

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA- UNESP CÂMPUS  
DE JABOTICABAL**

**Seleção genômica para contagem de células somáticas e  
características relacionadas a produção de leite em  
bubalinos**

**Amanda Fernandes Sandoval**  
**Engenheira Agrônoma**

**Jaboticabal, 2021**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA- UNESP CÂMPUS  
DE JABOTICABAL**

**Seleção genômica para contagem de células somáticas e  
características relacionadas a produção de leite em  
bubalinos**

**Discente: Amanda Fernandes Sandoval**

**Orientador: Dr. Humberto Tonhati**

**Coorientadora: Dra. Sirlene Fernandes Lázaro**

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

**Jaboticabal, 2021**

S218s

Sandoval, Amanda Fernandes

Seleção genômica para contagem de células somáticas e características relacionadas a produção de leite em bubalinos / Amanda Fernandes Sandoval. -- Jaboticabal, 2021

33 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal

Orientadora: Humberto Tonhati

Coorientadora: Sirlene Fernandes Lázaro

1. Inferência Bayesiana. 2. Parâmetros Genéticos. 3. Regressão Aleatória. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: SELEÇÃO GENÔMICA PARA CONTAGEM DE CÉLULAS SOMÁTICAS E CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS A PRODUÇÃO DE LEITE EM BUBALINOS

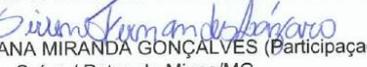
**AUTORA: AMANDA FERNANDES SANDOVAL**

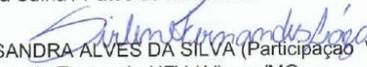
**ORIENTADOR: HUMBERTO TONHATI**

**COORIENTADORA: SIRLENE FERNANDES LÁZARO**

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:

  
Pós-doutoranda SIRLENE FERNANDES LÁZARO (Participação Virtual)  
Departamento de Zootecnia / FCAV UNESP Jaboticabal

  
Dra. FLAVIANA MIRANDA GONÇALVES (Participação Virtual)  
DB Genética Suína / Patos de Minas/MG

  
Dra. ALESSANDRA ALVES DA SILVA (Participação Virtual)  
Departamento de Zootecnia-UFV / Viçosa/MG

Jaboticabal, 23 de outubro de 2021



## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

**Amanda Fernandes Sandoval**, nascida em 12 de fevereiro de 1996, na cidade de Mogi das Cruzes SP, filha de Adriana Fernandes Sandoval e Romeu Barbosa Sandoval. Iniciou em agosto de 2014 o curso de graduação em Engenharia Agrônoma na Universidade Estadual Paulista “ Júlio de Mesquita Filho”- Unesp Campus Experimental de Registro- SP. Em agosto de 2019, ingressou no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Câmpus de Jaboticabal–SP, como bolsista Capes (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) obtendo o título de mestre em 23 de outubro de 2021, sob orientação do Prof. Dr. Humberto Tonhati (FCAV-Unesp- Brasil) e coorientação da Dra. Sirlene Fernandes Lázaro.

## **AGRADECIMENTOS**

À Deus e Nossa Senhora Aparecida, sem eles não conseguiria chegar até aqui.

Aos meus pais que sempre estiveram ao meu lado durante todos os momentos bons e ruins me apoiando para concluir essa jornada.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Humberto Tonhati, que esteve presente desde a graduação.

À minha coorientadora, Sirlene Fernandes Lázaro por colaborar para a conclusão deste trabalho

À UNESP e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal, pela oportunidade de crescimento acadêmico que me proporcionaram.

Ao Prof. Dr. Roberto Carneiro e ao Prof. Dr. Henrique Nunez, pelas valiosas sugestões e considerações na banca de qualificação.

À Dra. Alessandra Alves da Silva e à Dra. Flaviana Gonçalves Miranda, pelas sugestões na banca de dissertação.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior- Brasil (CAPES)- Código de Financiamento 88887.373898/2019-00.

A todas as amigas que conquistei em Jaboticabal, pela caminhada, que compartilhada, se tornou mais leve.

E a todos que, mesmo indiretamente, contribuíram para minha formação.

## SUMÁRIO

	Página
1.INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA.....	1
2.OBJETIVOS.....	4
3.REVISÃO DE LITERATURA.....	4
4.MATERIAL E MÉTODOS.....	6
4.1 Dados fenotípicos e genotípicos.....	6
4.2. Controle de Qualidade de Genótipos.....	8
4.3. Análise Estatística.....	8
4.4. Ganho e Tendência Genética.....	13
5.RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	13
5.1 Estimativas dos componentes de variância.....	13
5.2 Estimativas de herdabilidade.....	16
5.2 Estimativas de correlação genética.....	18
5.4 Ganho genético e tendência genética.....	21
6 CONCLUSÕES.....	24
7 REFERÊNCIAS.....	24
8 MATERIAL SUPLEMENTAR.....	32

## RESUMO

A lucratividade da atividade bubalina é altamente dependente da produção de leite, da qualidade microbiológica e de seu potencial para produzir derivados. Portanto este estudo teve como objetivo estimar componentes de variância para produção de leite (PL), produção de *mozzarella* (PM) e score de células somáticas (SCS) incorporando a informação genômica de búfalos Murrah usando modelos de regressão aleatória; e estimar o ganho e a tendência genética para as características estudadas. Foram utilizados registros de controles leiteiros de 4.588 búfalas de primeira lactação da raça Murrah, oriundos do banco de dados de bubalinos leiteiros mantido pelo Departamento de Zootecnia, FCAV/UNESP, Campus de Jaboticabal-SP. Além disso, 978 animais genotipados usando o 90K Axiom Buffalo Genotyping (Thermo Fisher Scientific, Santa Clara, CA) foram utilizados. As estimativas médias diárias de herdabilidade foram  $0,25 \pm 0,02$  para PL,  $0,31 \pm 0,03$  para a PM e  $0,16 \pm 0,03$  para SCS. As estimativas de correlação genética entre SCS e PL variaram de 0,03 (DIM 186-215) à 0,41 (DIM 66-95), a correlação genética entre SCS e PM variou entre -0,07 (DIM 156-185) à 0,35 (DIM 66-95). As estimativas de ganho genético obtidos para PL, PM e SCS foram 3,90 kg/ano, 0,60 kg/ano e 10,60 score/ano, respectivamente. As tendências genéticas para PL, SCS e PM, foram iguais a 9,71 kg/ano 1,56 score/ano e 0,68/ano respectivamente. Tais dados contribuem para um melhor entendimento sobre a genética das características estudadas e reforçam a importância de uma boa coleta de dados nas fazendas para incrementar as informações contidas nos bancos de dados como o utilizado no presente trabalho.

**Palavras-chave:** Inferência Bayesiana, Parâmetros genéticos, Regressão Aleatória

## ABSTRACT

The profitability of buffalo activity is highly dependent on milk production, microbiological quality and its potential to produce derivatives. Therefore, this study aimed to estimate variance components for milk yield (PL), mozzarella yield (PM) and somatic cell score (SCS) incorporating genomic information from Murrah buffaloes using random regression models; and to estimate the gain and the genetic tendency for the studied traits. Records of dairy controls of 4,588 first-lactation Murrah buffaloes were used, from the dairy buffalo database maintained by the Department of Animal Science, FCAV/UNESP, Campus de Jaboticabal-SP. In addition, 978 animals genotyped using the 90K Axiom Buffalo Genotyping (Thermo Fisher Scientific, Santa Clara, CA) were used. The average daily heritability estimates were  $0.25 \pm 0.02$  for PL,  $0.31 \pm 0.03$  for PM and  $0.16 \pm 0.03$  for SCS. The genetic correlation estimates between SCS and PL ranged from 0.03 (DIM 186-215) to 0.41 (DIM 66-95), the genetic correlation between SCS and PM ranged from -0.07 (DIM 156-185) to 0.35 (DIM 66-95). The genetic gain estimates obtained for PL, PM and SCS were 3.90 kg/year, 0.60 kg/year and 10.60 score/year, respectively. The genetic trends for PL, SCS and PM were equal to 9.71 kg/year 1.56 score/year and 0.68/year respectively. Such data contribute to a better understanding of the genetics of the studied traits and reinforce the importance of good data collection on farms to increase the information contained in databases such as the one used in the present work.

**Keywords:** Bayesian Inference, Genetic parameters, Random Regression

## 1 INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA

A bubalinocultura, caracterizada como uma atividade de importância econômica por fornecer carne, leite e/ou força de tração para trabalhos no campo (Warriach et al., 2015), tem apresentado expressivo crescimento nos últimos anos. Atualmente, o rebanho mundial de búfalos é estimado em aproximadamente 204 milhões de cabeças (FAOSTAT, 2019). O grande atrativo da bubalinocultura leiteira, está principalmente na sua constituição, uma vez que seu leite possui elevados teores de sólidos totais (proteína, gordura, lactose, vitaminas e minerais) e aminoácidos, os quais são superiores aos valores observados no leite bovino, lhe conferindo elevado valor agregado (Verruma, 1994; Tonhati et al., 2000; Duarte, 2001).

Nos últimos tempos, percebe-se um aumento nos laticínios para o leite bubalino e essa alta demanda tem sido destinada a produção da *mozzarella*, produto que possui mercado seguro e preços compensatórios (Campos et al., 2008). Neste contexto, tem-se observado uma intensificação na bubalinocultura, principalmente pela tendência mundial em pagar pelo leite em função da quantidade e qualidade de seus constituintes (Madalena, 1999). Sendo assim, quando o assunto é qualidade é relevante citar as células somáticas do leite, que são importantes indicadoras de sua qualidade e podem ser associadas a ocorrência de enfermidades como a mastite, que provoca inflamação nas glândulas mamárias capaz de causar grandes perdas produtivas e econômicas em rebanhos leiteiros, afetando a composição e qualidade do leite (Andrade et al., 2010; Cinar et al., 2015). Embora avaliações genéticas para score de células somáticas em bovinos de leite sejam bem mais consolidadas, estes mostram-se ainda escassos para búfalas (Amaral et al., 2005; Medeiros et al., 2011).

Os valores médios para o score de células somáticas no leite de búfalas podem variar de acordo com diversos fatores como a idade animal, a fase de lactação, a estação do ano, clima, dentre outros (Céron-Muñoz et al., 2002; Rangel et al., 2011; Salari et al., 2013; Moura et al., 2017). Para bovinos, o leite pode ser considerado saudável com score de células somáticas abaixo de 100 mil céls/ml e geralmente, são diagnosticadas com mastite valores de score de células somáticas superiores a 200 mil céls/ml (Smith, 2002), este valor também havia sido constatado no leite de búfalas com mastite no estudo de Dhakal (2006). Além disso, Sollecito et al., (2011)

reportaram infecção intramamárias com valores de 200 mil céls/ml, mas sem alteração visual no leite de búfalas. Já Medeiros et al. (2011), destacam valores de score de células somáticas um pouco superior (280 mil céls/mL) para um indicativo de infecção da glândula mamária em búfalas. Em conexão alguns estudos têm sido reportados em búfalos para score de células somáticas, Lázaro et al. (2021) utilizaram modelos de regressão aleatórias e encontraram herdabilidade média de 0,16. Aspicleta-Borquis et al. (2015) utilizando o mesmo modelo obtiveram herdabilidade de 0,18 trabalhando também com conformações genômicas.

