

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

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A**  
**PRODUÇÃO DE LEITE EM BÚFALAS POR MODELOS DE**  
**REPETIBILIDADE, MULTI-CARACTERÍSTICA E DE**  
**REGRESSÃO ALEATÓRIA**

**Roberta Cristina Sesana**  
Zootecnista

JABOTICABAL - SP - BRASIL  
2008

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

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A  
PRODUÇÃO DE LEITE EM BÚFALAS POR MODELOS DE  
REPETIBILIDADE, MULTI-CARACTERÍSTICA E DE  
REGRESSÃO ALEATÓRIA**

**Roberta Cristina Sesana**

Orientador: **Prof. Dr. Humberto Tonhati**  
Co-Orientadora: **Profa. Dra. Lucia Galvão de Albuquerque**  
Co-Orientadora: **Dra. Lenira El Faro**

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 - SP  
Julho de 2008

S493e Sesana, Roberta Cristina  
Estimativas de parâmetros genéticos para produção de leite em búfalas por modelos de repetibilidade, multi-característica e de regressão aleatória/ Roberta Cristina Sesana – – Jaboticabal, 2008  
v, 61 f. ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2008  
Orientador: Humberto Tonhati  
Banca examinadora: Danisio Prado Munari e Maria Eugênia Zerlotti Mercadante  
Bibliografia

1. Bubalus bubalis 2. Funções de covariância 3. Polinômios ortogonais de Legendre. I. Título. II. Jaboticabal - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.082.22:636.293

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

## DADOS CURRICULARES DO AUTOR

**ROBERTA CRISTINA SESANA** - nascida em 26 de fevereiro de 1981, na cidade de Matão – São Paulo, casada com Alessandro Barrére, filha de Claudemir Sesana (*in memoriam*) e Doroti Aparecida Raposo Sesana. Iniciou em março de 2001 o curso de graduação em Zootecnia na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Campus de Jaboticabal – SP, sendo bolsista do CNPq/PIBIC na área de Melhoramento Genético Animal. Obteve o título de Zootecnista em dezembro de 2005. No ano de 2006 atuou como supervisora do Programa de Melhoramento Genético das Raças Bubalinas – Teste de Progênie, coordenado pela Associação Brasileira dos Criadores de Búfalos com apoio do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento, MAPA. Também em agosto de 2006 ingressou sob orientação do Prof. Dr. Humberto Tonhati no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Campus de Jaboticabal – SP, como bolsista da CAPES. Em fevereiro de 2008 passou a trabalhar na empresa CRVLagoa em Sertãozinho – SP como assistente técnica do programa de acasalamento dirigido em Gado Holandês. Em julho de 2008, obteve o grau de mestre em Genética e Melhoramento Animal.

***Dedico a Deus***

*À minha família, Claudemir (in memoriam), Doroti, Fernanda, Juliana, Celso e agora, Lucas, pela educação, amor, carinho e apoio*

*Ao meu marido Alessandro pela compreensão, paciência, apoio e amor, sempre!*

**Ofereço**

## AGRADECIMENTOS

**A UNESP e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal**, pela oportunidade de carreira.

**A CAPES**, pelo apoio financeiro.

**Ao professor Dr. Humberto Tonhati**, pela orientação, amizade, carinho e apoio.

**Às minhas co-orientadoras, Dra. Lucia Galvão de Albuquerque e Dra. Lenira El Faro** pelos ensinamentos, ajuda e compreensão.

**Aos componentes da banca examinadora, Dr. Danísio Prado Munari e Dra. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante**, pelas valiosas sugestões que contribuíram para o aprimoramento do trabalho e pela amizade.

**A minha família, tios, primos, sogros, cunhados e pais e irmãos “postiços”**, pelo carinho, atenção e principalmente, pelas preocupações e rezas.

**A minha amiga Aila**, por sempre estar comigo “no que der e vier”, agora, ainda mais perto.....

**Aos meus amigos Annaiza, Raul e Leonardo**, pela grande amizade, carinho, ensinamentos, apoio e ajuda sempre!

**Aos meus amigos de departamento:** Murote, Geovanny, Henry, Dimas, Daniele, Gregório, Naudim, Rafael, Fábio, Monyka, Márcio, Arione, Fernanda Monsalvez, Denise, Luciana, Severino, Marcos, Gafa, André, Vanessa, Ricardo, Davi, Francisco e Sam pela amizade.

## SUMÁRIO

<b>CAPÍTULO 1- CONSIDERAÇÕES GERAIS .....</b>	<b>5</b>
<b>OBJETIVOS.....</b>	<b>6</b>
<b>Geral.....</b>	<b>6</b>
<b>Específicos.....</b>	<b>6</b>
<b>REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>6</b>
<b>Modelos de Regressão aleatória.....</b>	<b>6</b>
<b>Produção de leite no dia do controle.....</b>	<b>8</b>
<b>Parâmetros Genéticos.....</b>	<b>9</b>
<b>Herdabilidade.....</b>	<b>9</b>
<b>Correlação.....</b>	<b>11</b>
<b>Produção de leite acumulada na lactação.....</b>	<b>12</b>
<b>Parâmetros Genéticos.....</b>	<b>13</b>
<b>Herdabilidade.....</b>	<b>13</b>
<b>Correlação.....</b>	<b>14</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>14</b>
<b>CAPÍTULO 2 - MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA, DE   REPETIBILIDADE E MULTI-CARACTERÍSTICA PARA DESCREVER A   VARIAÇÃO GENÉTICA DA PRODUÇÃO DE LEITE EM DIFERENTES   PARTOS EM BUBALINOS.....</b>	<b>21</b>
<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>22</b>
<b>MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>24</b>
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>29</b>
<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>42</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>42</b>
<b>CAPÍTULO 3 - PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A PRODUÇÃO DE   LEITE NO DIA DO CONTROLE EM BUBALINOS ESTIMADOS POR   MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA.....</b>	<b>45</b>
<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>46</b>
<b>MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>47</b>
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>51</b>
<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>58</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>58</b>



## ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A PRODUÇÃO DE LEITE EM BÚFALAS POR MODELOS DE REPETIBILIDADE, MULTI-CARACTERÍSTICA E DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

**RESUMO:** Foram estimados parâmetros genéticos da produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação (P305) de 1.946 búfalas da raça Murrah no decorrer da idade ao parto utilizando os modelos de repetibilidade, multi-característica e de regressão aleatória (MRA), e correlações de ordem entre os valores genéticos para a P305 nas diferentes idades ao parto preditos pelos modelos de regressão aleatória e de repetibilidade e para a P305 acumulada até os 8 anos de idade, considerando diferentes intensidades seletivas, número de filhas e sua distribuição nos rebanhos. Também foram estimados parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle (PLDC) de 1.433 primeiras lactações de búfalas da raça Murrah utilizando MRA. Os modelos de repetibilidade e multi-característica incluíram para a P305 os efeitos fixos de grupo de contemporâneos composto por rebanho, ano e estação do parto, número de ordenhas (1 ou 2 ordenhas diárias) e o efeito linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto e os efeitos aleatórios de animal, ambiente permanente e residual, com exceção do efeito de ambiente permanente para o segundo modelo. No MRA, as análises tanto para a P305 quanto para a PLDC foram realizadas por meio de um modelo uni-característica de regressão aleatória, considerando os mesmos efeitos aleatórios e fixos dos modelos de repetibilidade e multi-característica. No entanto, para a PLDC o GC foi composto por rebanho, ano e mês do controle. Uma regressão ortogonal de terceira ordem foi usada para modelar a trajetória média da população e os efeitos genéticos aditivos e de ambiente permanente. O MRA considerando um polinômio de Legendre de terceira ordem para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente e uma função de variância de segunda ordem (3.3.fv2) foi o mais adequado para o ajuste das P305 no decorrer da idade ao parto. As herdabilidades estimadas para a P305 variaram conforme a idade da vaca ao parto, tanto pelo MRA de 0,16 (6 anos) a 0,23 (11 anos), quanto no modelo multi-característica, de 0,13 (6 anos) e 0,36 (4 anos). No modelo de repetibilidade, a

herdabilidade estimada foi de 0,20. As correlações genéticas e fenotípicas entre as P305 nas diferentes idades, estimadas pelo MRA, foram positivas e altas entre as produções em idades adjacentes e diminuíram com o distanciamento entre as idades. O aumento da intensidade de seleção diminuiu as correlações de ordem entre o ranking dos touros, de acordo com os valores genéticos para a P305 nas diferentes idades ao parto, preditos pelo MRA e de repetibilidade e para a P305 acumulada até os 8 anos de idade. No entanto, o aumento do número de filhas por touro e a sua distribuição melhorou consideravelmente as correlações. Para a PLDC, o modelo considerando um polinômio de Legendre de sexta ordem para o efeito genético aditivo e de quinta ordem para efeito de ambiente permanente e 6 classes de variâncias residuais (6.5.het6) foi o mais adequado para descrever a variação da produção de leite no decorrer da lactação. As estimativas de herdabilidades obtidas pelo modelo 6.5.het6 variaram de 0,18 (4<sup>a</sup> semana) a 0,44 (1<sup>a</sup> semana). Estimativas negativas e inesperadas de correlações genéticas foram observadas entre primeiro controle e os controles a partir da 6<sup>a</sup> semana, entre o segundo controle e os controles a partir da 8<sup>a</sup> semana de lactação e o terceiro controle e os controles da 9<sup>a</sup> semana de lactação, variando de -0,34 (1<sup>a</sup> com 4<sup>2</sup><sup>a</sup>) a -0,07 (2<sup>a</sup> com 8<sup>a</sup> semana).

**Palavras-chaves:** Bubalus bubalis, funções de covariância, polinômios ortogonais de Legendre

## **ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR MILK PRODUCTION IN BUFFALOES USING REPEATABILITY, MULTI-TRAIT AND RANDOM REGRESSION MODELS**

**ABSTRACT-** Genetic parameters were estimated for accumulated 305-day milk yields (P305) of 1,946 Murrah buffaloes in different ages of calving using repeatability, multi-trait and random regression models (RRM) and Spearman correlation among the breeding values for P305 in different ages of calving predicted using RRM and repeatability models and for accumulated P305 until 8 years old, considering different selective intensities, number of daughters and its distribution in herds. Were also estimated genetic parameters for first lactation test day milk yields (PLDC) of 1,433 Murrah buffaloes using RRM. repeatability and multi-trait models for the P305 included the fixed effects of contemporary group, composed by herd, year and season of calving, milking frequency (1 or 2), age at calving as covariable with linear and quadratic effect and animal, permanent environmental and residual random effects, with exception of the permanent environmental effect for the second model. In the RRM, the analyses for the P305 and PLDC were both achieved through a uni-trait model of random regression, included the same random effects and fixed effects of the repeatability and multi-trait models. However, for the PLDC the contemporary group was composed by herd, year and month of test. A third order regression on Legendre orthogonal polynomial of milk yields was used to model the population mean trend and the additive genetic and permanent environmental regressions. The RRM with a third order covariance function for genetic and permanent environmental effects and a second order variance function (3.3.fv2) was indicated as the best for P305. Heritability estimated for RRM to P305 ranges from 0.19 (6 years) to 0.23 (11 years) and for multi-trait ranged from 0.13 (6 years) to 0.36 (4 years). Heritability estimated for repeatability model was 0.20. Genetics and phenotypic correlation among the P305 in different ages of calving were positive and high between adjacent ages and decreased with distance between ages. The increase of selection intensity, decreased the Spearman correlation among rank of bull, according with breeding value to P305 in different ages of calving, predicted by RRM, repeatability model and accumulated P305 until 8 years old. However, number of

daughters increase per bulls and its distribution has improved considerably the correlations. The RRM with a sixty order covariance function for genetic, fifth order covariance function for permanent environmental effects and a step function with 6 heterogeneous variances (6.5.het6) was indicated for the PLDC as the best. Heritability estimated by 6.5.het6 model for the PLDC ranges from 0.18 (4<sup>th</sup> week) to 0.44 (1<sup>st</sup> week). Estimates of negative and unexpected genetic correlations were observed between the first control and the controls from the 6<sup>th</sup> week, between the second control and the controls from the 8<sup>th</sup> week of lactation and between the third control and the controls from the 9<sup>th</sup> week of lactation, ranging of 0.34 (1<sup>st</sup> with 42<sup>th</sup>) to -0.07 (2<sup>nd</sup> with 8<sup>th</sup> weeks).

**Keywords:** Bubalus bubalis, covariance functions, Legendre orthogonal polynomial

## CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS

Como conseqüência do maior interesse pela industrialização do leite para elaboração do queijo *mozzarella*, os bubalinos têm se tornado uma boa opção econômica e vêm conquistando maior espaço em nossa pecuária, deixando de ser vistos como contribuintes complementares para a produção de carne e leite (TONHATI et al., 1999).

A seleção para produção de leite tem-se baseado na produção acumulada em períodos parciais ou até os 305 dias de lactação (P305), tradicionalmente, estimada por meio de modelos de repetibilidade. Em geral, para o cálculo dessas produções os controles leiteiros são realizados em intervalos de 30 dias, em média. No caso do cálculo da P305, quando a lactação é curta ou incompleta, a produção é calculada por meio de fórmulas ou por meio de fatores de extensão, sendo a acurácia dependente da qualidade destes fatores e da quantidade de controles disponíveis durante a lactação.

Algumas abordagens metodológicas, entretanto, têm sido propostas para a modelagem de medidas repetidas ao longo do tempo, como a produção de leite. Tais modelos, denominados *Test-Day Models* (TDM), podem ser qualificados como de dimensão finita ou ordinários e de dimensão infinita, mais conhecidos como Modelos de Regressão Aleatória (MRA). Esses modelos permitem que os efeitos sistemáticos de meio que interferem na produção em cada medida sejam considerados, propiciando a utilização de critérios de seleção para a produção de leite como, por exemplo, a persistência da lactação (COBUCI et al., 2004; COBUCI et al., 2007). Além disso, permitem contornar outros problemas relacionados à adoção da P305, como a inclusão nas avaliações genéticas de animais cujas lactações estão em andamento e de animais cujas lactações têm perdas de controles leiteiros intermediários, aumentando, com isso, o número de informações e a acurácia na avaliação genética de animais jovens.

