.2669-2678, 2002.

EILERS, P. H. C, MARX, B. D. **Splines, knots, and penalties** (2004). 10 jan. 2008. Acessado em 10 julho. 2008. On-line. Disponível na Internet: http://www.stat.lsu.edu/faculty/bmarx/splines_knots_penalties.pdf.

EL FARO, L., CARDOSO, V. L., ALBUQUERQUE, L. G. Variance component estimates applying random regression models for test-day milk yield in Caracu heifers (*Bos taurus* Artiodactyla, Bovidae). **Genetics and Molecular Biology**, v.31, n.3, 665-673, 2008.

JAKOBSEN, J.H., MADSEN, P., JENSEN, J., PEDERSEN, J., CHRISTENSEN, L. G., SORENSE, 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.607-1616, 2002.

KARACAÖREN, B., JAFFRÉZIC, F., KADARMIDEEN, H. N. Genetic Parameters for Functional Traits in Dairy Cattle from Daily Random Regression Models. **Journal of Dairy Science**, v.89, n.2, p.791-798, 2006.

MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.473-500, 2005.

MEYER, K. WOMBAT - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood" In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006. 1 CD-ROM.

MISZTAL, I. Properties of random regression models using linear splines. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.123, n.2, p.74-80, 2006.

ØDEGARD, J., JENSEN, J., KLEMETSDAL, G., MADSEN, P., HERINGSTAD, B. **Genetic** Analysis of Somatic Cell Score in Norwegian Cattle Using Random Regression Test-Day Models. **Journal of Dairy Science**, v.86, n.12, p.4103-4114, 2003.

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**, v.61, p.53-63, 1999.

RENSING, S., RUTEN, W. Genetic evaluation for milking speed in German Holstein population using different traits in a multiple trait repeatability model In: INTERBULL MEETING. **Proceedings ...** Uppsala, Sweden, June 2-4, 2005, BULLETIN n.33, p.167-170, 2005.

RICE, J. A., WU, C. O. Nonparametric mixed effects models for unequally sampled noisy curves. **Biometrics**, v.57, n.1, p.253–259, 2001.

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**, v.82, n.12, p.2805-2810, 1999.

TORRES, R. A. A. Markov chain Monte Carlo methods for estimating the covariance structure of longitudinal data – an application to dairy cattle data. Ph. D. Thesis, Cornell University, 2001.

VAN der WERF, J.; SCHAEFFER, L. **Random Regression in Animal Breeding**. Course Notes, Ontario: University of Guelph, p.70, 1997. 1997

WHITE, I. M. S., THOMPSON, R., BROTHERSTONE, S. Genetic an environmental smoothing of lactation curves with cubic splines. **Journal of Dairy Science**, v.82, n.3, p.632-638, 1999.

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

ZWALD, N. R., WEIGEL, K. A., CHANG, Y. M., WELPER, R. D., CLAY, J. S. Genetic Evaluation of Dairy Sires for Milking Duration Using Electronically Recorded Milking Times of Their Daughters. **Journal of Dairy Science**, v.88, n.3, p.1192–1198, 2005.

5 - CONSIDERAÇÕES FINAIS

A seleção do fluxo lácteo pode ser utilizada com o intuito de contribuir para o aumento da eficiência produtiva do rebanho leiteiro. Entretanto, essa seleção deve ser feita de maneira cuidadosa, pois o aumento demasiado do fluxo de leite pode ocasionar maior incidência de mastite no rebanho, como tem sido relatado por alguns autores, o que é desfavorável no processo de produção. O fluxo lácteo também é uma característica que pode ser usada nos programas de melhoramento genético, visando à seleção para facilidade de ordenha, característica funcional, ligada ao manejo.

Para selecionar animais com níveis favoráveis de fluxo de leite é necessário que se conheçam as estimativas dos parâmetros genéticos dessa característica durante todo o período da lactação, a fim de se determinar a melhor estratégia de seleção. Além disso, são importantes os estudos que envolvem esta característica juntamente com outras como: contagem de células somáticas, incidência de mastite e escores de úbere, que de acordo com a literatura, se mostram relacionadas. Esses estudos podem auxiliar na decisão de como incorporar essa característica em índices de seleção.

As estimativas de parâmetros genéticos do fluxo lácteo podem ser obtidas com a utilização de modelos uni, bi e multi-características, modelos de repetibilidade e modelos de regressão aleatória (MRA). De acordo com os resultados apresentados, tanto o modelo de repetibilidade como o multi-características podem ser utilizados para avaliação genética dos animais para o fluxo lácteo, entretanto o modelo multi-características produziu estimativas de valores genéticos mais acuradas. Em relação aos MRA, aqueles ajustados por polinômios ortogonais de Legendre pareceram mais adequados para descrever a variação do fluxo lácteo do que os modelos empregando funções *b-splines*, pois estes últimos apresentaram maiores oscilações das estimativas, ao contrário do que se espera ao utilizar as funções *b-splines*. Além disso, os modelos ajustados por polinômios ortogonais apresentaram estimativas de parâmetros genéticos com amplitude dentro dos valores descritos na literatura. As funções *b-splines* são bastante flexíveis e devem ter maior importância para dados com muitas oscilações, onde há dificuldade de modelar as variações da curva, principalmente em pontos

extremos, padrão que não foi verificado na curva do fluxo lácteo. Dessa forma, o MRA empregando polinômios ortogonais de Legendre foi suficiente para descrever a curva dessa característica.

Os MRA apresentam como vantagem a utilização de todos os registros disponíveis na análise, podendo, dessa forma, proporcionar a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos de fluxo de leite em qualquer período da lactação, desde que haja pontos entre os períodos desejados. Por outro lado, estes modelos apresentam grande número de parâmetros o que poderia inviabilizar sua utilização em análises genéticas com grande volume de dados. No presente estudo, por exemplo, MRA indicado como o mais adequado para descrever a variação dos dados de fluxo de leite, conteve 34 parâmetros, sendo o efeito de ambiente permanente o que exigiu maior ordem para a função. Algumas alternativas que deveriam ser testadas, visando à redução do número de parâmetros da análise são: a adoção de funções de correlação paramétricas, aliadas a funções de variância para modelar o efeito de ambiente permanente, ou a adoção de funções de variâncias para modelar a estrutura de variâncias residuais, ambos em MRA ajustados por polinômios ortogonais de Legendre. Em relação aos MRA ajustados por funções *b-splines*, o estudo das posições dos nós, de acordo com a curva dessa característica, também se torna interessante.

No Brasil, não existem estudos que avaliam o fluxo lácteo. Assim, o presente trabalho pode proporcionar subsídios para estudos futuros dessa característica, não apenas na análise dos dados e na adoção dos modelos, mas também, na indicação da melhor maneira de mensurá-la, visando a sua inclusão em programas de melhoramento genético de gado de leite.