Os métodos mais frequentemente usados para avaliar geneticamente as características relacionadas a produção de leite são baseados em registros no dia do controle ou *test-day* via modelos de regressão aleatória (Schaeffer et al., 2000; Oliveira et al., 2016, 2019a). Os modelos de regressão aleatórias têm sido aplicados em várias espécies leiteiras, incluindo caprinos (Menezes et al., 2011; Silva et al., 2013; Brito et al., 2017), bovinos (Freitas et al., 2020a), ovinos (Komprej et al., 2013) e bubalinos (Tonhati et al., 2008; Aspilcueta-Borquis et al., 2013; Hurtado-lugo et al., 2013; Lázaro et al., 2021).

A implementação de um modelo de regressão aleatório multicaracterísticas em produtos lácteos é atraente pois permite o estudo das relações genéticas entre o volume de leite e seus constituintes ao longo da lactação. Em vista da possibilidade da utilização e da importância dos constituintes do leite para a produção bubalina, são necessários estudos que investiguem a associação entre a produção de leite no dia do controle e seus constituintes, assim como a *mozzarella* ao longo da lactação (Aspilcueta-Borquis et al., 2010).

A principal vantagem do modelo de regressão aleatório é a possibilidade de trabalhar com polinômios ortogonais de Legendre, além de permitir o ajuste dos efeitos ambientais e dos registros no dia do controle simultaneamente, modelando as curvas de lactação, fazendo com que avaliações genéticas sejam mais precisas quando comparadas a produção acumulada aos 305 dias (Schaeffer et al., 2000; Cobuci et al., 2011; Padilha et al., 2016; Costa et al., 2020). Contudo, as avaliações genéticas das características de leite em bubalinos leiteiros tem sido baseadas na produção de leite acumulada aos 305 dias (Camargo et al., 2015; Barros et al., 2018; Guzman et al., 2020).

Além disso, as abordagens de avaliação genômica têm se tornado comuns no melhoramento animal, dado seu potencial para reduzir o intervalo de geração e proporcionar melhores acurácias dos valores genéticos (VanRaden, 2008). Atualmente, um dos métodos mais empregados na genômica é o *single-step* GBLUP, esta abordagem integra a matriz de relacionamento tradicional baseada no pedigree **A** e a matriz de relacionamento genômico **G** em uma única matriz **H**, que substitui a matriz **A** nas equações de modelos mistos (Legarra et al., 2009; Misztal et al., 2009) simultaneamente, para obter diretamente os valores genéticos genômicos (Misztal et al., 2009; Aguilar et al., 2010). O desempenho do *single-step* GBLUP foi avaliado em várias espécies, incluindo gado leiteiro (Kang et al., 2018; Guarini et al., 2019; Oliveira et al., 2019), aves (Chu et al., 2019), suínos (Song et al., 2019), gado de corte (Mehrban et al., 2019; Aguilar et al., 2019) e pequenos ruminantes (Gipson, 2019; Teissier et al., 2019) e mais recentemente em búfalos (Araújo Neto et al., 2020; Lázaro et al. 2021).

A correlação genética entre duas variáveis indica o grau de associação entre as mesmas, ou seja, a direção e a grandeza da relação existente entre as características de importância econômica para o melhoramento animal em estudo. As correlações genéticas são estimadas com o objetivo de direcionar o processo de seleção sobre as variáveis em questão (Falconer, 1987), podendo ser favoráveis ou desfavoráveis de acordo com o que se espera das características analisadas em conjunto. Quando for positiva, a seleção para o aumento de uma delas leva ao aumento na outra e quando é negativa, a seleção para o aumento em uma delas leva a uma diminuição na outra (Cardellino e Rovira, 1983).

Adicionalmente, trabalhos na literatura relatam uma correlação genética entre produção de leite e contagem de células somáticas próximas de 0,15 na primeira lactação (Stefani et al., 2018). No Brasil, Irano et al., (2014) estimou uma correlação de 0,12 entre produção de leite na primeira lactação e ocorrência de mastite. Esses valores indicam que a produção de leite tem influência sobre a contagem e células somáticas do leite. Short & Lawlor (1992) afirmam que uma seleção genética simples apenas para a característica produção de leite resulta em um ótimo progresso na produção de leite, no entanto pode causar uma deterioração em outra característica correlacionada como por exemplo score de células somáticas. Campos et al., (2008)

estimaram correlação genética entre produção de leite e produção de *mozzarella* e obtiveram uma alta correlação de 0,96 correlacionando produção de *mozzarella* com produção de leite acumulada aos 305 dias, e 0,86 correlacionando produção de *mozzarella* com produção de leite acumulada aos 270 dias. As correlações genéticas indicaram que estas características são determinadas, em grande parte, pelos mesmos conjuntos de genes de ação aditiva, o que parece ser biologicamente coerente, pois animais que possuem um maior rendimento leiteiro certamente terão maior rendimento na produção de “mozzarella”.

## 2 OBJETIVOS

Estimar os parâmetros genéticos das características produção de leite, contagem de células somáticas e produção de *mozzarella*, mensuradas ao longo da curva de lactação em búfalos leiteiros da raça Murrah, por meio de Modelos de Regressão Aleatória e *single-step* GBLUP, além de estimar o ganho genético e a tendência genética para as características mensuradas.

## 3 REVISÃO DE LITERATURA

Os búfalos (*Bubalus bubalis*) são animais domésticos da família dos bovídeos, e atualmente existem quatro raças reconhecidas pela Associação Brasileira de Criadores de Búfalos (ABCB, 2020), Mediterrâneo, Murrah, Jafarabadi e Carabao.

Na Itália, país onde originalmente a *mozzarella* de búfala surgiu, houve uma intensificação da seleção genética desses animais voltados para produção de leite. No Brasil, a produção de leite de búfalo ganhou destaque nas últimas décadas devido à composição de seu leite ( água, gordura, proteína, vitaminas, sais minerais, etc ), uma vez que é possível obter maiores rendimentos dos derivados lácteos, e assim, a seleção por meio da genética quantitativa vem sendo realizada (Barros et al., 2018), com uma produção no país em torno de 1.500 a 4.500 litros de leite por lactação

(Marques et al., 2020). Os criadores têm optado pela atividade leiteira nessa espécie, destinando a produção de derivados lácteos, como o queijo tipo *mozzarella*, devido ao alto valor agregado e, conseqüentemente, maior rentabilidade econômica (Tonhati et al., 2008).

Nos últimos anos, com a expansão da bubalinocultura no Brasil, o interesse pelo status sanitário dessa espécie vem aumentando, devido a sua maior inserção na cadeia do agronegócio. Neste sentido, o conhecimento sobre a ocorrência de doenças infecciosas e seus impactos econômicos se faz necessário (Fernandes et al., 2016). Uma doença de grande entrave para a criação de bubalinos leiteiros é a mastite também conhecida como mamite, que é caracterizada como uma inflamação da glândula mamária, reação às alterações metabólicas e fisiológicas, traumas, ou invasão de agentes patogênicos (Oviedo-Boyso et al., 2007). Um dos principais métodos para a detecção da mastite é o score de células somáticas contidas no leite. O aumento no score de células somáticas (SCS) ocorre no processo inflamatório, após a invasão e infecção do tecido da glândula mamária (Oviedo-Boyso et al., 2007). De acordo com Cerón-Muñoz et al. (2002), a elevada SCS está associada com efeito negativo sobre a produção e qualidade do leite de búfalas.

Existem diversos modelos para executar análises longitudinais tais como PL, PM e SCS. Um dos principais são modelos de regressão aleatória que têm como objetivo modelar os desvios em torno das trajetórias fenotípicas. Os Polinômios ortogonais de Legendre de terceira e quarta ordem, têm sido freqüentemente usados para modelar a estrutura de covariância entre os controles leiteiros nos modelos de RRM (Bohmanova et al., 2008; El Faro et al., 2008; Bignardi et al., 2009). A principal vantagem do uso de polinômios ortogonais de Legendre é a não necessidade de qualquer pressuposição sobre a forma da curva ou trajetória da característica com o tempo (Jamrozik e Schaeffer, 1997) e (Schaeffer, 2004) relatam que os polinômios ortogonais são os mais apropriados para serem usados, como covariáveis, pelos modelos de regressão aleatória. De acordo com Meyer (2005), as mudanças na variância ao longo de uma escala contínua são geralmente bem modeladas por polinômios de Legendre de alta ordem, no entanto esses polinômios podem fornecer estimativas de parâmetros implausíveis para o início e o fim da trajetória superestimando as observações nos extremos.

Em alguns trabalhos realizados no Brasil, foram obtidas estimativas de herdabilidade para produção de leite variando de 0,17 a 0,34 (Tonhati et al., 2008, Aspilcueta-Borquis et al., 2010 e Barros et al., 2016), para a produção de *mozzarella*, Campos et al., (2008), encontraram herdabilidade de 0,17 em análises bi-características em estudos com búfalas murrah. Santos et al., (2019) encontraram herdabilidade para tal característica de 0,30 ao trabalhar com búfalas em análises uni-características. Já para o score de células somáticas Lázaro et al., (2021), encontraram herdabilidades de 0,17 para a primeira lactação e 0,16 para a segunda lactação trabalhando com búfalas da raça murrah. Andrade et al., (2007) ao trabalharem com vacas holandesas obtiveram herdabilidades de 0,13 em análises univariadas.

Estimativas de tendência genética e ganho genético nos últimos tempos vem ganhando espaço com rebanhos bubalinos. Ramos et al., (2006), Malhado et al., (2007) e Seno et al. (2010) demonstraram uma tendência genética para PL positiva (0,85 a 3,30 kg de leite por ano) em rebanhos bubalinos. Lima et al., (2013) obtiveram correlações genética de Pearson e Spearman entre PL e PM de 0,96 ( $p < 0,001$ ) e 0,95 ( $p < 0,001$ ) respectivamente, semelhantes as encontradas por Campos et al., (2008) que ao correlacionar PL e PM obteve 0,86.

## **4 MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1 Dados fenotípicos e genotípicos**

Para o presente estudo foram utilizados registros de controle leiteiro (TD) de 4.588 búfalas de primeira lactação da raça Murrah, provenientes de seis rebanhos brasileiros localizados nos Estados do Ceará, Rio Grande do Norte e São Paulo. Além disso, 978 animais genotipados pelo 90K (123.040 SNPs) Axiom® Buffalo Genotyping (Affymetrix, Santa Clara, CA) também foram incluídos. Estes dados são provenientes da base de dados mantida pelo Departamento de Zootecnia da FCAV/UNESP, Campus de Jaboticabal-SP. As características analisadas foram: produção de leite (PL), produção de *mozzarella*(PM) e score de células somáticas (SCS) no leite de

búfalas provenientes da primeira lactação. A contagem de células somáticas (CCS) foi log transformada em score de células somáticas (SCS) como:  $SCS = \log_2 (CCS/100) + 3$ , segundo Shook (1982). A PM foi calculada de acordo com Altiero et al. (1989) como:

$$PM \text{ (kg)} = (PL) * \{[3,5 * (PP\%) + 1,23 * (PG\%) - 0,88] \div 100\},$$

onde PP% é a porcentagem de proteína e PG% a porcentagem de gordura.