Apesar de vários estudos envolvendo os MRA, há ainda algumas questões a serem resolvidas para aplicar esses modelos em avaliações genéticas em larga escala, ou mesmo para propor critérios de seleção alternativos provenientes da aplicação dos parâmetros obtidos. Um dos problemas detectados na estimação de componentes de

variância está relacionado às estimativas de parâmetros genéticos implausíveis para pontos extremos da curva de lactação e/ou crescimento. Outra limitação dos MRA está relacionada à exigência de memória e tempo computacional, uma vez que os polinômios que são empregados para o ajuste dos dados possuem ordem elevada e o número de componentes a ser estimado é grande.

## **OBJETIVOS**

### *1. Geral*

Estimar componentes de variância e covariância para produção de leite de bubalinos utilizando modelos de repetibilidade, multi-característica e de regressão aleatória.

#### *1.1. Específicos*

Verificar se há mudança na variação genética e fenotípica para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação ao decorrer das idades e da produção de leite no dia do controle durante a primeira lactação.

Estimar as correlações de ordem entre as classificações dos touros, de acordo com os valores genéticos para produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação nas diferentes idades preditos pelo MRA e de repetibilidade e para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação até os oito anos de idade, considerando diferentes intensidades seletivas, número de filhas e sua distribuição nos rebanhos.

## **REVISÃO DE LITERATURA**

### *1. Modelos de Regressão Aleatória*

Segundo VAN der WERF & SCHAEFFER (1997) a característica produção de leite, por ser um exemplo típico de medida repetida, merece um tratamento estatístico especial uma vez que, o padrão de covariâncias entre medidas repetidas é bem estruturado e, para que se possam fazer inferências sobre este tipo de dados, é

importante modelar esta estrutura de covariâncias. Normalmente, para características como produção de leite, as correlações entre as medidas tomadas ao longo do tempo diminuem quando o espaço de tempo entre elas aumenta.

Em substituição aos modelos de repetibilidade, os modelos denominados *Test-Day Moldes* (TDM) podem ser definidos como procedimentos estatísticos que consideram todos os efeitos genéticos e ambientais específicos para cada medida, sem a necessidade de estender a lactação por meio de fatores de ajustamento para animais que não atingiram 305 dias de lactação. Além disso, o uso do TDM pode considerar a forma da curva de lactação, o efeito do número de dias em lactação, o efeito peculiar do dia do controle para todas as vacas e os efeitos específicos para cada vaca no dia do controle, tais como número de ordenhas, duração do período seco, duração do período de serviço anterior e corrente, prenhez e doenças (PTAK & SHAEFFER, 1993; SWALVE, 1995). Com esta metodologia também é possível avaliar os animais mais cedo, permitindo a seleção dos melhores animais para a reprodução no início da vida produtiva, possibilitando redução do intervalo de geração.

Os TDM são classificados como ordinários ou de dimensão finita (TDMO) e como Modelos de Regressão Aleatória (MRA) ou de dimensão infinita. Com os TDMO, as produções de leite no dia do controle (PLDC) e as produções acumuladas nas lactações podem ser analisadas pelos modelos multi-característica, em que as mesmas são consideradas como características distintas. No entanto, há um aumento das dificuldades computacionais na estimação dos componentes de covariância, devido ao elevado número de parâmetros estimados, além de que o modelo não faz pressuposição sobre a estrutura de covariâncias.

Os MRA, por outro lado, apresentam vantagens aos TDMO, permitindo o ajuste de curvas de lactação aleatórias para cada indivíduo, expressas como desvios de uma curva média da população ou de um grupo de indivíduos, utilizando polinômios ordinários ou outras funções lineares (SCHAEFFER & DEKKERS, 1994). Esses autores relatam ainda que a principal diferença entre os MRA e os modelos tradicionais é que as matrizes de delineamentos dos efeitos aleatórios conteriam covariáveis e não apenas zeros e uns, no entanto, o sistema de equação se torna mais denso, proporcionando algumas limitações computacionais.

As funções de covariâncias (FC) foram propostas por KIRKPATRICK et al. (1990) para análise de dados longitudinais, cujas medidas repetem-se no tempo, sendo as funções de covariância equivalentes às matrizes de covariância dos modelos multi-característica de dimensão finita. As FC permitem descrever mudanças graduais das covariâncias com o passar do tempo e, prever variâncias e covariâncias para pontos ao longo de uma trajetória, mesmo que haja pouca ou nenhuma informação entre os pontos (EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003). Desta forma, uma função de covariância pode ser decomposta em autofunções e autovalores, da mesma forma que uma matriz de covariâncias pode ser escrita em termos de seus autovetores e autovalores. Para cada autofunção existe um autovalor, que representa a proporção de variação total que ela explica.

Vários estudos têm sido realizados, aplicando os MRA na modelagem de dados que se repetem ao longo da vida do animal (PTAK e SCHAEFFER, 1993; JAMROZIK et al., 1997a e b; MEYER, 1998a e b; 1999, 2001 e 2002; OLORI et al., 1999; REKAYA et al., 1999; STRABEL & MISZTAL, 1999; KETTUNEN et al., 2000; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; COSTA et al., 2002; GUO et al., 2002; NOBRE, 2002; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; COBUCI et al., 2005; MELO et al., 2005; BIGNARDI et al., 2006; DIONELLO et al., 2006; EL FARO et al., 2007 em bovinos e TONHATI et al. (2001) e ARAÚJO et al. (2007) em bubalinos.

### *1.1. Produção de leite no dia do controle*

Resultados provenientes da estimação de parâmetros da produção de leite em bubalinos, aplicando MRA, são escassos, mostrando a necessidade de estudos para essa espécie. Assim, a maioria dos resultados apresentados é referente a estudos realizados com bovinos leiteiros.

Inicialmente, os estudos utilizando os MRA consideravam uma estrutura de variância homogênea para os resíduos, ou seja, um polinômio de primeira ordem contendo somente o intercepto, o que proporcionava superestimações das variâncias genéticas aditivas por toda a lactação, devido aos problemas de modelagem do ambiente permanente (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997; JAMROZIK et al., 1997).



Quando as variâncias residuais são consideradas heterogêneas para cada classe, há uma melhora na estimação dos componentes de variância, porém o número de parâmetros a ser estimado aumenta, podendo causar dificuldade na convergência, principalmente, em grandes conjuntos de dados. Assim, para obter MRA mais parcimoniosos, sem que haja perda na qualidade de ajuste dos efeitos aleatórios, estudos têm proposto a utilização de estruturas de variâncias residuais heterogêneas, modeladas por meio do agrupamento de classes que contenham variações semelhantes, com números reduzidos de classes de variâncias, ou por meio de funções de variâncias residuais, utilizando polinômios ortogonais de Legendre ou ordinários (OLORI et al., 1999; MEYER, 1999; BROTHERSTONE et al., 2000; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003).

Na maioria dos trabalhos são utilizados os MRA com base nos polinômios ortogonais de Legendre para estudar a estrutura de covariâncias para efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente (STRABEL & MISZTAL, 1999; OLORI et al., 1999; LUI et al., 2006; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; GUO et al., 2002; ARAÚJO et al., 2006; BIGNARDI et al., 2006; EL FARO et al., 2007) em bovinos e TONHATI et al. (2001) e ARAÚJO et al. (2007) em bubalinos.

### *1.1.1. Parâmetros genéticos*

#### *1.1.1.1. Herdabilidade*

Vários autores têm relatado em bovinos de diferentes raças que as estimativas de herdabilidade para as produções de leite no dia do controle (PLDC) obtidas por meio de MRA têm-se mostrado maiores no início e no final da lactação, ou seja, há maior variação genética aditiva no período inicial e no período final da lactação (JAMROZIK e SCHAEFFER, 1997; REKAYA et al., 1999; STRABEL e MISZTAL, 1999; KETTUNEN et al., 2000; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; DIONELLO et al., 2006). O menor número de observações encontrado nesses períodos, a dificuldade de modelar os efeitos fixos e aleatórios e, o fato de não haver pontos de referência para estes períodos, ou seja, anteriores ao primeiro controle e posteriores ao último, podem ser

explicações para as maiores estimativas de herdabilidade para as produções de leite no início e no final da lactação.

OLORI et al. (1999) ao utilizarem um modelo contendo uma regressão polinomial de quinta ordem, com 10 classes de variâncias residuais, obtiveram estimativas de herdabilidade para as PLDC de vacas da raça Holandesa variando de 0,22 a 0,52.

COSTA et al. (2002), trabalhando com registros de vacas da raça Gir, estimaram valores similares de herdabilidade ao comparar as funções paramétricas de WILMINK (1987) e ALI & SCHAEFFER (1987) em MRA. Os autores reportaram valores altos de herdabilidade para as PLDC no início da lactação (próximos a 0,74) e a diminuição desses valores até o final da lactação (próximos a 0,20). Já JAKOBSEN et al. (2002), relataram que as estimativas de herdabilidade para as PLDC foram superiores no período intermediário das lactações de vacas da raça Holandesa.

EL FARO & ALBUQUERQUE (2003) estimaram parâmetros genéticos para as PLDC de vacas da raça Caracu e modelaram o efeito genético aditivo e de ambiente permanente por meio de regressões polinomiais de Legendre cujas ordens variaram entre a quarta e sexta, com resíduos heterogêneos modelados por meio de classes ou função de variâncias. As herdabilidades foram de 0,10 a 0,16, sendo que o início e o final da lactação apresentaram-se mais herdáveis do que o meio da lactação. BIGNARDI et al. (2006) obtiveram estimativas de herdabilidade para as PLDC em vacas da raça Holandesa oscilando entre 0,20 a 0,42, com maiores estimativas no 1º controle e entre o 28º e o 40º controles.

Segundo ARAÚJO et al. (2006), os modelos que utilizaram os polinômios ortogonais de Legendre foram ligeiramente mais eficientes em descrever a variação genética das PLDC de vacas da raça Holandesa, minimizando a variância residual, quando comparados com os modelos em que foram utilizadas as funções de ALI & SCHAEFFER (1987) e a de WILMINK (1987). As estimativas de herdabilidade nos MRA usando polinômios ortogonais de Legendre variaram de 0,13 a 0,30 para as PLDC.

DIONELLO et al. (2006), analisando as lactações de vacas da raça Jersey por meio de MRA utilizando a função de WILMINK (1987), descreveram decréscimo da herdabilidade para as PLDC, de 0,81 a 0,20, ao longo da lactação. Os autores relataram que a contínua redução nas estimativas de herdabilidade foi devida ao

aumento da variância de ambiente permanente que promoveu o aumento da variância fenotípica e redução da contribuição proporcional da variância genética aditiva, que permaneceu praticamente constante ao longo da lactação.

Em bubalinos, TONHATI et al. (2001), utilizando dados de 368 lactações em um estudo inicial com MRA, obtiveram maiores estimativas de herdabilidade para as PLDC no 1º controle (0,67), sendo praticamente constante nos demais períodos, e decrescendo até o final da lactação (0,44). Os autores utilizaram os polinômios ortogonais de Legendre de quinta ordem para os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, com 10 classes de variâncias residuais.

#### *1.1.1.2. Correlação*

As estimativas de correlações genéticas diferentes de um entre as produções de leite no dia do controle (PLDC) pelo MRA comprovam a necessidade de se considerarem as medidas repetidas como características distintas. Segundo JAKOBSEN et al. (2002), EL FARO & ALBUQUERQUE, (2003), BIGNARDI et al. (2006), em rebanhos bovinos e TONHATI et al. (2001) em bubalinos, as correlações genéticas entre as PLDC têm sido elevadas e altas, quanto mais próximas as medidas e decrescem, gradativamente, com o aumento do intervalo entre as mesmas.

OLORI et al. (1999) relataram que tanto as correlações fenotípicas quanto as correlações genéticas entre as PLDC de vacas da raça Holandesa foram positivas e diminuíram com o aumento da distância entre os controles, quando as PLDC foram modeladas por regressão aleatória aplicando polinômios ortogonais de Legendre de segunda até quarta ordens para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente.

COSTA et al. (2002) obtiveram maiores correlações genéticas entre as PLDC de vacas da raça Gir quando utilizaram a função de WILMINK (1987) em relação à função logarítmica de ALI & SCHAEFFER (1987). Os autores relataram que em ambas as funções houve uma redução das estimativas de correlação genética com o aumento da distância entre os controles, e que estimativas negativas foram encontradas entre o início e o final da lactação.

EL FARO & ALBUQUERQUE (2003) reportaram que todas as correlações genéticas entre as PLDC de vacas da raça Holandesa, utilizando os polinômios de

Legendre com ordens entre a quarta e sexta, foram positivas e variaram de 0,15 a 0,99. ARAÚJO et al. (2006), estimaram independente da ordem de ajuste do polinômio de Legendre, correlações genéticas positivas e acima de 0,43 para as PLDC de vacas da raça Holandesa.

BIGNARDI et al. (2006), utilizando os polinômios ortogonais de Legendre em dados de vacas da raça Holandesa e DIONELLO et al. (2006), modelando os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente usando a função de WILMINK (1987) em rebanho Jersey, observaram correlações genéticas altas e próximas à unidade, entre as PLDC de controles adjacentes (meio da lactação), diminuindo com o aumento da distância entre os controles.

Em bubalinos, TONHATI et al. (2001), utilizando um MRA, aplicando polinômios ortogonais de Legendre de quinta ordem para os efeitos genéticos aditivo e de ambiente permanente, obtiveram correlações genéticas positivas e altas entre as PLDC, variando de 0,48 (1º e 10º controle) a 0,99 (5º e 6º controle), sendo maiores quanto mais próximos os controles.