O controle de qualidade fenotípico consistiu na remoção de registros de animais sem data de nascimento ou parto e lactações com menos de três registros de TD. Apenas registros TD dentro do intervalo de 5 e 305 dias de lactação (DIM) foram considerados. Adicionalmente, foram mantidas apenas as lactações com no mínimo 90 dias de duração. Após a edição dos dados a idade média dos animais ao primeiro parto para todas as características variou de 22 meses a 100 meses com uma média de 46 meses. Para a formação dos grupos de contemporâneos (GCs) foram consideradas duas estações do ano para ambas as características: estação seca (abril - setembro) e estação chuvosa (outubro - março). As limitações impostas nos GCs removeram observações maiores ou menores que três desvios-padrão em relação à média do grupo e foram mantidos GCs com no mínimo 4 animais em cada.

Tabela1. Estatística descritiva para produção de leite no dia do controle (PL), produção de *mozzarella* (PM) e score de células somáticas (SCS).

<b>Parâmetros/ Características</b>	<b>PL (kg/dia)</b>	<b>PM (kg/dia)</b>	<b>SCS (score/dia)</b>
Média/ SD	7,64 (3,08)	1,75 (0,67)	4,07 (4,25)
Mínimo	0,50	0,15	-3,64
Máximo	21,20	5,23	18,99
GC (n)	186	16	23
Média Búfalas (GC)/ SD	21 (17,75)	32 (22,66)	25 (22,15)
Número de Búfalas	3.965	513	568
Controle diários (n)	75.459	3.004	3.245

SD = Desvio Padrão, GC = Grupos contemporâneos, n= Número de informações

## 4.2 Controle de Qualidade de Genótipos

O controle de qualidade dos genótipos foi realizado através do software Plink v.1.9 (Chang et al., 2015). Os seguintes critérios foram considerados no controle de qualidade: *call rate* mínima de 0,95; p-valor para Hardy-Weinberg Equilibrium  $< 10^{-6}$  e a eliminação de SNP e amostras duplicados; e uma frequência alélica mínima (MAF) maior que 0,03. Somente amostras com *call rate* maior que 0,90 foram mantidas. Após o controle de qualidade, um total de 45.690 marcadores autossômicos e 960 animais (212 machos e 748 fêmeas) foram disponíveis para as análises.

## 4.3 Análise Estatística

Para melhor definir o modelo a ser utilizado, testes preliminares foram realizados, considerando-se 8 modelos unicaracterísticos. Os modelos testes foram comparados quanto ao seu ajuste por meio do Critério de Informação da Deviance (DIC); consistência dos resultados ou seja, sua coerência. A curva de lactação variou de 5 a 305 DIM, realizou-se a remoção de informações de animais até os 70 dias de lactação e em outro teste realizou-se a remoção até os 100 dias de lactação ou seja, foi realizado a remoção dos animais cuja primeira observação fosse antes do DIM 70 ou DIM 100. Além disso, foi considerado GC (Grupo de Contemporâneo) ou HTD (Rebanho e idade ao parto) como efeito fixo ou aleatório. Em notação matricial os modelos de RRM avaliados para cada característica pode ser descrito como segue:

$$y = X\beta + Qh + Za + Mpe + e \quad (1)$$

$$y = X\beta + Za + Mpe + e \quad (2)$$

em que  $y$  refere-se ao vetor de controle no dia do teste (TD) da característica observada,  $\beta$  é o vetor dos efeitos sistemáticos (número de ordenha (1) e CG (fixo ou aleatório) ou HTD (2));  $h$ ,  $a$ , e  $pe$  são os vetores dos coeficientes de regressão

aleatória para os efeitos de CG ou HTD (2), genética aditiva animal e ambiente permanente, respectivamente, **e** é o vetor dos efeitos aleatórios residuais; **X**, **Q**, **Z** e **M** são matrizes de incidência relacionadas  **$\beta$** , **h**, **a** e **pe** respectivamente.

Optou-se por utilizar DIM 70, tendo em vista que iria se perder apenas até os 70 dias de lactação em contrapartida ao utilizar o DIM 100 perderia-se um maior número de informações.

Levando-se em consideração o HTD observa-se atualmente em diversos trabalhos que não o utilizam, tendo em vista a remoção do viés de seleção dos animais (Schaeffer et al., 2000). Concomitante a essas informações reportadas na literatura e aos resultados das análises prévias, o modelo com o GC aleatório foi o preferido, além de manter o maior número de animais.

O modelo DIM 70, grupo de contemporâneo como efeito aleatório, utilizando polinômios ortogonais de Legendre de terceira ordem, apresentou melhores resultados (Tabelas Suplementares S1 e S2) e portanto foi o recomendado para as análises subsequentes.

Os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para as características em estudo foram estimados por meio de dois modelos de regressão aleatória uni e bicaracterística (RRM) via inferência Bayesiana. Os modelos de RRM foram ajustados utilizando polinômios de Legendre. Os GCs foram considerados como efeitos aleatório assim como o animal, já o número de ordenhas (uma e/ou duas) foi considerado como efeito sistemático/fixo e, a idade da búfala ao parto (linear e quadrático) como covariável. Em notação matricial o modelo pode ser descrito como segue:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Qh} + \mathbf{Za} + \mathbf{Mpe} + \mathbf{e}$$

em que **y** refere-se ao vetor de controle no dia do teste (TD) da característica observada,  **$\beta$**  é o vetor dos efeitos sistemáticos/fixo; **h**, **a**, e **pe** são os vetores dos coeficientes de regressão aleatória para os efeitos de GC, genética aditiva animal e ambiente permanente, respectivamente, **e** é o vetor dos efeitos aleatórios residuais; **X**, **Q**, **Z** e **M** são matrizes de incidência relacionadas  **$\beta$** , **h**, **a** e **pe** respectivamente. As pressuposições do modelo são:

$$E[\mathbf{y}] = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}, \text{ e } Var \begin{bmatrix} h \\ \alpha \\ \rho e \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{H} \otimes \mathbf{Q}_0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{H} \otimes \mathbf{Z}_0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{I} \otimes \mathbf{M}_0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \mathbf{R} \otimes \mathbf{R}_0 \end{bmatrix}$$

onde  $\mathbf{y}$ ,  $\mathbf{X}$  e  $\boldsymbol{\beta}$  já foram definidos acima;  $\mathbf{Q}_0$ ,  $\mathbf{Z}_0$ , e  $\mathbf{M}_0$  são as matrizes de (co)variâncias entre as características (PL, SCS e PM) em função dos efeitos de GC, genético aditivo, e ambiente permanente, respectivamente; e  $\mathbf{R}_0$  é a matriz de efeitos de variância residual entre as características.  $\mathbf{I}$  é uma matriz identidade,  $\mathbf{H}$  é a matriz de parentesco híbrida (Aguilar et al., 2010), e  $\mathbf{R}$  é a matriz diagonal de variância residual classificado por TD e características (variância residual homogênea), como descrito acima.

Distribuições *a priori* uniformes foram assumidas para os efeitos sistemáticos, e distribuições Gaussianas foram assumidas para os efeitos de GCs juntamente com os efeitos dos coeficientes genéticos aditivos e de ambiente permanente, e uma distribuição Wishart inversa foi assumida para os componentes de variância:

$$\begin{aligned} \boldsymbol{\beta} &\propto \text{constant}, \\ h | \mathbf{Q} &\sim N[0, (\mathbf{I} \otimes \mathbf{Q})], \\ \boldsymbol{\alpha} | \mathbf{k}_\alpha &\sim N[0, (\mathbf{k}_\alpha \otimes \mathbf{H})], \\ \rho e | \mathbf{k}_{\rho e} &\sim N[0, (\mathbf{k}_{\rho e} \otimes \mathbf{I})], \\ \mathbf{k}_\alpha | \mathbf{S}_\alpha, \mathbf{V}_\alpha &\sim IW[\mathbf{S}_\alpha, \mathbf{V}_\alpha, \nu_\alpha], \\ \mathbf{k}_\rho | \mathbf{S}_\rho, \mathbf{V}_\rho &\sim IW[\mathbf{S}_{\rho e}, \mathbf{V}_{\rho e}, \nu_{\rho e}] \end{aligned}$$

onde  $\mathbf{k}_\alpha$  e  $\mathbf{k}_\rho$  são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genéticos aditivos e de ambiente permanente do animal, respectivamente;  $\mathbf{Q}$  é a matriz de (co)variância entre as características em função do GC;  $\mathbf{I}$  é uma matriz identidade, cuja ordem é igual ao número de animais com registros;

$S_\alpha$  e  $v_\alpha$  e  $S_{pe}$  e  $v_{pe}$  são os valores *a priori* e os graus de liberdade para os efeitos genéticos aditivos e de ambiente permanente, respectivamente. Para ambos os modelos, uni e bicaracterísticos, as análises foram amostradas a partir de distribuições Qui-quadrada invertida e Wishart inversa:

$$\sigma_e^2 | S, v \sim X^{-2}(S, v), \quad \text{Análise unicaracterística};$$

$$R | S, v \sim IW[S_v, v], \quad \text{Análise Multicaracterística}$$

onde  $v$  e  $S$  são os valores *a priori* e os graus de liberdade para a variância residual na análise unicaracterística ou a matriz de (co)variância na análise multicaracterística.

Na abordagem ssGBLUP a matriz de parentesco  $\mathbf{A}^{-1}$  é substituída pela matriz de parentesco híbrida  $\mathbf{H}^{-1}$  (Aguilar et al., 2010), em que a matriz de parentesco  $\mathbf{H}$  foi construída incluindo informações genômicas e de pedigree (Aguilar et al., 2010), como segue:

$$\mathbf{H}^{-1} = \mathbf{A}^{-1} + \begin{bmatrix} \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{G}^{-1} - \mathbf{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

onde  $\mathbf{A}$  é a matriz de parentesco genético aditivo;  $\mathbf{A}_{22}$  é a seção de  $\mathbf{A}$  relacionada aos animais genotipados;  $\mathbf{G}$  é a matriz de parentesco genômico, como descrito por VanRaden (2008), como abaixo:

$$\mathbf{G} = \frac{\mathbf{Z}\mathbf{Z}'}{2 \sum_{j=1}^m \mathbf{P}_j (\mathbf{1} - \mathbf{p}_j)}$$

sendo que,

$$\mathbf{Z} = (\mathbf{M} - \mathbf{P}) / [2 \sum_{j=1}^n \mathbf{p}_j (\mathbf{1} - \mathbf{p}_j)]^{1/2}$$

onde  $\mathbf{M}$  é a matriz de SNP contendo os  $n$  genótipos de cada animal;  $\mathbf{P}$  é a matriz de frequência do segundo alelo  $\mathbf{p}$  no locus  $\mathbf{j}$ .

Os componentes de variância foram estimados via inferência Bayesiana

pelos métodos de Monte Carlo por meio de cadeias de Markov, usando o software gibbs2F90 (Misztal et al. 2015), considerando um total de 1.200.000 iterações, após um *burn-in* de 500.000 iterações. As amostras foram geradas a cada 100 iterações. A convergência das cadeias MCMC foi verificada por inspeção gráfica e com base nos critérios de Heidelberger e Welch (1983) e Geweke (1992) utilizando o pacote “boa” do software R (Smith, 2007).

As estimativas dos parâmetros genéticos ao longo dos DIMs foram obtidas com base nos componentes de variância estimados para os coeficientes de regressão em cada ciclo. As matrizes de covariâncias para o efeito genético aditivo ( $\mathbf{G}_1$ ) e de ambiente permanente ( $\mathbf{P}_1$ ) entre e dentro de característica serão estimados como:

$$\mathbf{G}_1 = \mathbf{K}_1 \mathbf{G} \mathbf{K}_1'$$
 e

$$\mathbf{P}_1 = \mathbf{K}_2 \mathbf{P} \mathbf{K}_2',$$

onde:  $\mathbf{G}$  refere-se a matriz de covariância dos efeitos genéticos aditivos para os coeficientes da regressão;  $\mathbf{P}$  a matriz de covariância do efeito de ambiente permanente para os coeficientes de regressão,  $\mathbf{K}_1$  e  $\mathbf{K}_2$  uma matriz de polinômios ortogonais de Legendre de terceira e quarta ordem respectivamente (López-Romero e Carabaño, 2003)

O vetor dos valores genéticos genômicos preditos ( $\mathbf{GEBV}_i$ ) para cada característica de cada animal  $i$  no TD  $j$  foi obtido como:

$$\mathbf{GEBV}_{ij} = \mathbf{K}_1 \mathbf{a}_i,$$

onde  $\mathbf{a}_i$  refere-se ao vetor dos valores genéticos preditos para os coeficientes de regressão de cada animal  $i$ , e  $\mathbf{K}_1$  uma matriz de polinômios ortogonais de Legendre de terceira ordem.

#### 4.4 Ganho e Tendência Genética

Os ganhos genéticos esperados foram calculados para todas as características estudadas, considerando-se a mesma intensidade de seleção (igual a unidade). A fórmula usada pode ser representada como segue:

$$\Delta G = i \cdot \sigma_y \cdot h^2,$$

em que:  $\Delta G$  = ganho genético mediante seleção direta para a característica em estudo;  $\sigma_y$  = desvio-padrão fenotípico da característica a ser selecionada;  $i$  = intensidade de seleção.

Para o estudo da tendência genética das características avaliadas, foram utilizados as médias aritméticas dos valores genéticos de cada grupo de animais, dentro de seu respectivo ano de nascimento, ponderadas pelo número de observações, utilizando-se a seguinte equação:

$$Y_i = b_0 + b_1 x_i + e_i$$

em que  $Y_i$  = valor genético das características avaliadas do  $i^{\text{ésimo}}$  ano de nascimento;  $b_0$  = intercepto;  $b_1$  = coeficiente angular da reta;  $x_i$  =  $i^{\text{ésimo}}$  ano de nascimento;  $e_i$  = erro aleatório.

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1 Estimativas dos componentes de variância

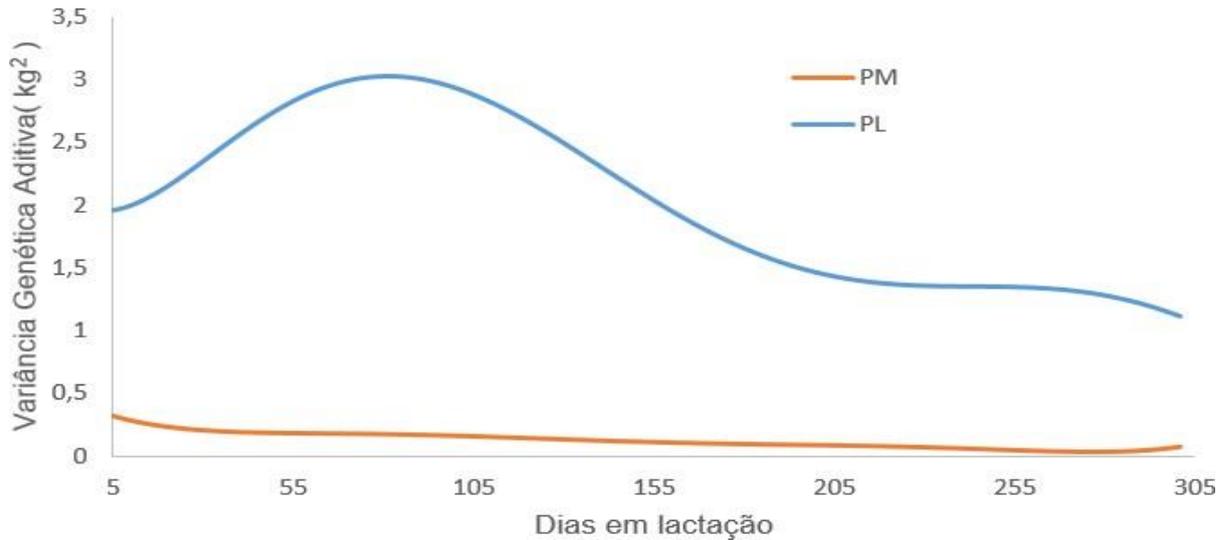


Figura 1. Variância genética aditiva estimada para produção de leite no dia do controle (PL) e produção de *mozzarella* (PM), obtidos por modelos de regressão aleatória unicaracterística.

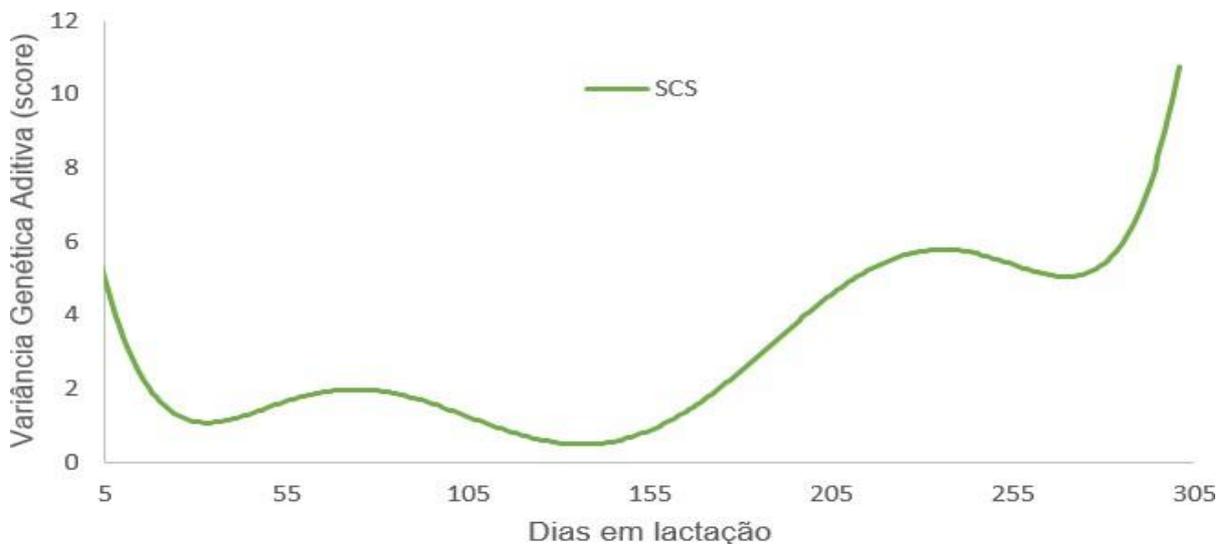


Figura 2. Variância genética aditiva estimada para score de células somáticas (SCS), obtido por modelos de regressão aleatória uni-característica.

Para as estimativas de variância genética aditiva obtidas para PL foi observado uma curva sem uniformidade, mostrou-se um ligeiro aumento até 100 DIM de aproximadamente 3,00 kg<sup>2</sup> e logo após notamos um suave decréscimo (1,50 kg<sup>2</sup>) na curva de lactação até o 305 DIM. Resultados semelhantes foram encontrados por Lázaro et al., (2021) na primeira lactação com aumento da curva no início da curva de lactação até 95 DIM de aproximadamente 2,0 kg<sup>2</sup>. Já para PM, a variância genética aditiva mostrou-se praticamente constante no decorrer da curva de lactação, uma vez

que no início da curva de lactação (5 DIM) apresentou próximos a  $0,5 \text{ kg}^2$ . Em contrapartida, a variância genética para SCS variou significativamente ao longo da curva, e mostrou-se elevada no início da curva de lactação (5 DIM) com aproximadamente  $5,50 \text{ score}^2$ , e em seguida decresceu drasticamente ao longo dos dias (155 DIM), contudo no final da curva de lactação (305 DIM) apresentou um acentuado aumento ( $11,50 \text{ score}^2$ ). Resultados semelhantes foram encontrados por Lázaro et al., (2021), que reportaram no início da lactação (5 DIM) valor de aproximadamente  $5,00 \text{ score}^2$  e no final dos 305 dias valor superior a  $8,00 \text{ score}^2$ , também na primeira lactação.

As variâncias de ambiente permanente para todas as características (Figura 3 e 4) mostraram tendências semelhantes às variâncias genéticas aditivas. Para PL, no início da curva de lactação (5 DIM), observou-se ligeiro aumento ( $3,00 \text{ kg}^2$ ), e no decorrer dos DIMs a curva permaneceu uniforme em torno de  $2,00 \text{ kg}^2$ , aumentando novamente no final da curva de lactação (305 DIM) alcançando valores de aproximadamente  $4,00 \text{ kg}^2$ .

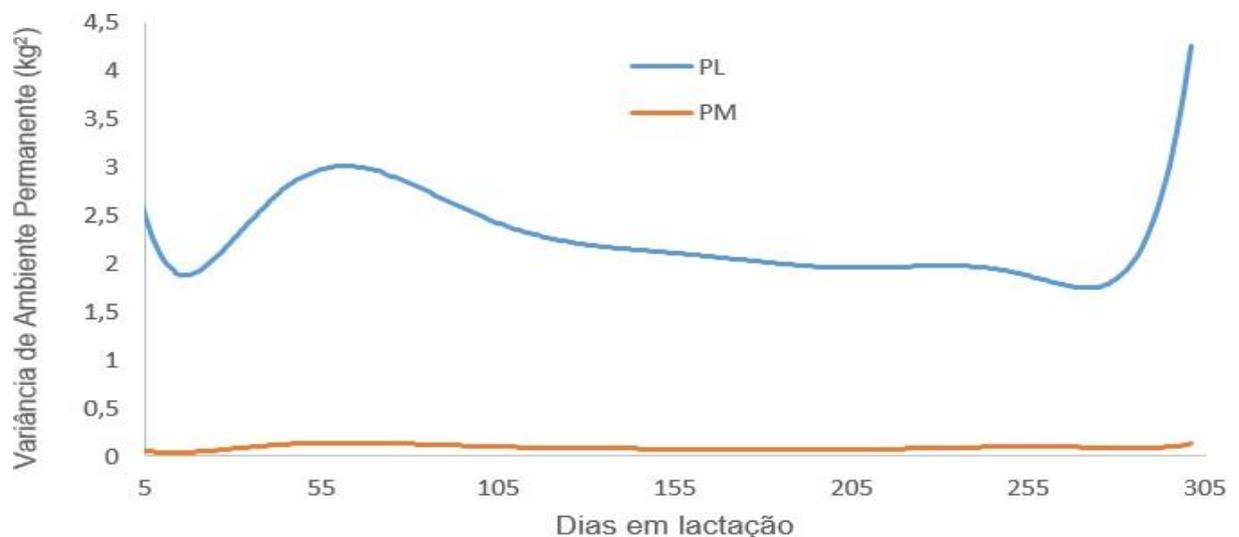


Figura 3. Variância de ambiente permanente estimada para produção de leite no dia do controle (PL) e produção de *mozzarella* (PM), obtidos por modelo de regressão aleatório uni-característico.