### *1.2. Produção de leite acumulada na lactação*

Diversos estudos realizados na Índia relataram médias de produção de leite variando de 1.168,00 a 2.544,58 kg, para animais de diferentes raças. SATPAL-SINGH et al. (1990), analisando os dados de primeira lactação de 1.066 búfalas Murrah, relataram uma média para essa característica igual a  $1.964,00 \pm 38,6$  kg. Média ligeiramente inferior a esta foi reportada por SHABADE et al. (1993), sendo igual a  $1.392,21 \pm 112,63$  kg para a produção de leite na primeira lactação de búfalas dessa mesma raça. Para a raça Nili-Ravi, DUTT & YADAV (1988) relataram, para 699 registros das cinco primeiras lactações, a média de  $1.785,58 \pm 72,92$  kg de leite. No Brasil, MARQUES (1991) encontrou, para 1.586 registros de lactação das raças Jafarabadi, Mediterrâneo, Murrah e seus mestiços, em diversas regiões do país, a média de  $1.517,16 \pm 407,62$  kg de leite. Já VASCONCELLOS & TONHATI (1998), estudando 1.020 lactações de búfalas da raça Murrah, mostraram valor médio de produção de leite igual a  $1.496,20 \pm 605,72$  kg. Em estudo utilizando 3.604 animais da

raça Murrah, MALHADO et al. (2007) encontraram para a produção de leite na lactação média igual a  $1.863,50 \pm 682,40$  kg.

### *1.2.1. Parâmetros genéticos*

#### *1.2.1.1. Herdabilidade*

A produção de leite acumulada até os 305 dias (P305) em cada lactação pode ser caracterizada como medida longitudinal, podendo ser analisada por meio de MRA.

Alguns trabalhos já analisaram a produção de leite em diferentes lactações considerando-as como características distintas (ALBUQUERQUE et al., 1996; FREITAS et al., 2001; SESANA et al., 2006), entre outros. As herdabilidades foram diferentes em cada lactação, indicando a necessidade de usar análises multi-característica no lugar de modelos de repetibilidade.

Utilizando os polinômios ortogonais de Legendre em MRA, para estudar o comportamento das variâncias e covariâncias da produção de leite na lactação de vacas da raça Jersey, GUO et al. (2002) relataram que as herdabilidades foram praticamente constantes entre a primeira e quarta lactação, diminuindo, posteriormente, até a sétima lactação.

EL FARO et al. (2007) encontraram estimativas de herdabilidade para as produções de leite nas diferentes lactações em vacas da raça Gir, variando entre 0,19 (14 anos) e 0,31 (aos 3 e aos 4 anos), utilizando os polinômios ortogonais de Legendre em MRA, considerando um modelo quadrático com quatro classes de variâncias residuais.

Em bubalinos, ARAÚJO et al. (2007) utilizaram os polinômios ortogonais de Legendre, cujas ordens variaram entre a terceira e a quinta, para modelar os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente da produção de leite em diferentes idades. A estrutura de variâncias residuais foi considerada homogênea ou heterogênea, contendo até cinco classes distintas. As herdabilidades estimadas pelo melhor modelo, considerando o polinômio de ordem quatro para as variâncias genética aditiva e de ambiente permanente e quatro classes de resíduo, variaram de 0,08 a 0,40.

### 1.2.1.2. Correlação

GUO et al. (2002), utilizando polinômios ortogonais de Legendre em MRA, observaram que as estimativas de correlações genéticas entre as produções de leite nas diferentes lactações de vacas da raça Jersey foram positivas e diminuíram com o aumento da distância entre elas, em que o menor valor estimado foi entre a primeira e a sétima lactação (0,38).

El FARO et al. (2007) reportaram que as correlações genéticas entre as produções de leite de vacas da raça Gir nas diferentes idades, modeladas por meio de polinômios ortogonais de Legendre, considerando um modelo quadrático com quatro classes de variâncias residuais, foram altas e positivas, variando de 0,29 a 0,99 entre as idades adjacentes, diminuindo com o aumento da distância entre as idades.

Em bubalinos, ARAÚJO et al. (2007) reportaram que as correlações genéticas entre as produções de leite nas diferentes idades foram altas e positivas entre as idades adjacentes, diminuindo com o aumento da distância entre as idades. Os autores também obtiveram valores negativos entre as produções de leite da primeira e última idade.

### Referências bibliográficas

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

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

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

ARAÚJO, C. V.; TORRES, R. A.; COSTA, C. N. et al. 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, p.975-981, 2006.

ARAÚJO, C. V.; RAMOS, A. A.; ARAÚJO, S. I. et al. Buffalos milk yield analysis using random regression models. In: WORLD BUFFALO CONGRESS, 12, 2007, **Italia Journal Animal Science**, v.6, (Suppl. 2), p.279-282, 2007.

BIGNARDI, A. B., EI FARO, L.; CARDOSO, V. L. et al. 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, 1 CD-ROM.

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

COBUCI, J. A.; EUCLYDES, R. F.; COSTA, C. N. et al. Análises da persistência na lactação de vacas da raça Holandesa, usando produção no dia do controle e modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p.546-555, 2004.

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

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

COSTA, C. N.; MELO, C. M. R.; MACHADO, C. H. C. et al. Avaliação de funções polinomiais para ajuste da produção de leite no dia do controle de primeiras lactações

de vacas Gir com modelo de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, Recife, Pernambuco. **Anais...** Recife: SBZ, 2002. CD-ROM.

DIONELLO, N. J. L., SILVA, C. A. S., COSTA, C. N. et al. Estimação de parâmetros genéticos utilizando-se a produção de leite no dia do controle em primeiras lactações de vacas da raça Jersey. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1646-1652, 2006.

DUTT, G., YADAV, M. C. A genetic study of milk yield in Nili-ravi buffaloes. **Indian Veterinary Journal**, v.65, n.6, p.512-5, 1988.

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

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

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



JAKOBSEN, J. H.; MADSEN, P.; JENSEN, J. et al. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. **Journal of Dairy Science**, v.85, n.6, p.1607, 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, p.762– 770, 1997a.

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

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

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, P. 979-993, 1990.

LUI, Y. X.; ZHANG, J.; SCHAEFFER, L. R. et al. Short communication: Optimal random regression models for milk production in dairy cattle. **Journal Animal Science**, v.89, p.2233-2235, 2006.

MALHADO, C. H. M.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P. L. S. et al. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n.2, p.376-379, 2007.

MARQUES, J. R. F. **Avaliação genético-quantitativa de alguns grupamentos raciais de bubalinos (*Bubalus bubalis*, L)**. Botucatu, 1991. 134p.Tese (Doutorado em genética) Instituto de Biociências – UNESP.

MELO, C. M. R.; PACKER, I. U.; COSTA, C. N. et al. 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. **Genetic Selection Evolution**, v. 30, p.221-240, 1998a.

MEYER, K. Modeling 'repeated' records: covariance functions and random regression models to analyze animal breeding data. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6. 1998b, Armidale, **Proceedings..** Armidale, 1998b, v.25, p.517-520.

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

MEYER, K. Estimating genetic covariance functions assuming a parametric correlation structure for environmental effects. **Genetic Selection Evolution**, v.33, p.557-585, 2001.

MEYER, K. Estimative of covariance functions for growth of Australian beef cattle from a large set of field data. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier, 2002. I CD-ROM.

NOBRE, P. R. C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Genetic evaluation of growth in beef cattle with random regression model. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Toulouse. **Proceedings...** Toulouse, 2002. I CD-ROM.

OLORI, V. E.; HILL W. G.; MCGUIRK, B. J. et al. 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.

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

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.

SATPAL-SINGH et al. Inheritance of economic traits in Murrah buffaloes. *Haryana Agric. University Journal Research*, v.20, n.1, p.1-5, 1990.

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

SESANA, R. C., TONHATI, H., ALBUQUERQUE, L. G. et al. Estudo genético da produção de leite para diferentes ordens de parto em bubalinos leiteiros In: SIMPOSIO BÚFALOS DE LAS AMÉRICAS, 3, 2006, Medellín - Colômbia, **3 Simposio Búfalos de Las Américas**, 2006, CD-ROM.

SHABADE, N. S.; JAGTAP, D. Z.; BEHLE, N. D. Factors affecting production and production efficiency traits of first murrah buffaloes. **Indian Journal Animal Science**, v.63, n.11, p.1212-3, 1993.

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

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, p.2805-2810, 1999.

SWALVE, H. H. Genetic relationship between dairy lactation persistency and yield. **Journal Animal Breeding Genetics**, Hamburg, v.112, n.4, p.303-311, 1995.

VASCONCELLOS, B. F.; TONHATI, H. Genetic aspects of productive and reproductive traits in murrh buffaloes herd in São Paulo, Brasil, In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, Armidale, Austrália, **Proceedings...**Armidale, 1998, v.24, p.485-488.

TONHATI, H. et al. Melhoramento Genético em Bubalinos, programa Vale do Ribeira, SP. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 1, 1999, Uberaba. **Anais...** Uberada, SBMA, p.69-72, 1999.

TONHATI, H.; EL FARO, L.; MUNÓZ BERROCAL, M. H. et al. Estimación de parâmetros genéticos y fenotipicos para producción de leche de búfalas, usando modelos de regressión aleatória. 2. Heredabilidad y correlaciones. In: WORLD BUFFALO CONGRESS, 6, Caracas, Venezuela. *The Buffalo: An Alternative for Animal Agriculture in the third Millenium*. Caracas, 2001, v.1, p.336-341.

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

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

## **CAPITULO 2 – MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA, DE REPETIBILIDADE E MULTI-CARACTERÍSTICA PARA DESCREVER A VARIAÇÃO GENÉTICA DA PRODUÇÃO DE LEITE EM DIFERENTES PARTOS EM BUBALINOS**

**RESUMO:** Tradicionalmente, a seleção para produção de leite em bubalinos baseia-se no mérito genético para produção acumulada até 305 dias de lactação (P305), obtida por meio de modelos de repetibilidade. Com o objetivo de comparar diferentes modelos de regressão aleatória (MRA) com os modelos de repetibilidade e multi-característica para o estudo da variabilidade genética da P305 no decorrer das idades e de verificar as correlações de ordem entre as classificações dos touros, de acordo com os valores genéticos para a P305 nas diferentes idades preditos pelo MRA e de repetibilidade e para a P305 acumulada até os 8 anos de idade, considerando diferentes intensidades seletivas, número de filhas e sua distribuição nos rebanhos, foram analisadas 4.690 lactações de 1.946 de búfalas da raça Murrah, provenientes de 12 rebanhos do interior do estado de São Paulo, com partos registrados no período de 1985 a 2005. Para os modelos de repetibilidade e multi-característica foram incluídos como efeitos aleatórios, o genético aditivo, o de ambiente permanente e o residual, com exceção do efeito de ambiente permanente para o segundo modelo. Como efeitos fixos foram considerados o grupo de contemporâneos (rebanho-ano-estação de parto), o número de ordenhas (1 ou 2 ordenhas diárias) e o efeito linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto (2 a 11 anos). Para o MRA, em que as análises foram realizadas por meio de um modelo uni-característica de regressão aleatória, considerou-se os mesmos efeitos aleatórios e fixos dos modelos de repetibilidade e multi-característica, além do efeito fixo da trajetória média da população. Esta foi modelada por meio de polinômios ortogonais de Legendre de terceira ordem. Foram testados 14 diferentes modelos de regressão aleatória, quanto à estrutura de variâncias residuais e quanto à ordem das funções de covariância para ajuste dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente. As variâncias residuais foram consideradas por meio de funções de variâncias utilizando polinômios ordinários de segunda a sexta ordem ou por meio de classes de variâncias, contendo 1, 5, 7 e 10 variâncias. Os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de

regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre, com ordens variando de três a seis. O modelo considerando um polinômio de Legendre de terceira ordem para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente e 6 classes de variâncias residuais (3.3.het6) foi o que proporcionou melhor ajuste, de acordo com o critério de informação de Aikake (AIC). Entretanto, de acordo com o critério Bayesiano de Schwarz (BIC), que penaliza mais rigorosamente os modelos com maior número de parâmetros, o modelo considerando um polinômio de Legendre de terceira ordem para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente e uma função de variância de segunda ordem (3.3.fv2) foi o mais adequado para o ajuste aos dados. As herdabilidades estimadas variaram conforme a idade da vaca ao parto, tanto pelo MRA de 0,16 (6 anos) a 0,23 (11 anos), quanto no modelo multi-característica, de 0,13 (6 anos) e 0,36 (4 anos). No modelo de repetibilidade, a herdabilidade estimada foi de 0,20. As correlações genéticas e fenotípicas entre as P305 nas diferentes idades, estimadas pelo MRA, foram positivas e altas entre as produções em idades adjacentes e diminuíram com o distanciamento entre as idades. O aumento da intensidade de seleção diminuiu as correlações de ordem entre o ranking dos touros, de acordo com os valores genéticos para a P305 nas diferentes idades, preditos pelo MRA e de repetibilidade e para a P305 acumulada até os 8 anos de idade. No entanto, o aumento do número de filhas por touro e a sua distribuição melhorou consideravelmente as correlações.

**Palavras-chaves:** *Bubalus bubalis*, polinômios ortogonais de Legendre, parâmetros genéticos

## **Introdução**

A seleção para produção de leite em bubalinos baseia-se no mérito genético para produção acumulada até 305 dias de lactação (P305), obtida por meio de modelos de repetibilidade (MALHADO et al., 2007; TONHATI et al., 2007). Esses modelos admitem que as lactações são expressões de uma mesma característica, ou seja, as correlações genéticas entre as P305 nas diferentes lactações são consideradas iguais à

unidade. Portanto, todas as covariâncias genéticas e fenotípicas entre as diferentes medidas são de mesma magnitude, o que não ocorre na realidade.

A P305 em cada lactação também pode ser analisada por meio de modelos multi-característica, nos quais a produção em cada lactação é assumida como uma característica diferente. Alguns autores encontraram correlações genéticas positivas e moderadas, variando de 0,38 a 0,56 (MEYER, 1984; ALBUQUERQUE et al., 1996) e altas, de 0,82 a 1,00 (FREITAS et al., 2001) entre as produções de leite nas três primeiras lactações em bovinos e de 0,89 a 1,00 em bubalinos (SESANA et al., 2006). As herdabilidades para as produções de leite nas três primeiras lactações variaram de 0,16 a 0,41 em diferentes populações bovinas (MEYER, 1984; ALBUQUERQUE et al., 1996; FREITAS et al., 2001) e de 0,10 a 0,18 em bubalinas (SESANA et al., 2006).

Atualmente, os Modelos de Regressão Aleatória (MRA) são utilizados para o ajuste de dados longitudinais, ou seja, dados que se repetem no decorrer da vida do animal ou de um determinado período. SCHAEFFER (2004) mencionou que os MRA já foram utilizados para análise de características como peso, conformação, crescimento, consumo alimentar, espessura de gordura em diferentes pesos, produção de leite no dia do controle, dias para o parto.

Os MRA permitem a estimação de parâmetros e a predição de valores genéticos para qualquer ponto dentro do intervalo em que as medidas foram tomadas, além do ajuste das curvas de lactação aleatórias para cada indivíduo, expressas como desvios de uma curva média da população ou de grupos de indivíduos. Ao se ajustar um MRA, assume-se, implicitamente, certa estrutura de covariâncias entre as observações, e esta é determinada pelas covariâncias entre os coeficientes de regressão, podendo ser caracterizada como uma função de covariâncias (MEYER, 1998). Dentro deste contexto, os MRA podem ser utilizados na predição de valores genéticos para a curva da vida produtiva das fêmeas, a qual está diretamente ligada à produção de leite e ao bom desempenho reprodutivo.

Os objetivos do presente trabalho foram comparar diferentes modelos de regressão aleatória com os modelos de repetibilidade e multi-característica para o estudo da variabilidade genética da produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação de búfalas no decorrer das idades e verificar as correlações de ordem entre as

classificações dos touros, de acordo com os valores genéticos para a produção de leite acumulada até os 305 dias em diferentes idades preditos pelo MRA e de repetibilidade e para a produção de leite acumulada até os 305 dias até os 8 anos de idade, considerando diferentes intensidades seletivas, número de filhas e sua distribuição nos rebanhos.

## **Material e Métodos**

Foram analisadas 4.690 lactações de 1.946 búfalas da raça Murrah, filhas de 140 reprodutores, provenientes de 12 rebanhos do interior do estado de São Paulo, com partos registrados no período de 1985 a 2005. As lactações foram truncadas aos 305 dias, uma vez que apenas 16% das fêmeas apresentaram duração de lactação superior a este período. Para o truncamento das lactações foi considerada uma média entre as produções de leite do último controle antes dos 305 dias e do primeiro controle após os 305 dias, sendo este inferior a 335 dias de lactação. As produções de leite foram obtidas a partir do 5º dia de produção, sendo o primeiro controle considerado até o 75º dia após o parto. As lactações com durações menores que 90 dias foram excluídas do arquivo de dados. As idades ao parto foram consideradas de 2 até os 11 anos. Foram criadas duas estações de parto, sendo a estação 1, de outubro a março, e a estação 2, de abril a setembro. Os grupos de contemporâneos foram definidos como rebanho-ano-estação de parto, com a restrição de que cada grupo deveria conter, no mínimo, três animais. Em todas as análises foi utilizado um arquivo de pedigree, com 2.810 animais na matriz de parentesco.

Para o modelo multi-característica, a P305 nas diferentes idades foi analisada em análise bi-característica (duas a duas) e, devido ao pequeno número de observações em determinadas idades e à obtenção de correlações genéticas negativas entre as mesmas, as idades foram agrupadas da seguinte forma: 2-3, 4, 5, 6, 7 e 8-9-10-11 anos. No entanto, na análise foi considerada somente a primeira lactação por animal dentro da classe de idade.

Para o modelo de repetibilidade, foram incluídos como efeitos aleatórios, o genético aditivo, o de ambiente permanente e o residual. Como efeitos fixos foram considerados o grupo de contemporâneos, o número de ordenhas (1 ou 2 ordenhas



diárias), além da covariável idade da vaca ao parto (regressão linear e quadrática). O modelo multi-característica incluiu os mesmos efeitos que o de repetibilidade, com exceção do efeito de ambiente permanente, por considerar as produções de leite nas diferentes idades como características distintas. Os componentes de variância foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita, usando um algoritmo livre de derivadas, disponível no pacote MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995). O critério de convergência admitido foi de  $10^{-9}$ .

Para a regressão aleatória, foram testados 14 diferentes modelos, quanto à estrutura de variâncias residuais e quanto à ordem das funções para ajuste dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente. As variâncias residuais foram consideradas por meio de funções de variâncias utilizando polinômios ordinários de segunda a sexta ordem ou por meio de classes de variâncias, contendo 1, 5, 7 e 10 variâncias. Para o modelo que continha 5 classes de variâncias, as idades foram agrupadas aos 2, 3, 4-8, 9 e 10-11 anos de idade e para o modelo que continha 7 classes de variâncias as idades foram agrupadas aos 2, 3, 4, 5, 6-8, 9 e 10-11 anos. As análises foram realizadas por meio de um modelo uni-característica de regressão aleatória 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:  $y_{ij}$  = produção de leite da  $i$ -ésima idade, pertencente ao  $j$ -ésimo animal;  $F$  = conjunto de efeitos fixos, o grupo de contemporâneos, o número de ordenhas (1 ou 2 ordenhas diárias) e a covariável idade da vaca ao parto (regressão linear e quadrática);  $\beta_m$  = conjunto de  $m$  regressores fixos para a curva média da população;  $\phi_m(t_i)$  = função de regressão de ordem  $k_b$ , que descreve a curva média da população de acordo com a idade ( $t_i$ ) (modelada por meio de polinômios ortogonais de Legendre de terceira ordem);  $\phi_m(t_{ij})$  = funções de regressão, que descrevem as trajetórias de cada indivíduo  $j$ , de acordo com a idade ( $t_i$ ), para os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente;  $\alpha_{jm}$  e  $\gamma_{jm}$  = são os  $m$  regressores aleatórios

genéticos aditivos e de ambiente permanente, respectivamente para cada animal  $j$ ;  $k_b, k_a, k_{ap}$  = são as ordens dos polinômios para descrever a curva média e os efeitos genético aditivo e permanente de ambiente, respectivamente;  $e_{ij}$  = erro aleatório associado a cada idade  $i$  do animal  $j$ ;

Os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre, com ordens variando de três a seis. O número de parâmetros estimados para cada modelo, além das variâncias residuais foi de  $k(k+1)/2$  coeficientes para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, em que  $k$  é a ordem da função de regressão usada.

Na forma matricial, o modelo de regressão aleatória pode ser representado por:

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

em que:  $\mathbf{y}$  = vetor das  $N$  observações, medidas em  $N_d$  animais;  $\mathbf{b}$  = o vetor de efeitos fixos;  $\mathbf{a}$  = o vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo;  $\mathbf{ap}$  = o vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios de ambiente permanente;  $\mathbf{X}, \mathbf{Z}, \mathbf{W}$  = matrizes de incidência para os efeitos fixos, aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente;  $\mathbf{e}$  = o vetor dos  $N$  diferentes resíduos.

A dimensão do vetor  $\mathbf{a}$  é de  $k_a \times N_a$  coeficientes, em que  $k_a$  representa a ordem do polinômio,  $N_a$ , o número de animais na matriz de parentesco. O vetor  $\mathbf{ap}$  tem dimensão de  $k_{ap} \times N_d$  coeficientes, em que  $k_{ap}$  representa a ordem do polinômio e  $N_d$ , o número de animais com registros.

As pressuposições em relação aos componentes são:

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

$$\mathbf{V}(\mathbf{a}) = \mathbf{K}_a \otimes \mathbf{A};$$

$$\mathbf{V}(\mathbf{ap}) = \mathbf{K}_{ap} \otimes \mathbf{I}_{N_d};$$

$$\mathbf{V}(\mathbf{e}) = \mathbf{R};$$

em que:  $\mathbf{K}_a$  e  $\mathbf{K}_{ap}$  são as matrizes de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente;  $\mathbf{A}$  é a matriz de parentesco entre os indivíduos;  $\mathbf{I}_{N_d}$  é a matriz de identidade de dimensão  $N_d$ ;  $\otimes$  é o produto de Kroeneker entre matrizes;  $\mathbf{R}$  representa uma matriz bloco diagonal, contendo as variâncias residuais, assumiu-se independência entre os resíduos.

Dado o modelo de Regressão Aleatória e as pressuposições associadas aos momentos, as Equações de Modelos Mistos são:

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

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos dos modelos foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando a opção DXMRR do pacote estatístico DFREML (MEYER, 1998).

Quando se utilizou função de variâncias, as variâncias residuais foram estimadas por meio da seguinte equação:

$$\sigma_{ei}^2 = \sigma_{e0}^2 \left( 1 + \sum_{r=1}^q b_r t_{ij}^r \right)$$

em que:  $\sigma_{ei}^2$  é a variância da  $j^{\text{ésima}}$  idade,  $\sigma_{e0}^2$  corresponde à variância do intercepto,  $b_r$  são os  $r$  coeficientes de regressão da função de variância de ordem  $q$  e  $t_{ij}$  são as idades.

A comparação entre os modelos aninhados foi efetuada por meio do teste da razão de verossimilhança (LRT). Além do LRT, foram utilizados como referência os

critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) (WOLFINGER, 1993) e o exame das variâncias e correlações estimadas para a produção de leite nas diferentes idades. Os testes de AIC e BIC permitem uma comparação entre os modelos não aninhados e penalizam aqueles com maior número de parâmetros, sendo que o BIC atribui uma penalidade mais rigorosa.

Os critérios de informação são calculados como:

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

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

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

A citação dos MRA segue o padrão:  $k_a.k_{ap}.fvx$ ,  $k_a.k_{ap}.hety$  ou  $k_a.k_{ap}.hom$ , referindo-se à ordem da função de covariâncias para os efeitos genético aditivos ( $k_a$ ) e de ambiente permanente ( $k_{ap}$ ) e à estrutura de variâncias residuais, modelada por uma função de ordem ( $x$ ), ou por classes de variâncias ( $het$ ), em que ( $y$ ) é o número de classes de variâncias ou homogeneidade de variância ( $hom$ ).

Os valores genéticos dos animais para a P305 nas diferentes idades pelo MRA foram preditos por meio da somatória dos valores genéticos referentes ao número de coeficientes de regressão aleatórios da função. O cálculo desses valores genéticos para cada animal baseou-se na seguinte equação:

$$VG_{(ij)} = VG_{0(j)} + VG_{1(j)} X_{(i)} + VG_{m(j)} X_{(i)}^m$$

em que:  $VG_{0(j)}$  a  $VG_{m(j)}$  são os valores genéticos do intercepto até o  $m$ -ésimo coeficiente de regressão, dada a ordem da função de covariâncias usada para descrever o efeito genético aditivo, pertencentes ao  $j$ -ésimo animal, e  $X_{(i)}$ , a  $i$ -ésima idade padronizada para o intervalo  $-1$  a  $1$ .

A padronização das idades foi feita de acordo com a fórmula citada por KIRKPATRICK et al. (1990):

$$X_{(i)} = [ 2(ID_{(i)} - ID_{(min)}) / (ID_{(max)} - ID_{(min)}) ] - 1$$

em que:  $ID_{(i)}$  é a  $i$ -ésima idade,  $ID_{(min)}$ , a menor idade, e  $ID_{(max)}$ , a maior idade.

Para este conjunto de dados também foi estimada, para cada animal, o valor genético para a P305 acumulada até os 8 anos de idade (PL), representada pela somatória dos valores genéticos para a P305 em cada idade.

A comparação dos animais coincidentes, de acordo com os valores genéticos preditos para a P305 nas diferentes idades pelo MRA e de repetibilidade e para a PL, foi realizada pela correlação de ordem, usando a correlação de Spearman (SAS, 1992), considerando diferentes intensidades seletivas, número de filhas e sua distribuição nos rebanhos. Apesar de, inicialmente, o arquivo de dados conter 140 reprodutores, os animais desconectados foram eliminados do arquivo, restando 120 reprodutores. O ranking dos 10% melhores touros selecionados pelo modelo de repetibilidade foi comparado com a classificação dos mesmos, de acordo com os modelos de regressão aleatória e multi-catacterística.

## **Resultados e Discussão**

A média geral observada para a produção de leite na lactação foi de  $1.737,52 \pm 696$  kg, próxima à descrita por MALHADO et al. (2007) e superior à encontrada por VASCONCELLOS & TONHATI (1998) e TONHATI et al. (2000) no Brasil. Na Tabela 1, observa-se que houve um aumento da produção da primeira (2 anos) até a última lactação (11 anos), o que pode ser explicado pelo fato de que apenas as melhores fêmeas podem ter permanecido por mais tempo nos rebanhos, confirmado pelo número reduzido de observações nas últimas classes. O número médio de partos/vaca foi de 2,4, com um intervalo médio entre partos de 494,31 dias.

Tabela 1. Idades ao parto, número de observações, médias, desvios-padrão (DP) e coeficientes de variação (CV%) para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação.

Idades ao parto (anos)	Número de observações	Produção de leite (kg)		
		Média	DP	CV (%)
2	117	1.340,40	518,60	38,69
3	1247	1.534,96	573,66	37,37
4	944	1.732,87	668,30	38,57
5	693	1.763,09	704,64	39,97
6	507	1.829,93	758,47	41,45
7	374	1.882,02	751,88	39,95
8	285	1.939,73	703,56	36,27
9	218	1.983,19	764,81	38,56
10	147	1.914,44	701,59	36,65
11	158	2.039,04	790,54	38,77

O resumo das análises para os diferentes MRA com os valores do logaritmo da função de verossimilhança (Log L), o critério de informação de Akaike (AIC) e o Bayesiano de Schwarz (BIC) estão apresentados na Tabela 2.

Tabela 2. Ordem do polinômio para efeitos genético aditivo ( $k_a$ ) e de ambiente permanente ( $k_p$ ), resíduo (e) com funções de variâncias (fv), classes de variâncias (het) e homogeneidade de variância (hom), número de parâmetros (P), log da função de verossimilhança (2Log L, +29.000) e critérios de informação de Akaike (AIC, -59.000) e Bayesiano de Schwarz (BIC, -59.000) e teste da razão de verossimilhança (LRT).