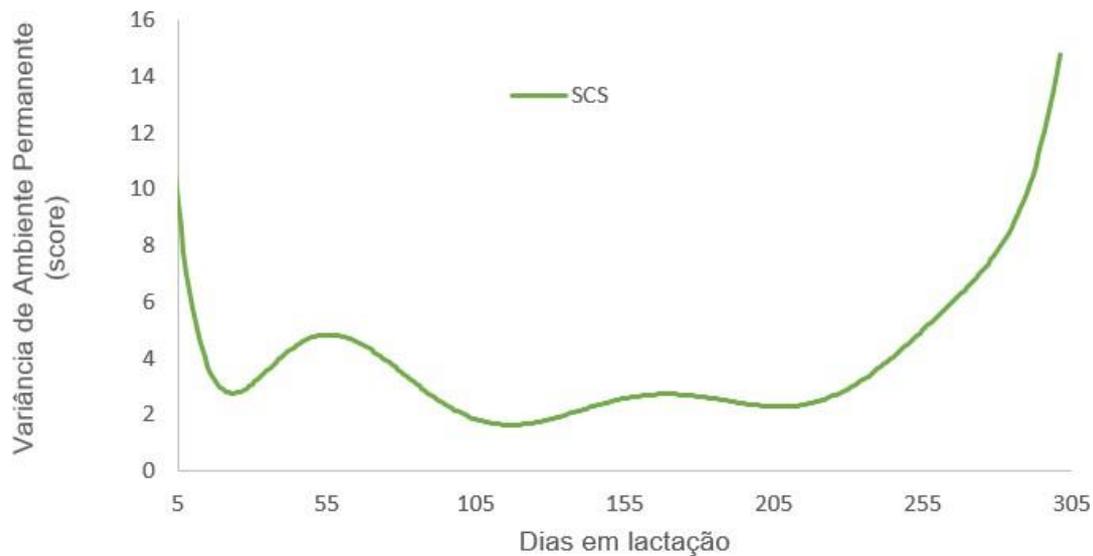


Figura 4. Variância de ambiente permanente estimada para score de células somáticas (SCS), obtido por modelo de regressão aleatório uni-característico.

Para SCS, a variância de ambiente permanente oscilou bastante durante toda a curva de lactação, principalmente no início da curva (5 DIM), com valores elevados em torno de 10,00 score<sup>2</sup>, entretanto ao longo da curva, os valores decresceram bruscamente alcançando aproximadamente 2,00 score<sup>2</sup> (205 DIM), e no final da curva (305 DIM) os valores aumentaram novamente (15,00 score<sup>2</sup>). Essas variações observadas nos extremos da curva de lactação para as variâncias tanto genética aditiva como de ambiente permanente de SCS, pode estar relacionada com a maior influência dos efeitos ambientais principalmente nesses períodos da curva de lactação (Van Vleck e Henderson, 1961). Além disso, curvas com estimativas de variâncias diferentes em seus extremos são esperadas para TD porque esses controles diários são influenciados por fatores que são difíceis de controlar, por exemplo, devido a existência de poucos registros no início e no final da curva de lactação influenciando os legendres (Lázaro et al., 2021).

## 5.2 Estimativas de herdabilidade

Tabela 4. Estimativas médias (desvio padrão) e intervalo de densidade *a posteriori* máxima 95% (HPD) de componentes de variância e parâmetros genéticos para

produção de leite (PL), produção de *mozzarella* (PM) e score de células somáticas (SCS).

Parâmetro	PL	PM	SCS
$h^2$	0,25 (0,02) [0,22; 0,29]	0,31 (0,03) [0,25; 0,37]	0,16(0,03) [0,11; 0,22]
$\sigma_a^2$	2,02 (0,15) [1,75; 2,32]	0,12 (0,010) [0,10; 0,15]	3,09 (0,48) [2,16; 4,06]
$\sigma_{ep}^2$	2,26 (0,10) [2,08; 2,46]	0,09 (0,01) [0,07; 0,11]	4,01 (0,43) [3,18; 4,84]
$\sigma_{gc}^2$	1,41 (0,19) [1,06; 1,77]	0,01 (0,00) [0,00; 0,02]	5,82 (2,09) [2,40; 9,77]
$\sigma_e^2$	2,14 (0,01) [2,12; 2,17]	0,15 (0,01) [0,14; 0,16]	4,43 (0,19) [4,06; 4,80]

$h^2$  = herdabilidade,  $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva,  $\sigma_{ep}^2$  = variância de ambiente permanente,  $\sigma_{gc}^2$  = variância de Grupo de Contemporâneo,  $\sigma_e^2$  = variância residual.

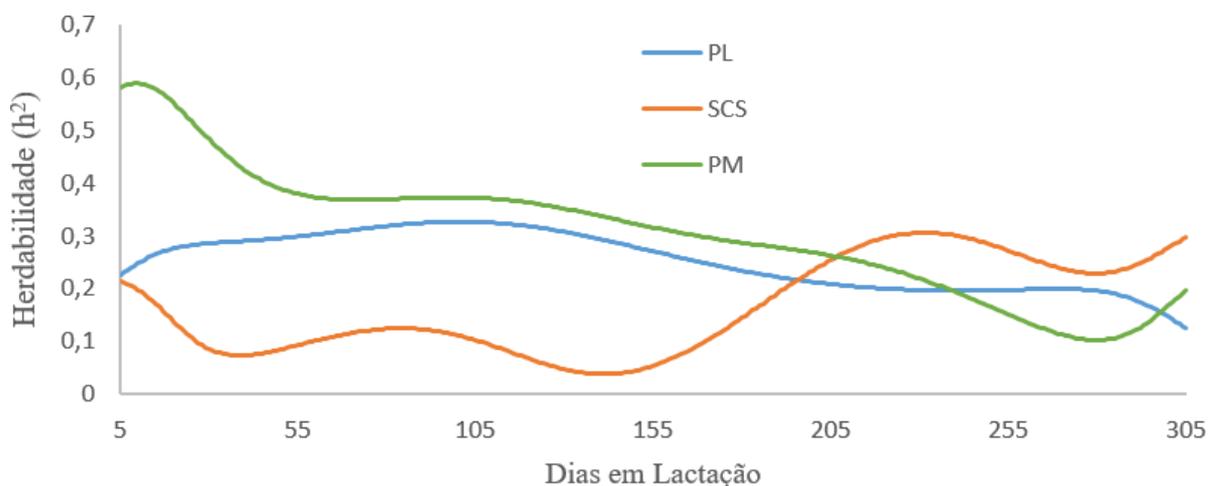


Figura 5. Estimativas de herdabilidades ( $h^2$ ) para produção de leite no dia do controle (PL), produção de *mozzarella* (PM), score de células somáticas (SCS), obtidos por modelo de regressão aleatório unicaracterística.

As estimativas de herdabilidade para PL variaram de 0,12 a 0,33, e estão em concordância com outros autores que também obtiveram suas estimativas por meio de RRM (Lázaro et al., (2021) (0,22 a 0,49); Breda et al., (2010) (0,18 a 0,44); Aspilcueta- Borquis et al. (2013) (0,23 a 0,38), em búfalos Murrah. Já as estimativas de herdabilidade para PM variam de 0,10 a 0,58. Campos et al., (2008), encontraram herdabilidade de 0,17, a qual está em correspondência com o presente estudo,

através de análises bicaracterísticas (PM e PL acumulada aos 305 dias) em estudos com búfalas Murrah.

A herdabilidade média estimada para SCS foi de 0,16 variando de 0,04 a 0,31 indicando que há variabilidade genética para permitir progresso genético para tal característica. Estes valores foram inferiores aos reportados por Lázaro et al., (2021) com valores que variaram de 0,05 a 0,41, assim como, a estimativa de 0,25 reportada por Aspilcueta- Borquis et al., (2010).

### 5.3 Estimativas de correlação genética

Não foram apresentadas correlações genéticas entre PL e PM pois as búfalas do rebanho em estudo são selecionadas para PL e PM mas ainda não são para SCS, então analisou se o SCS está sendo indiretamente selecionado.

Tabela 5. Estimativas de correlação genética ao longo dos DIMs (desvio padrão) e intervalo de densidade *a posteriori* máxima 95% (HPD) para produção de leite (PL), Score de células somáticas (SCS) e para produção de *mozzarella* (PM) obtidos por modelos de regressão aleatória bi-característica (apenas para primeira lactação).

DIM	$r_{G(PL-SCS)}$	$r_{G(PM-SCS)}$
5-35	0,28 (0,04) [0,20; 0,34]	0,25 (0,05) [0,15; 0,34]
36-65	0,36 (0,03) [0,30; 0,43]	0,31 (0,04) [0,23; 0,38]
66-95	0,41 (0,03) [0,34; 0,47]	0,35 (0,04) [0,28; 0,41]
96-125	0,34(0,04) [0,25; 0,42]	0,34 (0,04) [0,26; 0,41]
126-155	0,14 (0,05) [0,020; 0,24]	0,15 (0,05) [0,05; 0,25]
156-185	0,13 (0,06) [0,02; 0,26]	-0,07 (0,06) [-0,19; 0,06]
186-215	-0,03 (0,06) [-0,15; 0,10]	0,08 (0,07) [-0,06; 0,20]
216-245	0,25 (0,05) [0,15; 0,35]	0,09 (0,06) [-0,020; 0,20]
246-275	0,33 (0,05) [0,24; 0,43]	0,06 (0,06) [-0,05; 0,18]
276-305	0,30 (0,04) [0,22; 0,38]	0,18 (0,05) [0,07; 0,28]

$r_G$ = Correlação genética entre as características.

A correlação genética entre SCS e PL apontaram médias variando de -0,03 (DIM 186-215) à 0,41 (DIM 66-95), valores que estão próximos aos reportados por Lázaro et al., (2021) -0,10 (DIM 156-185) à 0,33 (DIM 66-95). Já as correlações genéticas entre SCS e PM variaram entre -0,07 (DIM 156-185) a 0,35 (DIM 66-95).



Figura 6. Estimativas de correlação genética para produção de leite entre os dias de lactação (DIM), obtidos por modelos de regressão aleatória bicaracterísticos(PL-SCS).



Figura 7. Estimativas de correlação genética para score de células somáticas entre os dias de lactação (DIM), obtidos por modelo de regressão aleatória bicaracterísticos

(PL-SCS)

Observa-se que no início da lactação (DIM 8-100) a correlação é mais baixa - 0,99, aumentando com o passar dos dias, chegando no final da lactação (DIM 260-305) a uma alta e positiva correlação de (0,99) PL. Já na figura 7, não foi observado o mesmo padrão da figura anterior, ou seja, para a característica SCS a correlação genética foi elevada e positiva (0,99) no final da curva de lactação (DIM 281- 305), além disso,apresentou baixa correlação e negativa (próximas -0,98) no intervalo de (DIM 50-113).

Contudo, quando observamos a correlação genética para SCS ao longo dos DIMs, estimada conjuntamente com a característica PM (Figura 8), observamos uma alta e positiva correlação (0,99) na segunda metade da lactação (DIM 193-30) e no início da curva de lactação (DIM 43-97) observou- se uma variação alta e negativa da correlação (-0,99). Já para PM, a correlação genética (Figura 9), apresentou baixas e positivas correlações (aproximadamente 0,23), na primeira metade da curva de lactação (DIM 1-141).