Modelo	Ordem do polinômio			P	2Log L	AIC	BIC	LRT <sup>a</sup>
	$k_a$	$k_p$	e					
Função de variância								
1	3	3	fv2	15	-854,71	739,42	<b>836,22</b>	(2-1) 3,34 <sup>ns</sup>
2	3	3	fv3	16	-851,37	734,74	837,99	(3-2) 0,71 <sup>ns</sup>
3	3	3	fv4	17	-850,66	735,32	845,02	(4-3) 0,92 <sup>ns</sup>
4	3	3	fv5	18	-849,74	735,48	851,64	(5-4) 0,05 <sup>ns</sup>
5	3	3	fv6	19	-849,69	773,39	860,00	
Classe de variância								
6	3	3	hom	13	-873,92	773,83	857,72	(7-6) 24,2**
7	3	3	het5	17	-849,66	733,31	843,02	(8-7) 2,27 <sup>ns</sup>
8	3	3	het7	19	-847,39	<b>732,78</b>	855,39	-
9	3	3	het10	22	-847,55			
10	3	4	het5	21	-848,88	739,75	875,27	(11-10) 3,7 <sup>ns</sup>
11	3	5	het5	26	-845,11	742,21	909,99	(12-11) 1,1**
12	3	6	het5	32	-843,99	751,98	958,48	-
13	4	5	het5	30	-843,37	746,75	940,34	(14-13) 4,1 <sup>ns</sup>
14	4	6	het5	36	-839,22	750,45	982,76	-

<sup>a</sup> Teste de razão de verossimilhança entre os modelos aninhados; \*\*:  $P < (0,01)$ ; <sup>ns</sup>: não significativo. Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em AIC e BIC.

O valor da função de máxima verossimilhança para os modelos estudados indicou que o aumento da ordem das funções de covariância (FC) para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente e do número de variâncias residuais proporcionou melhoria no Log L. Dentre os modelos aninhados, o teste da razão de verossimilhança (LRT) indicou que para as funções de variâncias (fv), a melhor estrutura para os resíduos seria fv2 enquanto que para as classes de variâncias, 5 classes seriam suficientes. No entanto, os testes AIC e BIC favoreceram os modelos com menores ordens para as FC. O modelo de classe de variâncias residuais, 3.3.het7 foi o que proporcionou melhor ajuste, de acordo com o AIC, entretanto, de acordo BIC, que penaliza mais rigorosamente os modelos com maior número de parâmetros, o modelo contendo uma função de variância residual de segunda ordem (3.3.fv2) foi o

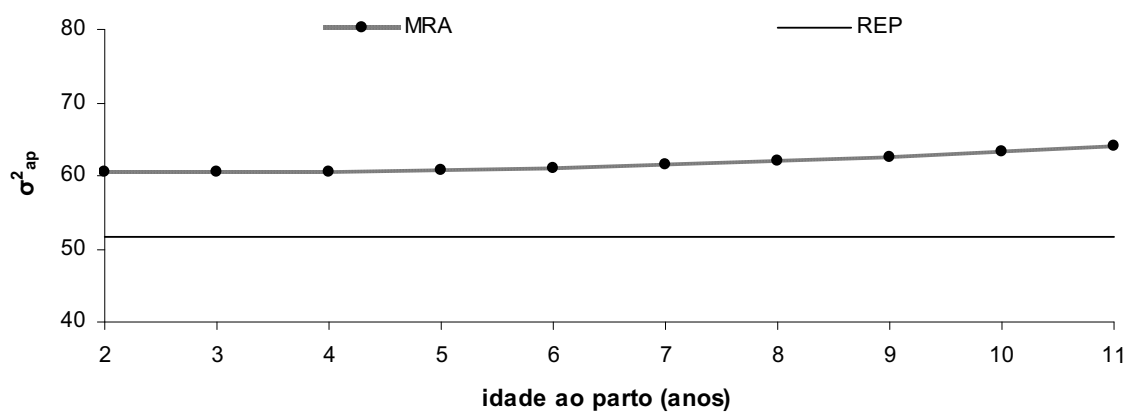
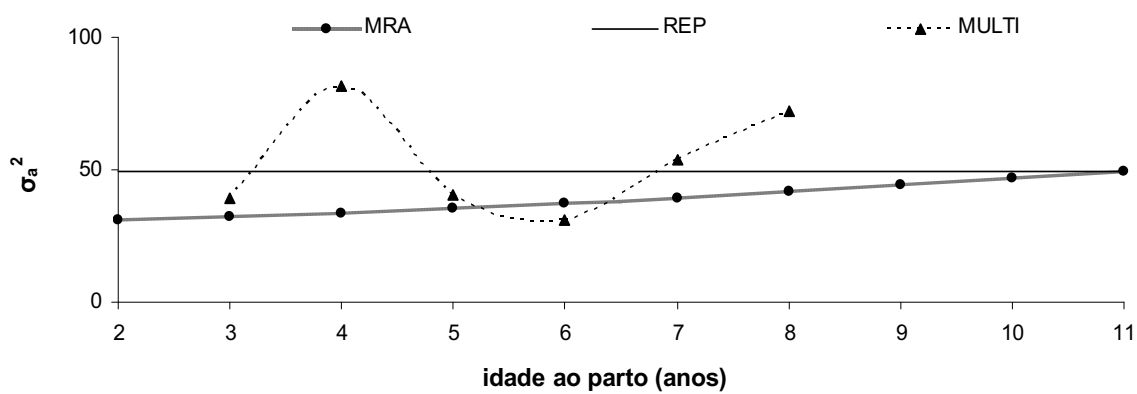
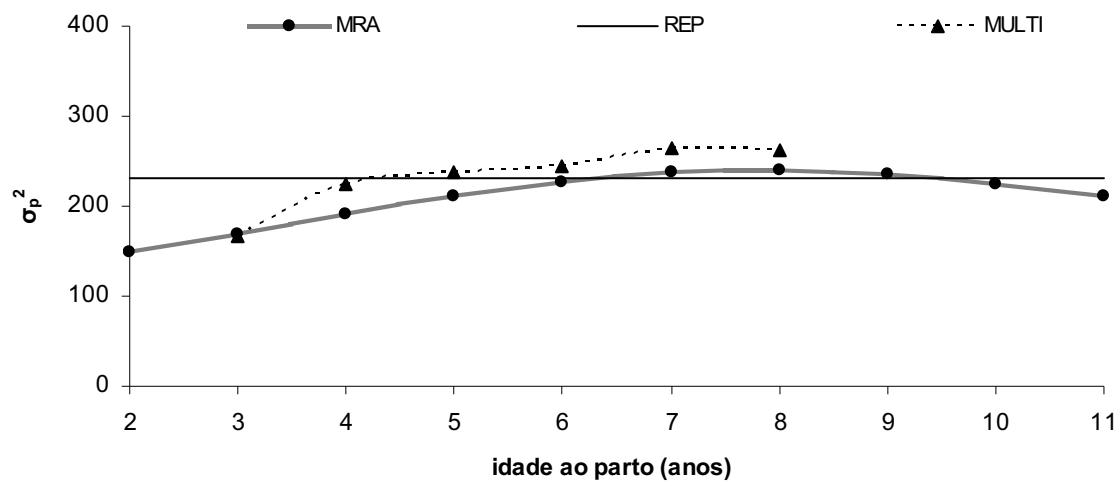
mais adequado para o ajuste aos dados, indicando que a melhoria no Log L não foi tão substancial.

O modelo contendo homogeneidade de variâncias residuais (hom) promoveu um ajuste inferior em relação aos demais modelos, de acordo com o Log L, indicando que as variâncias tiveram comportamento diferenciado no decorrer da idade e que por isso, há a necessidade de se considerar uma estrutura de variâncias heterogênea para o resíduo.

O modelo 9, contendo 10 classes de variâncias residuais (3.3.het10) não proporcionou melhorias no Log L, o que pode indicar problemas de convergência.

As variâncias fenotípicas ( $\sigma_p^2$ ), genéticas aditivas ( $\sigma_a^2$ ), de ambiente permanente ( $\sigma_{ap}^2$ ) e residuais ( $\sigma_e^2$  para o MRA e de repetibilidade ou  $\sigma_e^2 + \sigma_{ap}^2$  para o multi-característica), estimadas para a P305 nas diferentes idades pelo melhor modelo de regressão aleatória (3.3.fv2) e pelos modelos de repetibilidade (REP) e multi-característica (MULTI), são apresentadas na Figura 1.





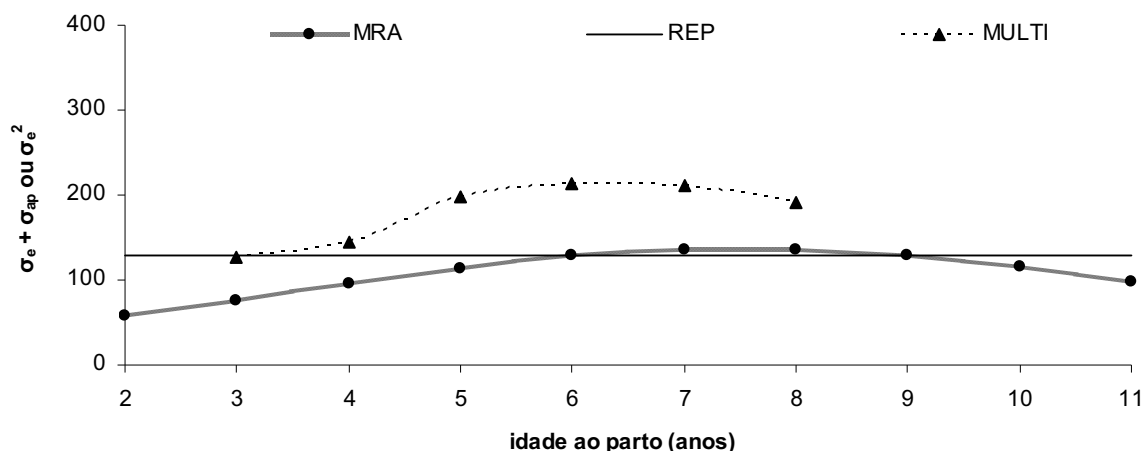


Figura 1. Variâncias fenotípicas ( $\sigma_p^2/1000$ ), genéticas ( $\sigma_a^2/1000$ ), de ambiente permanente ( $\sigma_{ap}^2/1000$ ) e residuais ( $\sigma_e^2/1000$  para o MRA e de repetibilidade ou  $(\sigma_e^2 + \sigma_{ap}^2)/1000$  para o multi-características), estimadas para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação, de acordo com os modelos de regressão aleatória (MRA), de repetibilidade (REP) e multi-característica (MULTI), em função da idade ao parto.

As variâncias fenotípicas obtidas pelo MRA e pelo multi-característica foram próximas e apresentaram a mesma tendência. Houve um aumento das variâncias ao longo das idades, e um decréscimo após os 8 anos no MRA e após os 7 anos no modelo multi-característica. Para o MRA as variâncias genéticas aumentaram no decorrer das idades, ao contrário do multi-característica, em que a variância genética mostrou oscilações. As variâncias de ambiente permanente tiveram um pequeno aumento durante as lactações, o que pode indicar que as ocorrências na primeira lactação afetaram de maneira permanente a capacidade produtiva dos animais. Com relação às variâncias residuais, elas aumentaram no decorrer das idades, com decréscimo após os 8 anos no MRA e após os 7 anos no multi-característica. Observa-se, principalmente que as variâncias aditivas e residuais tenderam a ser menores para o MRA do que para os modelos de repetibilidade e multi-característica.

As herdabilidades para a P305 estimadas pelo MRA variaram em função da idade ao parto de 0,16 (6 anos) a 0,23 (11 anos), e de 0,13 (6 anos) e 0,36 (4 anos) no modelo multi-característica (Figura 2). Esses valores são próximos aos obtidos por ALBUQUERQUE et al. (1996), em rebanhos da raça Holandesa nos Estados Unidos e

por SESANA et al. (2006), utilizando registros das três primeiras lactações de búfalas em análise multi-característica.

No MRA, as herdabilidades para a P305 foram menores nas idades intermediárias, entre os 5 e 8 anos, com maiores estimativas na primeira lactação, aos 2 anos e na última lactação, aos 11 anos (Figura 2). Provavelmente, as explicações para as maiores estimativas de herdabilidade no início e no final das idades seria o menor número de observações encontrado nesses períodos, a dificuldade de modelar os efeitos fixos e aleatórios e, o fato de não haver pontos de referência para estes períodos, ou seja, anteriores a primeira idade e posteriores a última. Nas demais idades, as herdabilidades foram iguais ou inferiores à estimada pelo modelo de repetibilidade (0,20). Essa tendência foi semelhante à relatada por GUO et al. (2002) em vacas da raça Jersey, em que a herdabilidade para a produção de leite na lactação diminuiu do quarto até o sétimo parto, exceto para os primeiros partos, em que permaneceu praticamente constante. EL FARO et al. (2007), encontraram estimativas diferentes em vacas da raça Gir, em que as herdabilidades variaram de 0,19 (14 anos) e 0,31 (aos 3 e aos 4 anos). ARAÚJO et al. (2007), utilizando diferentes lactações de búfalas, obtiveram aumento das estimativas de herdabilidade para produção de leite na lactação entre os 3 e 5 anos, com decréscimo, posteriormente, até 15 anos e aumento novamente aos 16 anos. Segundo os autores, uma explicação para este comportamento seria a diminuição do número de animais com partos em idades mais avançadas.

As estimativas de herdabilidade, obtidas por modelo multi-característica, tiveram uma variação maior, com tendência a superestimar ou subestimar as herdabilidades para a P305 em diferentes idades, possivelmente devido ao pequeno número de observações em cada idade. Isso pode sugerir que para esse conjunto de dados, a aplicação desses modelos seria inadequada.

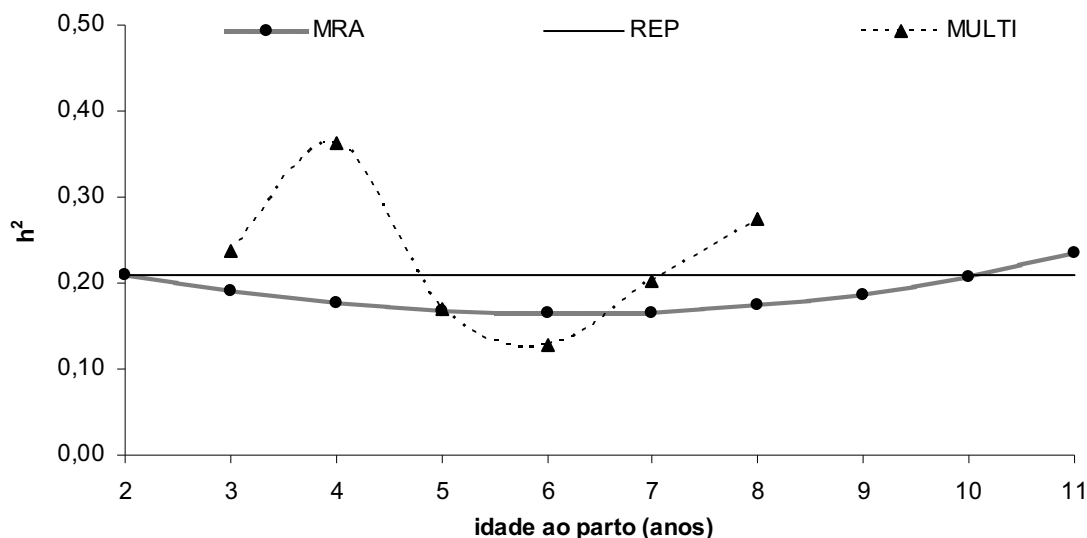


Figura 2. Estimativas de herdabilidade para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação nas diferentes idades, de acordo com os modelos de regressão aleatória (MRA), de repetibilidade (REP) e multi-característica (MULTI).

As estimativas das correlações fenotípicas, obtidas para o MRA, variaram de 0,43 a 0,58, com maiores valores entre as P305 em idades adjacentes e menores entre as primeiras e últimas idades. As correlações genéticas variaram de 0,83 a 1,00, sendo altas entre as P305 em idades adjacentes e diminuindo com o distanciamento entre as lactações (Tabela 3). Estas estimativas forneceram indícios de que a P305 nas primeiras lactações seria melhor critério de seleção e que existem genes influenciando diretamente as produções nas diferentes idades. Comportamento semelhante foi observado por GUO et al. (2002) e EL FARO et al. (2007), em vacas da raça Gir. Entretanto, ARAÚJO et al. (2007), relataram correlações baixas e negativas, entre as produções de leite da primeira e das últimas lactações em búfalas. Segundo os autores, a obtenção de valores negativos foi devida, provavelmente, ao pequeno número de animais com idade avançada.

Apesar de algumas estimativas elevadas e próximas de um entre as P305 nas diferentes idades, a obtenção de correlações genéticas diferentes de um comprova a necessidade de considerá-las como características distintas.

Tabela 3. Estimativas de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação em função das diferentes idades ao parto (2 a 11 anos), para o modelo de regressão aleatória (3.3.fv2).

	ID2	ID3	ID4	ID5	ID6	ID7	ID8	ID9	ID10	ID11
ID2		1,00	0,99	0,97	0,95	0,93	0,91	0,88	0,86	0,83
ID3	0,58		1,00	0,99	0,97	0,96	0,94	0,92	0,90	0,88
ID4	0,55	0,52		1,00	0,99	0,98	0,96	0,95	0,93	0,91
ID5	0,52	0,50	0,47		1,00	0,99	0,98	0,97	0,96	0,94
ID6	0,50	0,48	0,46	0,44		1,00	0,99	0,98	0,97	0,96
ID7	0,48	0,47	0,45	0,44	0,43		1,00	0,99	0,99	0,98
ID8	0,48	0,46	0,45	0,44	0,43	0,43		1,00	0,99	0,99
ID9	0,48	0,46	0,45	0,44	0,44	0,44	0,44		1,00	1,00
ID10	0,48	0,47	0,46	0,45	0,45	0,45	0,46	0,47		1,00
ID11	0,49	0,48	0,47	0,47	0,46	0,47	0,48	0,49	0,51	

As duas principais autofunções para o efeito genético aditivo, referente ao MRA, são apresentadas na Figura 3. Autofunções são funções contínuas, cujos 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 proporção de variação total que esta explica.

Os dois autovalores principais da matriz dos coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético aditivo do modelo 3.3.fv2 foram responsáveis por praticamente 100% da variação total, sendo o primeiro responsável por 89% desta variação. A primeira autofunção não apresentou grandes mudanças no decorrer das idades, indicando que a maior parte da variação genética existente é explicada por um fator que é praticamente constante em todas as idades e que a seleção baseada nesse fator proporcionaria ganhos nas produções nos diferentes partos. A segunda autofunção, embora associada a uma baixa variação (11%) sugere a existência de fatores que apresentaram efeitos contrastantes entre as produções em idades iniciais e finais.

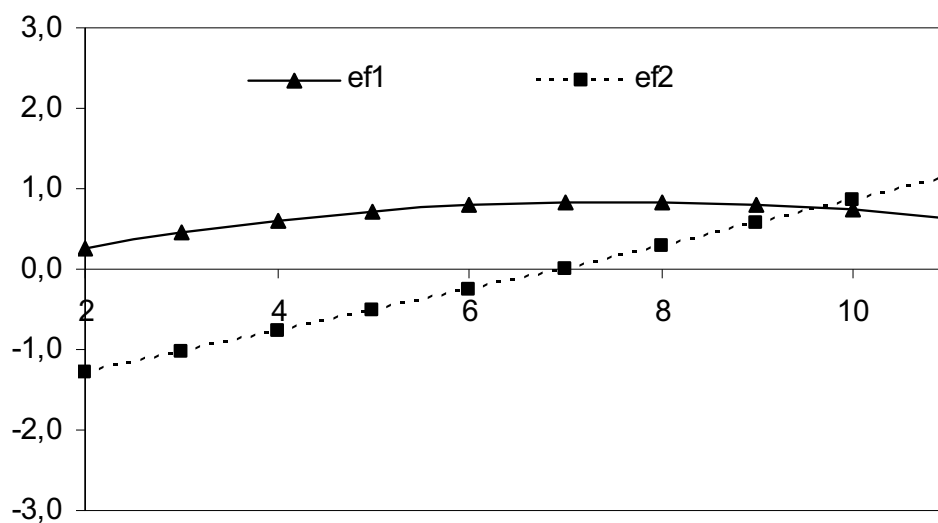


Figura 3. Autofunções estimadas pelo modelo de regressão aleatória relacionadas ao primeiro (ef1) e segundo (ef2) principais autovalores, para o efeito genético aditivo.

Na Tabela 4, são apresentadas algumas estatísticas simples dos valores genéticos preditos para a P305 nas diferentes idades, obtidos pelo MRA, e pelo modelo de repetibilidade (REP) e para a P305 acumulada até os 8 anos de idade (PL). A amplitude observada entre os valores mínimos e máximos dos valores genéticos preditos em cada idade, provavelmente, é devida aos diferentes níveis de seleção praticados pelos rebanhos estudados.

Tabela 4. Média, desvios-padrão (DP) e amplitude dos valores genéticos preditos (VG) para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação nas diferentes idades de acordo com os modelos de regressão aleatória (MRA), de repetibilidade (REP) e para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação até os 8 anos de idade (PL).

VG	Média	DP (kg)	Mínimo	Máximo
MRA2	-3,09	162,28	-418,36	413,21
MRA3	-4,01	175,09	-489,57	463,11
MRA4	-4,84	185,90	-549,39	504,00
MRA5	-5,56	194,40	-598,93	535,89
MRA6	-6,17	200,42	-637,88	558,77
MRA7	-6,69	203,85	-666,55	572,64
MRA8	-7,10	204,66	-684,83	577,51
MRA9	-7,41	202,88	-692,73	573,36
MRA10	-7,61	198,58	-690,24	560,21
MRA11	-7,72	191,90	-677,36	538,05
REP	-8,70	143,55	-450,14	339,74
PL	-37,46	1316,00	-4046,00	3625,00

Todas as correlações de ordem entre os valores genéticos preditos para as P305 nas diferentes idades, considerando diferentes proporções de touros selecionados (Tabelas 5 e 6), pelo MRA e de repetibilidade (REP), assim como entre as P305 e a PL foram significativas ( $P < 0,001$ ) e de magnitude alta. O aumento do número de filhas por touro e sua distribuição melhorou consideravelmente as correlações de ordem entre os valores genéticos estimados. Quando somente touros com mais de 5 filhas, distribuídas em pelo menos 2 rebanhos (43 animais) foram selecionados, as correlações aumentaram, variando de 0,82 a 1,00, indicando maior coincidência de posição dos mesmos (Tabela 6). No entanto, o aumento da intensidade de seleção dos touros, proporcionou uma diminuição da correlação de ordem. Assim, quando apenas 5% dos melhores touros foram selecionados, as correlações foram baixas, sendo, por exemplo, de 0,43 entre as P305 acima dos seis anos de idade (Tabela 6), obtidas pelo MRA e de repetibilidade (REP). Observa-se, em geral, que as correlações são maiores entre as produções mais próximas, reduzindo com o aumento da distância entre elas.

Tabela 5. Correlações de ordem ( $P < 0,001$ ) entre os valores genéticos dos 20% (acima da diagonal) e 10% (abaixo da diagonal) melhores touros estimados para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação em diferentes idades, pelos modelos de regressão aleatória (MRA) e de repetibilidade (REP) e para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação até os 8 anos de idade (PL).

	MRA2	MRA3	MRA4	MRA5	MRA6	MRA7	MRA8	MRA9	MRA10	MRA11	REP	PL
MRA2		0,98	0,97	0,93	0,89	0,86	0,85	0,82	0,80	0,78	0,89	0,93
MRA3	0,97		0,99	0,96	0,93	0,91	0,91	0,88	0,86	0,84	0,92	0,96
MRA4	0,96	0,99		0,98	0,96	0,94	0,94	0,92	0,90	0,88	0,92	0,98
MRA5	0,92	0,96	0,98		0,99	0,98	0,98	0,96	0,95	0,94	0,91	1,00
MRA6	0,84	0,90	0,93	0,96		1,00	0,99	0,98	0,97	0,97	0,90	0,99
MRA7	0,84	0,90	0,93	0,96	1,00		1,00	0,99	0,99	0,98	0,90	0,98
MRA8	0,84	0,90	0,93	0,96	1,00	1,00		0,99	0,99	0,98	0,89	0,98
MRA9	0,83	0,89	0,92	0,95	0,99	0,99	0,99		1,00	0,99	0,88	0,96
MRA10	0,69	0,79	0,83	0,88	0,96	0,96	0,96	0,97		1,00	0,87	0,95
MRA11	0,69	0,79	0,83	0,88	0,96	0,96	0,96	0,97	1,00		0,86	0,94
REP	0,95	0,97	0,95	0,91	0,87	0,87	0,87	0,88	0,78	0,78		0,91
PL	0,92	0,96	0,98	1,00	0,96	0,96	0,96	0,95	0,88	0,88	0,91	

Tabela 6. Correlações de ordem ( $P < 0,001$ ) entre os valores genéticos dos 5% melhores touros (acima da diagonal) e dos melhores touros com mais de 5 filhas, distribuídas em pelo menos 2 rebanhos (abaixo da diagonal), estimados para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação em diferentes idades, pelos modelos de regressão aleatória (MRA) e de repetibilidade (REP) e para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação até os 8 anos de idade (PL).

	MRA2	MRA3	MRA4	MRA5	MRA6	MRA7	MRA8	MRA9	MRA10	MRA11	REP	PL
MRA2		1,00	0,94	0,83	0,54	0,54	0,54	0,54	0,54	0,54	0,89	0,83
MRA3	1,00		0,94	0,83	0,54	0,54	0,54	0,54	0,54	0,54	0,89	0,83
MRA4	0,98	0,99		0,94	0,71	0,71	0,71	0,71	0,71	0,71	0,77	0,94
MRA5	0,97	0,99	1,00		0,83	0,83	0,83	0,83	0,83	0,83	0,60	1,00
MRA6	0,96	0,97	0,99	1,00		1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,43	0,83
MRA7	0,95	0,97	0,98	0,99	0,99		1,00	1,00	1,00	1,00	0,43	0,83
MRA8	0,92	0,94	0,97	0,98	0,99	0,99		1,00	1,00	1,00	0,43	0,83
MRA9	0,90	0,93	0,96	0,97	0,98	0,99	1,00		1,00	1,00	0,43	0,83
MRA10	0,87	0,90	0,94	0,95	0,97	0,97	0,99	1,00		1,00	0,43	0,83
MRA11	0,82	0,86	0,90	0,92	0,94	0,95	0,97	0,98	0,99		0,43	0,83
REP	0,95	0,96	0,97	0,97	0,96	0,96	0,94	0,93	0,91	0,87		0,60
PL	0,97	0,99	1,00	1,00	1,00	0,99	0,98	0,97	0,95	0,92	0,97	

Na Tabela 7, são apresentadas as classificações dos 10% melhores touros, com base no valor genético predito pelo modelo de repetibilidade (REP) e suas respectivas classificações para a P305 aos 3 anos de idade pelo MRA, multi-característica e para a



PL. Apesar das elevadas correlações, os valores indicaram que podem ocorrer divergências na classificação dos animais considerando os diferentes modelos.

Tabela 7. Classificação dos 10% melhores touros para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação aos 3 anos de idade, obtida pelos modelos de regressão aleatória (MRA3) e multi-característica (MULTI3) e para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação até os 8 anos de idade (PL), com base na classificação pelo modelo de repetibilidade (REP).

Touro	REP	MRA3	MULTI3	PL
<b>113</b>	1	2	26	2
<b>109</b>	2	1	10	1
<b>125</b>	3	3	1	4
<b>129</b>	4	4	2	5
<b>116</b>	5	6	84	6
<b>121</b>	6	5	9	3
<b>75</b>	7	8	23	9
<b>105</b>	8	7	8	7
<b>71</b>	9	9	78	8
<b>99</b>	10	11	13	10
<b>74</b>	11	10	11	11
<b>42</b>	12	33	36	31

A P305 aos 3 anos de idade pelo MRA (MRA3) corresponde, em média, à P305 na primeira lactação, uma vez que o número de animais com partos aos 2 anos é pequeno, condizendo com a realidade da maioria dos rebanhos bubalinos estudados.