Figura 8. Estimativas de correlação genética para score de células somáticas entre os dias de lactação (DIM), obtidos por modelos de regressão aleatória bicaracterísticos

(PM-SCS).



Figura 9. Estimativas de correlação genética para produção de *mozzarella* entre os dias de lactação (DIM), obtidos por modelo de regressão aleatória bicaracterísticos (PM-SCS).

#### 5.4 Ganho genético e tendência genética

Estimativas de ganho genéticos obtidos para PL, PM e SCS foram 3,90 kg/ano, 0,60 kg/ano e 10,60 score/ano, respectivamente. Tais valores positivos indicam superioridade genética dos descendentes em relação a média da geração dos pais. O ganho genético para o SCS se mostrou mais alto quando comparado com as outras duas características.

As tendências genéticas para PL, SCS e PM, foram estimadas através da regressão dos valores genéticos em função do ano de nascimento sendo positivas ( $P < 0,05$ ) e iguais a 9,71 kg/ano ( $y = 9,71x - 19198$ ), 1,56 scores/ano ( $y = 1,56x - 3027,90$ ) e 0,68 kg/ano ( $y = 0,67x - 1322,30$ ) respectivamente. Isso significa que geneticamente a PL irá aumentar 9,71 kg a cada ano, a PM irá aumentar 0,68 kg a cada ano e SCS irá subir 1,56 scores por ano.

A tendência genética para PL, inicia-se baixa (1969 a 1989) e passa a aumentar após os anos 1990, o que pode ser explicado pelo acúmulo de informações coletadas pelo Programa de Controle Leiteiro da UNESP, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Departamento de Zootecnia de Jaboticabal - SP, que permitiu a seleção dos animais em função do valor genético para tal característica.

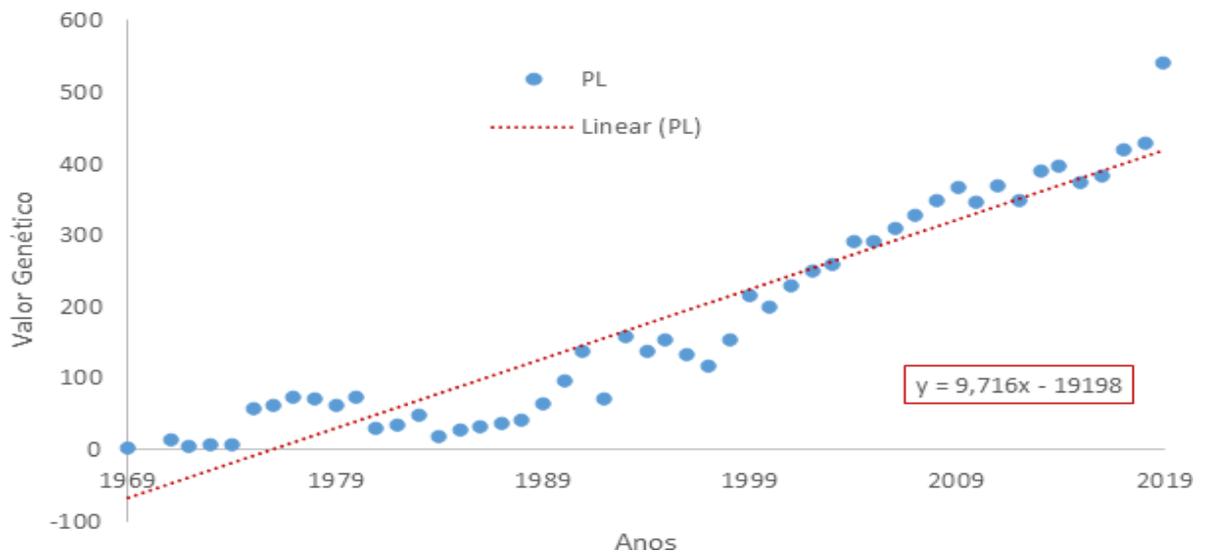


Figura 10. Tendência genética para as estimativas médias para produção de leite no dia do controle (pontilhado azul) juntamente com a equação da reta (linha vermelha pontilhada), de acordo com o ano de nascimento.

Pode-se observar valores baixos nos primeiros anos (1969 a 1975), contudo, esses valores começam a elevar-se a partir de 1977, provavelmente devido a intensificação da coleta de dados referente à essa característica.

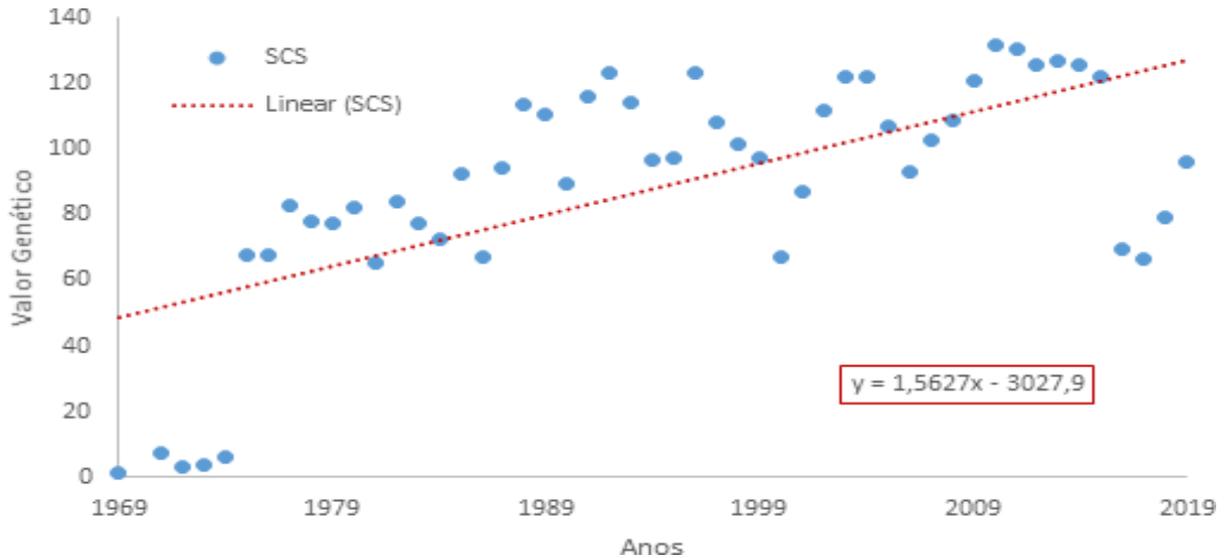


Figura 11. Tendência genética para as estimativas médias para score de células somáticas no dia do controle (pontilhado azul) juntamente com a equação da reta (linha vermelha pontilhada), de acordo com o ano de nascimento.

Nota-se assim como as demais características, valores próximos a zero (1969 a 1974) que passou a aumentar após os anos 1975, tal fato pode ser explicado com a intensificação da cobrança pela qualidade do leite. Informações de sólidos totais como gordura e proteína (base para o cálculo da *mozzarella*) passaram a ser cada vez mais consideráveis.

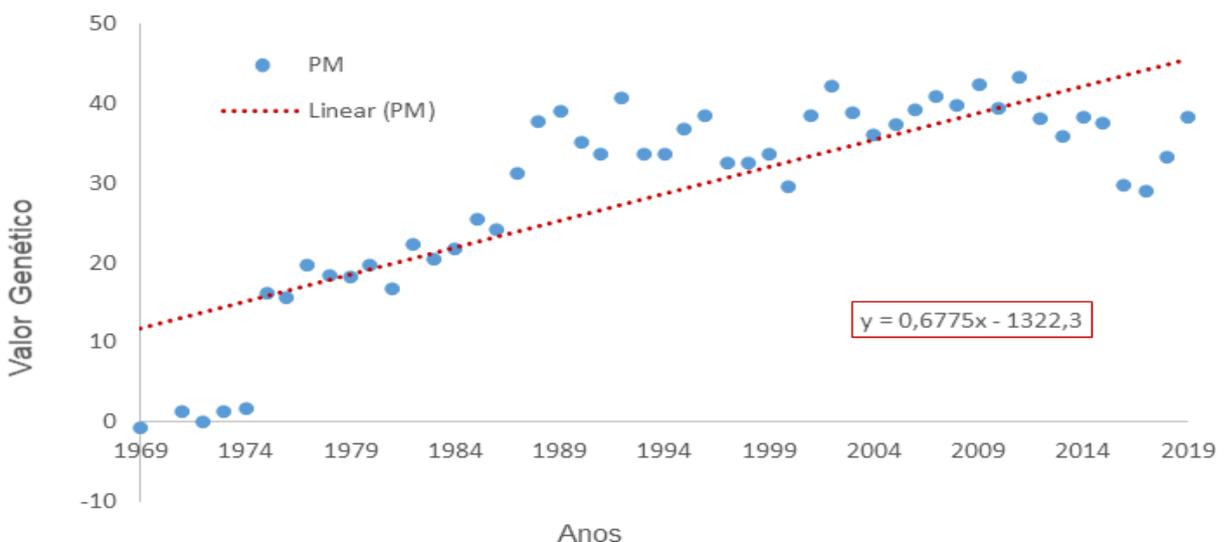


Figura 12. Tendência genética para as estimativas médias para produção de *mozzarella* no dia do controle (pontilhado azul) juntamente com a equação da reta (linha vermelha pontilhada), de acordo com o ano de nascimento.

## 6 CONCLUSÃO

Os valores obtidos de herdabilidade para PL, SCS e PM indicam que há variabilidade genética aditiva suficiente para obter ganhos genéticos em búfalas leiteiras dos rebanhos analisados. Os valores de ganho genético positivo para todas as características indicam superioridade genética dos descendentes em relação a média da geração dos pais. As estimativas de tendência genética indicam crescimento dos valores para todas as características e por fim a correlações genéticas para as características PL-SCS foram positivas com exceção do intervalo 186-215 DIM, sendo este o melhor intervalo para realizar a seleção. Já em relação à correlação entre PM-SCS, assim como a citada anteriormente obteve-se apenas um intervalo com valor negativo 156-185 DIM, igualmente sendo o melhor intervalo para realizar o processo de seleção genética.

Em um panorama geral considerando os resultados obtidos no presente trabalho os processos de seleção focando nessas determinadas características estão surtindo efeitos positivos, atendendo ao progresso genético.

## 7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Amaral, F., Carvalho, L. B., Brito, J. R. F., Silva, N. Qualidade do leite de búfalas: contagem de células somáticas. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 29, p. 101-105, 2005.

Aguilar, I.; Misztal, I.; Tsuruta, S. Genetic trends of milk yield under heat stress for US Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 4, p. 1754-1758, 2010.

Aguilar, I., Legarra, A., Cardoso, F., Masuda, Y., Lourenco, D., Misztal, I. Frequentist p-values for large-scale-single step genome-wide association, with an application to birth weight in American Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 51, n. 1, p. 1-8, 2019.

Altiero, V.; Moio, L.; Addeo, F. Previsione della resa in mozzarella sulla base del contenuto in grasso e proteine del latte di bufala. **Science Technology Latte**, v. 40, p. 425-433, 1989.