Em geral, ocorreu coincidência de ordem entre os melhores touros selecionados para a P305 pelo modelo de repetibilidade, para a P305 aos 3 anos de idade pelo MRA (MRA3) e para a PL, com exceção do animal que ocupou o 12º lugar, cuja disparidade apresentou-se maior. Tal coincidência nos indica que os MRA, considerando a estrutura correlacionada das diferentes lactações, poderiam ser utilizados nas avaliações genéticas dos touros em substituição ao modelo de repetibilidade e que o valor genético baseado na P305 até os 8 anos de idade poderia ser adotado para avaliação genética de touros para vida produtiva. Entretanto, ao compará-los com o modelo multi-característica observamos uma expressiva mudança nas posições dos animais de acordo com os valores genéticos estimados, provavelmente, devido ao pequeno número de observações em cada idade.

## Conclusões

Na utilização de modelos de regressão aleatória, há a necessidade de modelar a estrutura de variâncias residuais considerando heterogeneidade de variâncias. O modelo contendo uma função de variância foi suficiente para modelar os dados.

A obtenção de correlações genéticas diferentes de um, sustenta a hipótese de que as produções de leite acumuladas até os 305 dias de lactação ao longo das idades devem ser consideradas como características distintas.

O aumento da intensidade de seleção diminuiu as correlações de ordem entre o ranking dos touros, de acordo com os valores genéticos para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação nas diferentes idades, preditos pelo MRA e de repetibilidade e para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação até os 8 anos de idade.

O aumento do número de filhas por touro e a sua distribuição melhorou consideravelmente as correlações de ordem entre os valores genéticos para produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação nas diferentes idades, preditos pelo MRA e de repetibilidade e para a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação até os 8 anos de idade.

## Referências bibliográficas

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

ARAÚJO, C. V.; RAMOS, A. A.; ARAÚJO, S. I. et al. Buffalos milk yield analysis using random regression models. In: WORLD BUFFALO CONGRESS, 12, 2007, **Italia Journal Animal Science** v.6, (Suppl. 2), p.279-282, 2007.

BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VAN VLECK, L. D. et al. **A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances.**

**[DRAFT]**. Beltsville: U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 125p., 1995.

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

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

GADINI, C. H.; KEWON, J. F.; VAN VLECK, L. D. Correlações entre produções no dia do controle e em 305 dias de lactação de vacas da raça Holandesa. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1997 Juiz de Fora. **Anais...** Juiz de Fora: Sociedade Brasileira de Zootecnia, p.44-46, 1997.

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

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, p.979-993, 1990.

MALHADO, C. H. M.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P. L. S. et al. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n.2, p.376-379, 2007.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for milk and fat yield for first three lactations in British Friesian cows. **Animal Production**, v.38, p.313–322, 1984.

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

SCHAEFFER, L. R.; JAMROZIK, J. Multiple-trait prediction of lactation yields for dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v.79, n.11, p.244-255, 1996.

SCHAEFFER, L. R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v. 86, p. 34-35, 2004.

SAS, Statistical Analyses System Institute “**SAS User’s Guide: Statistic**”. SAS institute INC., Cary, NC, 2002.

SESANA, R. C., TONHATI, H., ALBUQUERQUE, L. G. et al. Estudo genético da produção de leite para diferentes ordens de parto em bubalinos leiteiros In: SIMPOSIO BÚFALOS DE LAS AMÉRICAS, 3, 2006, Medellín - Colômbia, **3 Simposio Búfalos de Las Américas**, 2006, CD-ROM.

VASCONCELLOS, B. F.; TONHATI, H. Genetic aspects of productive and reproductive traits in murrh buffaloes herd in São Paulo, Brasil, In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, Armidale, Austrália, **Proceedings...**Armidale, 1998, v.24, p.485-488.

TONHATI, H.; MUNÕZ, M. F.; OLIVEIRA, J. A. et al. Parâmetros genéticos para a produção de leite, gordura e proteína em Bubalinos, **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, supl., p.2051-2056, 2000.

TONHATI, H.; ALBUQUERQUE, L. G.; SESANA, R. C. **Avaliação genética de búfalos leiteiros**. 2007. (Editoração/Livro).

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

### **CAPÍTULO 3. PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A PRODUÇÃO DE LEITE NO DIA DO CONTROLE EM BUBALINOS ESTIMADOS POR MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

**RESUMO:** Foram analisados 17.935 controles semanais da produção de leite de 1.433 primeiras lactações de búfalas da raça Murrah, com idades entre 24 e 48 meses, filhas de 113 reprodutores, provenientes de 12 rebanhos do interior do estado de São Paulo, com partos registrados no período de 1985 a 2005. As produções de leite no dia do controle (PLDC) foram consideradas em 42 classes semanais de dia em lactação. Os grupos de contemporâneos foram definidos como rebanho-ano-mês do controle. O modelo utilizado incluiu os efeitos aleatórios genético aditivo, de ambiente permanente e o residual. Foram considerados como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos e o número de ordenhas (1 ou 2 ordenhas diárias), os efeitos linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população, esta modelada por polinômios ortogonais de Legendre de terceira ordem. Os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre. As variâncias residuais foram modeladas por funções de variâncias de segunda a quarta ordem ou com classes de variâncias contendo 1, 4, 6, 22 e 42 classes. A melhor estrutura de variâncias residuais foi a que continha 6 classes. O modelo considerando um polinômio de Legendre de sexta ordem para o efeito genético aditivo e de quinta ordem para efeito de ambiente permanente e 6 classes de variâncias residuais (6.5.het6) foi o mais adequado para descrever a variação da produção de leite no decorrer da lactação. As estimativas de herdabilidades obtidas pelo modelo 6.5.het6 variaram de 0,18 (4ª semana) a 0,44 (1ª semana). Estimativas negativas e inesperadas de correlações genéticas foram observadas entre a produção do primeiro controle e as dos controles a partir da 6ª semana, entre a do segundo controle e dos controles a partir da 8ª semana de lactação e a do terceiro controle e dos controles a partir da 9ª semana de lactação, variando de -0,34 (1ª com 42ª) a -0,07 (2ª com 8ª semana). As correlações fenotípicas e de ambiente permanente foram menores que as genéticas, entretanto as correlações de ambiente permanente apresentaram maiores oscilações ao longo da lactação.

Assim como para as correlações genéticas, as correlações de ambiente permanente foram mais elevadas para os controles mais próximos, diminuindo quando a distância entre eles aumentou.

**Palavras-chave:** funções de covariância, polinômios ortogonais de Legendre

## Introdução

Os modelos de regressão aleatória (MRA) têm sido sugeridos para avaliação genética de dados longitudinais, como a produção de leite do dia do controle (PLDC). Esses modelos possibilitam a predição de valores genéticos para a produção de leite acumulada na lactação, para qualquer dia em lactação específico e para funções da curva de lactação, diferentemente dos modelos multi-característica, que possibilitam apenas predições pontuais. Além disso, os MRA podem considerar a forma da curva de lactação, o efeito do número de dias em lactação, o efeito peculiar do dia do controle para todas as vacas e os efeitos específicos para cada vaca no dia do controle, tais como número de ordenhas, duração do período seco, duração do período de serviço anterior e corrente, prenhez e doenças (PTAK & SHAEFFER, 1993; SWALVE, 1995).

Ao se ajustar um MRA, assume-se implicitamente certa estrutura de covariâncias entre as observações, e esta é determinada pelas covariâncias entre os coeficientes de regressão e pode ser caracterizada como uma função de covariâncias. Segundo KIRKPATRICK et al. (1990), as funções de covariância são equivalentes a matrizes de covariância para os modelos multi-característica de dimensão finita. Segundo MEYER (1998), o modelo com função de covariância é um caso especial de MRA, sendo que os coeficientes de função de covariância podem ser estimados diretamente do MRA. As funções de covariância, por serem funções contínuas, fornecem covariâncias entre as características em infinitos pontos de uma trajetória, descrevendo a covariância entre as medidas tomadas em diferentes idades ou dias em lactação, como uma função destas idades (VAN der WERF e SCHAEFFER, 1997).

Vários estudos têm sido realizados no Brasil em bovinos leiteiros de diferentes raças (MELO et al., 2005; COBUCCI et al., 2006; BIGNARDI et al., 2006; GONZÁLEZ-

HERRERA, 2006) para identificar o melhor modelo de regressão aleatória para o ajuste das PLDC, entretanto, são escassos os estudos desses modelos em bubalinos (TONHATI, et al., 2001). Assim, o objetivo desse trabalho foi estimar funções de covariância para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente e parâmetros genéticos para as produções semanais de leite de búfalas, por meio modelos de regressão aleatória empregando polinômios ortogonais de Legendre.

## **Material e Métodos**

No presente estudo foram analisados 17.935 controles semanais de produção de leite de 1.433 primeiras lactações de búfalas da raça Murrah, com idades entre 24 e 48 meses, filhas de 113 reprodutores, provenientes de 12 rebanhos do interior do estado de São Paulo, com partos registrados no período de 1985 a 2005. As produções de leite foram obtidas a partir do 5º dia, sendo o primeiro controle considerado até o 75º dia após o parto. As produções de leite no dia do controle (PLDC) foram consideradas em classes semanais de dias em lactação, variando de 1 até 42 classes. Foi estabelecido que cada animal possuísse, pelo menos, quatro controles individuais de produção na lactação. Os grupos de contemporâneos foram definidos como rebanho-ano-mês do controle, compondo 708 classes e, aplicou-se a restrição de que cada grupo deveria conter, no mínimo, quatro animais. Em todas as análises foi utilizado um arquivo de pedigree, com 2.810 animais na matriz de parentesco.

Inicialmente foi modelada a estrutura de variâncias residuais. As variâncias residuais foram consideradas por meio de funções de variâncias de segunda a quarta ordem ou 1, 4, 6, 22 e 42 classes de variâncias. As funções de variâncias foram modeladas por meio de polinômios ortogonais de Legendre e as classes de variâncias foram definidas com base nas variâncias residuais estimadas com 42 classes. Por exemplo, para o modelo que continha 4 classes de variâncias residuais, as semanas de lactação foram agrupadas da seguinte forma: 1, 2-3, 4 e 5-42 semanas, para o modelo que continha 6 classes de variâncias residuais, as semanas foram agrupadas: 1, 2-3, 4, 5-13, 14-35 e 36-42 semanas, e para o modelo que continha 22 classes de variâncias

residuais, as semanas foram agrupadas: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10-13, 14-18, 19-24, 25-28, 29, 30, 31-32, 33-35, 36-37, 38, 39-40, 41 e 42.

As análises foram realizadas por meio de um modelo uni-característica de regressão aleatória 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:  $y_{ij}$  = produção de leite da  $i$ -ésimo controle, pertencente ao  $j$ -ésimo animal;  $F$  = conjunto de efeitos fixos, o grupo de contemporâneos, o número de ordenhas (1 ou 2 ordenhas diárias) e a covariável idade da vaca ao parto (regressão linear e quadrática);  $\beta_m$  = conjunto de  $m$  regressores fixos para a curva média da população;  $\phi_m(t_i)$  = função de regressão de ordem  $k_b$ , que descreve a curva média da população de acordo com a semana de lactação (modelada por polinômios ortogonais de Legendre de terceira ordem) ( $t_i$ );  $\phi_m(t_{ij})$  = funções de regressão, que descrevem as trajetórias de cada indivíduo  $j$ , de acordo com a semana da lactação ( $t_i$ ), para os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente;  $\alpha_{jm}$  e  $\gamma_{jm}$  = são os  $m$  regressores aleatórios genéticos aditivos e de ambiente permanente, respectivamente para cada animal  $j$ ;  $k_b$ ,  $k_a$ ,  $k_{ap}$  = são as ordens dos polinômios para descrever a curva média e os efeitos genético aditivo e permanente de ambiente, respectivamente;  $e_{ij}$  = erro aleatório associado a cada controle  $i$  do animal  $j$ ;

Os efeitos aleatórios genéticos aditivos e de ambiente permanente foram modelados por meio de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre.

Na forma matricial, o modelo pode ser representado por:

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

em que:  $\mathbf{y}$  = vetor das  $N$  observações, medidas em  $N_d$  animais;  $\mathbf{b}$  = o vetor de efeitos fixos;  $\mathbf{a}$  = o vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo;  $\mathbf{ap}$  = o vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios de



ambiente permanente;  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$ ,  $\mathbf{W}$  = matrizes de incidência para os efeitos fixos, aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente;  $\mathbf{e}$  = o vetor dos  $N$  diferentes resíduos.

A dimensão do vetor  $\mathbf{a}$  é de  $k_a \times N_a$  coeficientes, em que  $k_a$  representa a ordem do polinômio,  $N_a$ , o número de animais na matriz de parentesco. O vetor  $\mathbf{ap}$  tem dimensão de  $k_{ap} \times N_d$  coeficientes, em que  $k_{ap}$  representa a ordem do polinômio e  $N_d$ , o número de animais com registros.

As pressuposições em relação aos componentes são:

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

$$\mathbf{V}(\mathbf{a}) = \mathbf{K}_a \otimes \mathbf{A};$$

$$\mathbf{V}(\mathbf{ap}) = \mathbf{K}_{ap} \otimes \mathbf{I}_{N_d};$$

$$\mathbf{V}(\mathbf{e}) = \mathbf{R};$$

em que:  $\mathbf{K}_a$  e  $\mathbf{K}_{ap}$  são as matrizes de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente;  $\mathbf{A}$  é a matriz de parentesco entre os indivíduos;  $\mathbf{I}_{N_d}$  é a matriz de identidade de dimensão  $N_d$ ;  $\otimes$  é o produto de Kroeneker entre matrizes;  $\mathbf{R}$  representa uma matriz bloco diagonal, contendo as variâncias residuais, assumiu-se independência entre os resíduos.

Dado o modelo de Regressão Aleatória e as pressuposições associadas aos momentos, as Equações de Modelos Mistos são:

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

Os componentes de variâncias e os parâmetros genéticos dos modelos foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando a opção DXMRR do pacote estatístico DFREML (MEYER, 1998).

Quando se utilizou função de variâncias, as variâncias residuais foram estimadas por meio da seguinte equação:

$$\sigma_{ei}^2 = \sigma_{e0}^2 \left( 1 + \sum_{r=1}^q b_r t_{ij}^r \right)$$

em que:  $\sigma_{ei}^2$  é a variância da  $j^{\text{ésimo}}$  controle,  $\sigma_{e0}^2$  corresponde à variância do intercepto,  $b_r$  são os  $r$  coeficientes de regressão da função de variância de ordem  $q$  e  $t_{ij}$  são os controles.