Andrade, L. M. D., Faro, L., Cardoso, V. L., Albuquerque, L. G. D., CASSOLI, L. D., MACHADO, P. F. Efeitos genéticos e de ambiente sobre a produção de leite e a contagem de células somáticas em vacas holandesas. **Revista Brasileira de**

**Zootecnia**, v. 36, n. 2, p. 343-349, 2007.

Andrade, U., Hartmann, W., Masson, M. L. Isolamento Microbiológico, contagem de células somáticas e contagem bacteriana total em amostras de leite. **Ars Veterinaria**, v. 25, n. 3, p. 129-135, 2010.

Araujo Neto, F. R., Takada, L., Dos Santos, D. J. A., Aspilcueta-Borquis, R. R., Cardoso, D. F., do Nascimento, A. V., ... Tonhati, H. Identification of genomic regions related to age at first calving and first calving interval in water buffalo using single-step GBLUP. **Reproduction in Domestic Animals**, v. 55, n.11, p. 1565-1572, 2020.

Aspilcueta-Borquis, R. R., Araujo Neto, F. R., Baldi, F., Bignardi, A. B., Albuquerque, L. G. D., Tonhati, H. Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using Bayesian inference. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 5, p. 2195-2201, 2010.

Aspilcueta-Borquis, R. R., Di Palo, R., Araujo Neto, F. R., Baldi, F., De Camargo, G. M. F., Albuquerque, L. G. D., ... Tonhati, H Genetic parameter estimates for buffalo milk yield, milk quality and mozzarella production and Bayesian inference analysis of their relationships. **Genetics and Molecular Research**, p. 1636-1644, 2010.

Aspilcueta-Borquis, R. R., Araujo Neto, F. R., Baldi, F., Hurtado-Lugo, N. A., Camargo, G. M., Muñoz-Berrocal, M., Tonhati, H. Multiple-trait random regression models for the estimation of genetic parameters for milk, fat, and protein yield in buffaloes. **Journal of Dairy Science**, v. 96, n. 9, p. 5923-5932, 2013.

Aspilcueta-Borquis, R. R., Araujo Neto, F. R., Santos, D. J. A., Hurtado-Lugo, N. A., Silva, J. A. V., Tonhati, H. Multiple-trait genomic evaluation for milk yield and milk quality traits using genomic and phenotypic data in buffalo in Brazil. **Genetics and Molecular Research**. v. 14, n. 4, p. 18009-18017, 2015.

Associação Brasileira de Criadores de Búfalos. O búfalo: as quatro raças do Brasil. **ABCB**, **2020**. Disponível em <<https://www.bufalo.com.br/home/obufalo/>>. Acesso em 7 jun. 2021

Barros C. C., Aspilcueta-Borquis, R. R., Fraga A. B., Tonhati H. Genetic parameter estimates for production and reproduction traits in dairy buffaloes. **Revista Caatinga**. v. 29, p. 216-216, 2016.

Barros, C. C., Santos, D. J. A., Aspilcueta-Borquis, R. R., Camargo, G. M.F., Araujo Neto, F. R., Tonhati, H. Use of single-step genome-wide association studies for prospecting genomic regions related to milk production and milk quality of buffalo. **Journal of Dairy Research**, v. 85, n. 4, p. 402-406, 2018.

Bignardi, A. B., El Faro, L., Cardoso, V. L., Machado, P. F., & de Albuquerque, L. G. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v.123, n. 1, p. 1-7, 2009.

Bohmanova, J.; Misztal, I.; Tsuruta, S.; Norman, H. D.; Lawlor, T. J. Genotype by environment interaction due to heat stress. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 2, p. 840–846, 2008.

Breda, F. C., Albuquerque, L. G. D., Euclides, R. F., Bignardi, A. B., Baldi, F., Torres, R. A., ... Tonhati, H. Estimation of genetic parameters for milk yield in Murrah buffaloes by Bayesian inference. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 2, p. 784-791, 2010.

Brito, L. F., Silva, F. G., Oliveira, H. R., Souza, N. O., Caetano, G. C., Costa, E. V., ..., Torres, R. A. Modelling lactation curves of dairy goats by fitting random regression models using Legendre polynomials or B-splines. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 98, n. 1, p. 73-83, 2017.

Camargo, G. M. F., Aspilcueta-Borquis, R. R., Fortes, M. R. S., Porto-Neto, R., Cardoso, D. F., Santos, D. J. A., Tonhati, H. Prospecting major genes in dairy buffaloes. **BMC genomics**, v. 16, n. 1, p. 872, 2015.

Campos, R. V. Associação genética entre produção de mozzarella e produção de leite e teores de gordura e proteína em bubalinos. **Dissertação (Mestrado em Zootecnia)**, 2008.

Cardelino R.; Rovira J. **Mejoramiento genético animal**. Buenos AIRES: Agropecuária Hemisfério Sur, 253p, 1983.

Chang, C. C., Chow, C. C., Tellier, L. C., Vattikuti, S., Purcell, S. M., Lee, J. J. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. **Gigascience**, v. 4, n. 1, p. s13742-015-0047-8, 2015.

Cerón-Muñoz, M., Tonhati, H., Duarte, J., Oliveira, J., Muñoz-Berrocal, M., Jurado-Gámez, H. Factors affecting somatic cell counts and their relations with milk and milk constituent yield in buffaloes. **Journal of Dairy Science**, v. 85, n. 11, p. 2885-2889, 2002.

Cinar, M., Serbester, U., Ceyhan, A., Gorgulu, M. Effect of somatic cell count on milk yield and composition of first and second lactation dairy cows. **Italian Journal of Animal Science**, v. 14, n. 1, p. 3646, 2015.

Chu, T. T., Bastiaansen, J. W., Berg, P., Romé, H., Marois, D., Henshall, J., Jensen, J. Use of genomic information to exploit genotype-by-environment interactions for body weight of broiler chicken in bio-secure and production environments. **Genetics Selection Evolution**, v. 51, n. 1, p. 1-13, 2019.

Cobuci, J. A., Costa, C. N., Braccini Neto, J., Freitas, A. F. D. Genetic parameters for milk production by using random regression models with different alternatives of fixed regression modeling. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 3, p. 557-567, 2011.

Costa, A., Negrini, R., Marchi, M., Campanile, G., Neglia, G. Phenotypic characterization of milk yield and quality traits in a large population of water buffaloes. **Animals**, v. 10, n. 2, p. 327, 2020.

Dhakal, I. P. Normal somatic cell count and subclinical mastitis in Murrah buffaloes. **Journal of Veterinary Medicine, Series B**, v. 53, n. 2, p. 81-86, 2006.

Duarte, J.M.C. Efeitos ambientais sobre a produção no dia do controle e características físico-químicas do leite em um rebanho bubalino no estado de São Paulo. **Revista Instituto de Laticínios Candido Tostes. Juiz de Fora**, v.56, n.5, p.16-19, 2001.

El Faro, L., Cardoso, V. L., & Albuquerque, L. G. D. 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, p. 665-673, 2008.

Falconer, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, p.279, 1987.

FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Live animals. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/es/#data/QA/visualize>. 2019.

Fernandes, L. G., Pimenta, C. L. R. M., Pituco, E. M., de Lima Brasil, A. W., Azevedo, S. S. Risk factors associated with BoHV-1 and BVDV seropositivity in buffaloes (*Bubalus bubalis*) from the State of Paraíba, Northeastern Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 37, n. 4, p. 1929-1935, 2016.

Freitas, P. H. F., Oliveira, H. R., Silva, F. F., Fleming, A., Miglior, F., Schenkel, F. S., Brito, L. F. Genomic analyses for predicted milk fatty acid composition throughout lactation in North American Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 7, p. 6318-6331, 2020.

Geweke, J., Bernardo, J. M., Berger, J. O., Dawid, A. P., Smith, A. Bayesian statistics. **Bayesian statistics**, 1992.

Gipson, T. A Recent advances in breeding and genetics for dairy goats. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 32, n. 8, p. 1275, 2019.

Guarini, A. R., Lourenco, D. A. L., Brito, L. F., Sargolzaei, M., Baes, C. F., Miglior, F., ... Schenkel, F. S. Genetics and genomics of reproductive disorders in Canadian Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 2, p. 1341- 1353, 2019.

Guzman, J. L. G., Lázaro, S. F., Nascimento, A. V., Santos, D. J. A., Cardoso, D. F., Scalez, D. C. B., ..., Tonhati, H. Genome-wide association study applied to type traits related to milk yield in water buffaloes (*Bubalus bubalis*). **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 2, p. 1642-1650, 2020.

Heidelberger, P., & Welch, P. D. Simulation run length control in the presence

of an initial transient. **Operations Research**, v. 31, n. 6, p. 1109-1144, 1983.

Hurtado-Lugo, N. A., Sousa, S. C., Aspilcueta-Borquis, R. R., Gutiérrez, S. Y., Cerón-Muñoz, M. F., Tonhati, H. Estimation of genetic parameters for test-day milk yield in first calving buffaloes. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**, v. 26, n. 3, p. 177-185, 2013.

Irano, N., Bignardi, A. B., El Faro, L., Santana, M. L., Cardoso, V. L., Albuquerque, L. G. Genetic association between milk yield, stayability, and mastitis in Holstein cows under tropical conditions. **Tropical Animal Health and Production**, v. 46, n. 3, p. 529-535, 2014.

Jamrozik, J., & Schaeffer, L. R. Estimates of genetic parameters for a testday model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 80, n. 4, p. 762-770, 1997.

Kang, H., Ning, C., Zhou, L., Zhang, S., Yan, Q., Liu, J. F. Single-step genomic evaluation of milk production traits using multiple-trait random regression model in Chinese Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 12, p. 11143-11149, 2018.

Komprej, A., Malovrh, S., Gorjanc, G., Kompan, D., Kovac, M. Genetic and environmental parameters estimation for milk traits in Slovenian dairy sheep using random regression model. **Czech Journal Animal Science**, v. 58, n. 3, p. 125-135, 2013.

Lázaro, S. F., Tonhati, H., Oliveira, H. R., Silva, A. A., Nascimento, A. V., Santos, D. J., Stefani, G., Brito, L. F. Genomic studies of milk-related traits in water buffalo (*Bubalus bubalis*) based on single-step genomic best linear unbiased prediction and random regression models. **Journal of Dairy Science**, v. 104, n. 5, p. 5768-5793, 2021.

Legarra, A., Aguilar, I., Misztal, I. A relationship matrix including fullpedigree and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4656-4663, 2009.

Lima, A. C. S., Sousa, M. A. P., Brito, L. C., de Cássia, D., da Fonseca, M., da Silva Luciara, P. F. M., Silva Chaves, C. Associação genética entre a produção de leite total e produção de “mozzarella” em búfalas da raça Murrah. **X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Uberaba, MG**, 2013.

López-Romero, P.; Carabaño, M. J. Comparing alternative random regression models to analyse first lactation daily milk yield data in Holstein–Friesian cattle. **Livestock Production Science**, v. 82, n. 1, p. 81-96, 2003.

Madalena, F. E. Consequências econômicas da seleção para gordura e proteína do leite no Brasil. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 3, p. 685- 692, 1999.

Malhado, C. H. M., Ramos, A. D. A., Carneiro, P. L. S., Souza, J. C. D., &

Piccinin, A. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, p. 376-379, 2007.

Marques, L. C., Matos, A. S., Costa, J. S., Silva, C. S., Camargo, R. N. C., McManus, C., Marques, J. R. F. Productive characteristics in dairy buffalo (*Bubalus bubalis*) in the Eastern Amazon. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 72, p. 947-954, 2020.

Medeiros, E. S., Barbosa, S. B. P., Jatobá, R. B., Azevedo, S. S., Pinheiro Junior, J. W., Saukas, T. N., Mota, R. A. Perfil da contagem de células somáticas na infecção intramamária em búfalas na Região Nordeste do Brasil. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, v. 31, n. 3, p. 219-223, 2011.

Mehrban, H., Lee, D. H., Naserkheil, M., Moradi, M. H., Ibáñez-Escriche, N. Comparison of conventional BLUP and single-step genomic BLUP evaluations for yearling weight and carcass traits in Hanwoo beef cattle using single trait and multi-trait models. **PLoS one**, v. 14, n. 10, p. e0223352, 2019.

Menezes, G. R. D. O., Torres, R. D. A., Sarmiento, J. L. R., Rodrigues, M. T., Brito, L. F., Lopes, P. S., Silva, F. G. D. Modelos de regressão aleatória na avaliação da produção de leite em cabras da raça Saanen. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, p. 1526-1532, 2011.

Meyer, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 37, n. 6, p. 1-28, 2005.

Misztal, I., Legarra, A., Aguilar, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4648-4655, 2009.

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenço, D., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. Manual for BLUPF90 Family of Programs. Accessed. 2015.

Moura, E., Rangel, A. H. N., Melo, M. C. N., Borba, L. H. F., Lima Júnior, D. M., Novaes, L. P., Andrade Neto, J. C. Evaluation of microbiological, cellular and risk factors associated with subclinical mastitis in female buffaloes. **Asian- Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 30, n. 9, p. 1340, 2017.

Oliveira, H. R., Silva, F. F., Siqueira, O. H. G. B. D., Souza, N. O., Junqueira, V. S., Resende, M. D. V., Aspilcueta-Borquis, R. R., Rodrigues, M. T. Combining different functions to describe milk, fat, and protein yield in goats using Bayesian multiple-trait random regression models. **Journal of Animal Science**, v. 94, n. 5, p. 1865-1874, 2016.

Oliveira, H. R., Brito, L. F., Lourenco, D. A. L., Silva, F. F., Jamrozik, J., Schaeffer, L. R., Schenkel, F. S. Invited review: Advances and applications of random regression models: From quantitative genetics to genomics. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 9, p. 7664-7683, 2019.

Oliveira, H. R., Lourenco, D. A. L., Masuda, Y., Misztal, I., Tsuruta, S., Jamrozik, J., ... Schenkel, F. S. Application of single-step genomic evaluation using multiple-trait random regression test-day models in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 3, p. 2365-2377, 2019.

Oviedo-Boyso, J., Valdez-Alarcón, J. J., Cajero-Juárez, M., Ochoa-Zarzosa, A., López-Meza, J. E., Bravo-Patino, A., Baizabal-Aguirre, V. M. Innate immune response of bovine mammary gland to pathogenic bacteria responsible for mastitis. **Journal of Infection**, v. 54, n. 4, p. 399-409, 2007.

Padilha, A. H., Cobuci, J. A., Costa, C. N., Neto, J. B. Random regression models are suitable to substitute the traditional 305-day lactation model in genetic evaluations of Holstein cattle in Brazil. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 29, n. 6, p. 759, 2016.

Ramos, A. D. A., Malhado, C. H. M., Carneiro, P. L. S., Gonçalves, H. C., Azevedo, D. M. M. R. Caracterização fenotípica e genética da produção de leite e do intervalo entre partos em bubalinos da raça Murrah. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, p. 1261-1267, 2006.

Rangel, A. D. N., Oliveira, J. P. F., Araújo, V. M., Bezerra, K. C., Medeiros, H. R., Lima Júnior, D. M., Araújo, C. G. F. Influence of the stage of lactation on the composition of milk of water buffalo. **Acta Veterinaria Brasilica**, v. 5, n. 3, p. 306-310, 2011.

Salari, F.; Altomonte, I.; Martini, M. Il latte di bufala: studio di alcuni parametri produttivi. **Large Animal Review**, v. 19, p. 17-20, 2013.

Santos, J. C. G., de Oliveira Seno, L., Borquis, R. R. A., da Silveira, K. R., Tonhati, H. ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS CONSIDERANDO A INCLUSÃO DA ENDOGAMIA EM BUBALINOS LEITEIROS. In: Anais do V Workshop de Pós-Graduação em Zootecnia e Ciência Animal do Estado de Mato Grosso do Sul-2018. 2019.

Schaeffer, L. R., Jamrozik, J., Kistemaker, G. J., & Van Doormaal, J. Experience with a test-day model. **Journal of Dairy Science**, v. 83, n. 5, p. 1135-1144, 2000.

Schaeffer, L. R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v. 86, n. 1-3, p. 35-45, 2004.

Seno, L. O., Cardoso, V. L., El Faro, L., Sesana, R. C., Aspilcueta-Borquis, R. R., De Camargo, G. M. F., Tonhati, H. Genetic parameters for milk yield, age at first calving and interval between first and second calving in milk Murrah buffaloes. **Livestock Research for Rural Development**, v. 22, n. 2, p. 38, 2010.

Short, T. H., Lawlor, T. J. Genetic parameters of conformation traits, milk yield, and herd life in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 75, n. 7, p. 1987-1998, 1992.

Shook, G.E. Approaches to summarizing somatic cell count which improve

interpretability. : **Annual Meeting National Mastitis Council, Inc**, p.150- 166, 1982.

Silva, F. G., Torres, R. A., Brito, L. F., Euclides, R. F., Melo, A. L. P., Souza, N. O., Ribeiro, J. I., Rodrigues, M. T. Random regression models using Legendre orthogonal polynomials to evaluate the milk production of Alpine goats. 2013.

Smith, K. L. A discussion of normal and abnormal milk based on somatic cell count and clinical mastitis. **Bulletin-International Dairy Federation**, n. 372,p. 43-45, 2002.

Smith, B. J. boa: an R package for MCMC output convergence assessment and posterior inference. **Journal of Statistical Software**, v. 21, n. 1, p. 1-37, 2007.

Sollecito, N. V., Lopes, L. B., Leite, R. C. Contagem de células somáticas, perfil de sensibilidade antimicrobiana e microorganismos isolados de mastites em búfalos: uma breve revisão. **Embrapa Agrossilvipastoril-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2011.

Song, H., Zhang, J., Zhang, Q., Ding, X Using different single-step strategies to improve the efficiency of genomic prediction on body measurement traits in pig. **Frontiers in genetics**, v. 9, p. 730, 2019.

Stefani, G., El Faro, L., Júnior, M. L. S., Tonhati, H. Association of longevity with type traits, milk yield and udder health in Holstein cows. **Livestock Science**,v. 218, p. 1-7, 2018.

Teissier, M., Larroque, H., Robert-Granie, C. Accuracy of genomic evaluation with weighted single-step genomic best linear unbiased prediction for milk production traits, udder type traits, and somatic cell scores in French dairy goats. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 4, p. 3142-3154, 2019.

Tonhati, H., Cerón-Muñoz, M. F., Oliveira, J. A., Duarte, J. M. C., Furtado, T. P., Tseimazides, S. P. Parâmetros genéticos para produção de leite, gordura e proteína em bubalinos. **Revista Brasileira de Zootecnia. Viçosa**. v. 29, n. 6, p. 2051-2056, 2000.

Tonhati, H., Mendoza-Sánchez, G., Sesana, R. C., Aspilcueta-Borquis, R.R., Albuquerque, L. G. D. Programa de mejoramiento genético de búfalos. **Revista Argentina de Producción Animal**, v. 28, n. 1, p. 53-67, 2008.

Vanraden, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 11, p. 4414-4423, 2008.

Van Vleck, L. D., Henderson, C. R. Estimates of genetic parameters of some functions of part lactation milk records. **Journal of Dairy Science**, v. 44, n. 6, p. 1073-1084, 1961.

Verruma, M. R., SALGADO, J. M. Análise química do leite de búfala em

comparação ao leite de vaca. **Scientia Agricola**, v.51, p.131-137, 1994.

Warriach, H. M., McGill, D. M., Bush, R. D., Wynn, P. C., Chohan, K. R. A review of recent developments in buffalo reproduction—a review. **Asian- Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 28, n.3, p. 451, 2015.

## 8 MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela Suplementar 2. Estimativas de variâncias e DIC, para 8 diferentes modelos levando em consideração DIM70 e DIM 100, GC e HTD como efeito aleatório e fixo, para produção de leite.

PL	$\sigma_a^2$	$\sigma_{ep}^2$	$h^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_{gc/htd}^2$	DIC	Nº de Búfalas	Controles Diários (n)
DIM 70, GC FIXO	1,30	2,52	0,21	2,16	0	291773,33	3972	77742
DIM 70, GC ALEATÓRIO	1,30	2,54	0,19	2,15	0,65	294669,41	4021	78608
DIM 70, HTD FIXO	1,07	2,25	0,18	2,44	0	164212,11	3792	42117
DIM 70, HTD ALEATÓRIO	1,29	2,41	0,21	2,08	0,42	292237,47	4021	78608
Dim 100, GC FIXO	1,32	2,54	0,21	2,13	0	285269,09	4032	76163
DIM 100, GC ALEATÓRIO	1,29	2,57	0,19	2,13	0,66	287720,63	4076	76894
DIM 100, HTD FIXO	1,11	2,19	0,19	2,42	0	164392,14	3884	42227
DIM 100, HTD ALEATÓRIO	1,30	2,43	0,21	2,06	0,42	28599,04	4076	76894

$h^2$ = herdabilidade,  $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva,  $\sigma_{ep}^2$  = variância de ambiente permanente,  $\sigma_{gc}^2$  = variância de Grupo de Contemporâneo,  $\sigma_e^2$  = variância residual, DIC= Critério de Informação da Deviance, DIM= dias em lactação.

Tabela Suplementar 3. Estimativas de variâncias e DIC, para 8 diferentes modelos levando em consideração DIM70 e DIM 100, GC e HTD como efeito aleatório e fixo, para score de células somáticas.

SCS	$\sigma_a^2$	$\sigma_{ep}^2$	$h^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_{gc/htd}^2$	DIC	Nº de Búfalas	Controles Diários (n)
DIM 70, GC FIXO	2,31	4,58	0,19	4,41	0	15260,58	568	3245
DIM 70, GC ALEATÓRIO	2,46	4,40	0,13	4,39	5,27	15370,02	570	3254

DIM 70, HTD FIXO	1,71	1,84	0,21	3,23	0	9201,64	559	2126
DIM 70, HTD ALEATÓRIO	1,43	1,44	0,09	3,12	8,76	13949,91	570	3254
DIM 100, GC FIXO	2,27	4,77	0,16	4,18	0	16916,33	657	3630
DIM 100, GC ALEATÓRIO	2,72	4,40	0,14	4,16	4,65	16986,05	661	3645
DIM 100, HTD FIXO	1,27	1,56	0,20	3,10	0	10603,23	653	2477
DIM 100, HTD ALEATÓRIO	0,87	1,73	0,06	3,06	8,60	15505,37	661	3645

---

$h^2$ = herdabilidade,  $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva,  $\sigma_{ep}^2$  = variância de ambiente permanente,  $\sigma_{gc/htd}^2$  = variância de Grupo de Contemporâneo e HTD,  $\sigma_e^2$  = variância residual, DIC = Critério de Informação da Deviance, DIM= dias em lactação.