A comparação entre os modelos aninhados foi efetuada por meio do teste da razão de verossimilhança (LRT). Além do LRT, foram utilizados como referência os critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) (WOLFINGER, 1993) e o exame das variâncias e correlações estimadas para as PLDC. Os testes de AIC e BIC permitem uma comparação entre os modelos não aninhados e penalizam aqueles com maior número de parâmetros, sendo que o BIC atribui uma penalidade mais rigorosa.

Os critérios de informação são calculados como:

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

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

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

A citação dos MRA segue o padrão:  $k_a.k_{ap}.fvx$ ,  $k_a.k_{ap}.hety$  ou  $k_a.k_{ap}.hom$ , referindo-se à ordem da função de covariâncias para os efeitos genético aditivos ( $k_a$ ) e de ambiente permanente ( $k_{ap}$ ) e à estrutura de variâncias residuais, modelada por uma função de ordem ( $x$ ), ou por classes de variâncias (het), em que ( $y$ ) é o número de classes de variâncias ou homogeneidade de variância (hom).

## Resultados e Discussão

A média geral observada para produção de leite no dia do controle foi de 6,03 kg, com desvio padrão de 1,00 kg e coeficiente de variação de 16,60%.

Como pode ser observado na Figura 1, houve um aumento da produção da fase inicial (5,2 kg) até a 14<sup>a</sup> semana de lactação (7,4 kg) e a partir daí, a produção foi decrescendo gradualmente até o final da lactação (4,3 kg).

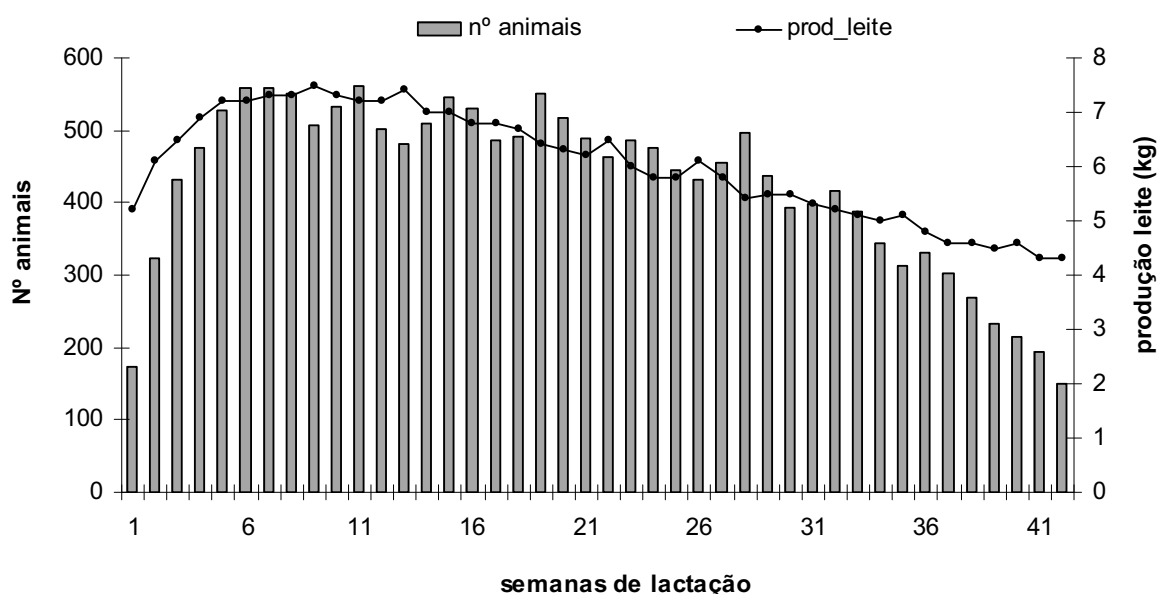


Figura 1. Número de animais e produção de leite no dia do controle em função da semana de lactação.

O resumo das análises com os valores do logaritmo da função de verossimilhança ( $\log L$ ), o critério de informação de Akaike (AIC) e o Bayesiano de Schwarz (BIC) estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Ordem do polinômio para efeitos genético aditivo ( $k_a$ ) e de ambiente permanente ( $k_p$ ), resíduo ( $e$ ) com funções de variâncias (fv), classes de variâncias (het) e homogeneidade de variância (hom), número de parâmetros (P), log da função de verossimilhança (2Log L, +12.000) e critérios de informação de Akaike (AIC, -25.000) e Bayesiano de Schwarz (BIC, -25.000) e teste da razão de verossimilhança (LRT).

Modelo	Ordem do polinômio			P	2Log L	AIC	BIC	LRT <sup>a</sup>
	$k_a$	$k_p$	e					
Função de variância								
1	3	3	fv2	15	-936	903	1020	(2-1) 5**
2	3	3	fv3	16	-881	794	918	(3-2) 24**
3	3	3	fv4	17	-857	748	881	
Classes de variância								
4	3	3	hom	13	-1054	1135	1237	
5	3	3	het4	16	-854	741	866	(6-5) 26**
6	3	3	het6	18	-827	691	832	(7-6) 19 <sup>ns</sup>
7	3	3	het22	34	-808	685	950	(8-7) 12 <sup>ns</sup>
8	3	3	het42	54	-796	700	1121	
9	3	4	het6	22	-738	521	693	(10-9) 55**
10	3	5	het6	27	-683	419	630	(11-10) 38**
11	3	6	het6	33	-643	353	611	(12-11) 19**
12	3	7	het6	40	-624	327	639	
13	4	4	het6	26	-685	421	624	(14-13) 56**
14	4	5	het6	31	-628	319	561	(15-14) 41**
15	4	6	het6	37	-587	249	537	(16-15) 17**
16	4	7	het6	44	-570	228	571	
17	5	5	het6	36	-571	214	495	(13-12) 36**
18	5	6	het6	42	-535	154	481	(14-13) 18**
19	5	7	het6	49	-516	130	512	(15-14) 6 <sup>ns</sup>
20	5	8	het6	57	-510	133	578	
21	6	5	het6	42	-524	131	<b>459</b>	(17-66) 8 <sup>ns</sup>
22	6	6	het6	48	-515	126	500	(18-17) 18**
23	6	7	het6	55	-497	<b>104</b>	533	(19-18) 1 <sup>ns</sup>
24	6	8	het6	63	-496	117	608	
25	7	7	het6	62	-492	107	591	(21-20) 7 <sup>ns</sup>
26	7	8	het6	70	-485	110	656	

<sup>a</sup> Teste de razão de verossimilhança entre os modelos aninhados; \*\*:  $P < (0,01)$ ; <sup>ns</sup>: não significativo. Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em AIC e BIC.

O aumento do número de variâncias residuais, entre os modelos, considerando funções de variâncias (modelos 1, 2 e 3) e entre os modelos utilizando classes de

variâncias (modelos 5, 6, 7 e 8) para modelar a estrutura de resíduo, proporcionou melhoria no Log L. Quando se comparou somente os modelos com funções de variâncias residuais, o modelo contendo uma função de variâncias de quarta ordem (fv4) apresentou o melhor ajuste de acordo com o teste da razão de verossimilhança (LRT) enquanto que para as classes de variâncias, 6 classes seriam suficientes. O modelo contendo homogeneidade de variâncias residuais (hom) promoveu o pior ajuste, de acordo com os critérios AIC e BIC, indicando que as variâncias tiveram comportamento diferenciado no decorrer da lactação, havendo, portanto, a necessidade de se considerar uma estrutura de variâncias heterogênea para o resíduo.

Os modelos contendo classes de variâncias heterogêneas tenderam a ser superiores àqueles descritos por funções de variâncias residuais, de acordo com os critérios. Entre os modelos que empregaram classes de variâncias heterogêneas, o modelo contendo 22 classes de variâncias residuais (het34) foi o que proporcionou melhor ajuste, de acordo com o AIC. Entretanto, de acordo BIC, que penaliza mais rigorosamente os modelos mais parametrizados, o modelo contendo 6 classes de variâncias (het6) seria suficiente para modelar a estrutura de variâncias residuais. Desta forma, evita-se o uso de modelos superparametrizados, que em geral, apresentam problemas de estimação dos parâmetros (OLORI et al., 1999; REKAYA et al., 1999).

Após a escolha da estrutura de variâncias residuais, foram comparados modelos variando-se as ordens das funções de covariância para os efeitos aditivos ( $k_a$ ) e de ambiente permanente ( $k_{ap}$ ). Os valores de Log L melhoraram à medida que o número de parâmetros dos modelos aumentou. Entre todos os modelos estudados, o modelo 6.7.het6 foi o melhor, de acordo com AIC, enquanto que o BIC indicou o modelo 6.5.het6. Como o teste BIC tende a penalizar modelos mais parametrizados, sendo mais rigoroso que o AIC, o modelo 6.5.het6 seria, portanto, o mais adequado para descrever a variação da produção de leite na lactação.

As variâncias fenotípicas, genéticas aditivas, de ambiente permanente e residuais para o modelo 6.5.het6 são apresentadas na Figura 2. As variâncias fenotípicas foram mais altas nas duas primeiras semanas de lactação, estabilizando-se até o final da lactação. A variância genética aditiva apresentou a mesma tendência que a variância fenotípica sendo, porém, de menor magnitude. A variância de ambiente

permanente foi praticamente constante em toda a lactação. A variância residual foi mais alta nas quatro primeiras semanas de lactação, e depois declinou até o final da lactação.

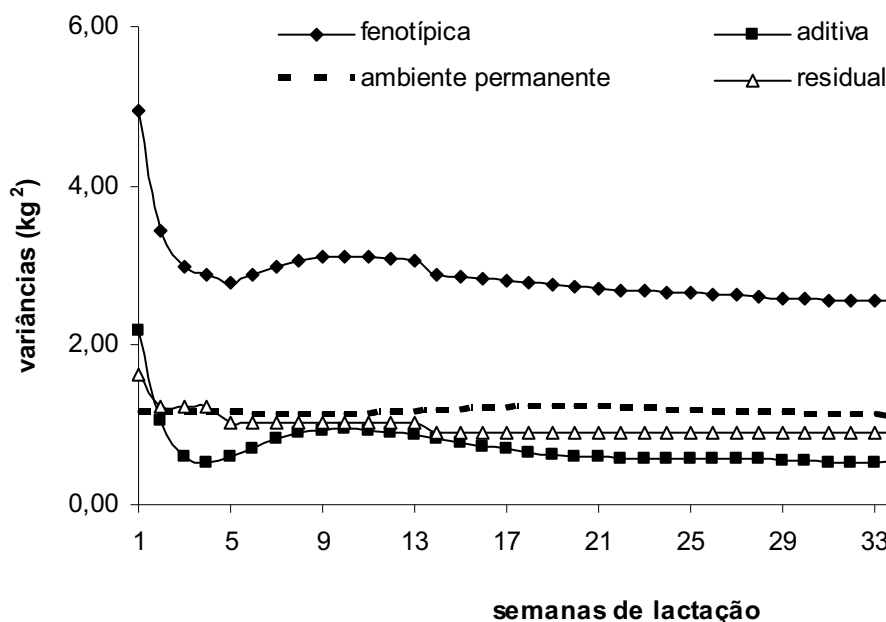


Figura 2. Variâncias fenotípicas, aditiva, ambiente permanente e residual estimadas para a produção de leite em função da semana de lactação pelo modelo 6.5.het6.

As estimativas de herdabilidade foram maiores no início e no final da lactação e menores no meio da lactação (Figura 3). Esses resultados seguem a mesma tendência observada na literatura pela maioria dos pesquisadores em bovinos de leite (KETTUNEN et al., 2000; BROTHERSTONE et al., 2000; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; BIGNARDI et al., 2006). As estimativas de herdabilidade obtidas pelo modelo 6.5.het6 variaram de 0,18 (4ª semana) a 0,44 (1ª semana). HURTADO-LUGO et al. (2006), também utilizando modelo multi-característica em dados mensais de produção de leite de búfalos, relataram estimativas de herdabilidade de menor magnitude em relação ao presente estudo, entre 0,01 e 0,20.

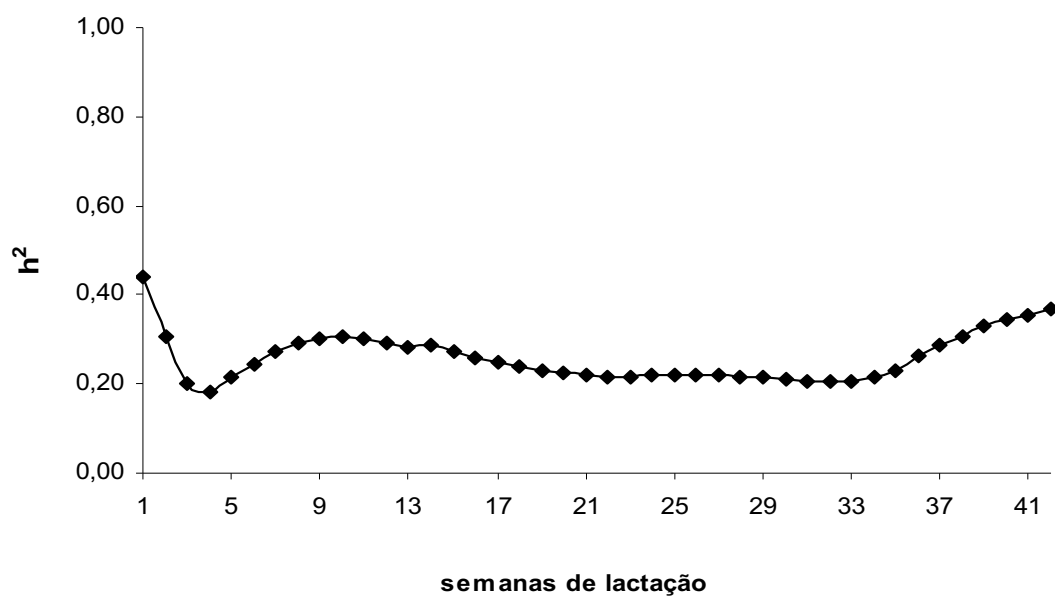


Figura 3. Estimativas de herdabilidade para a produção de leite em função da semana de lactação para o modelo 6.5.het6.

As estimativas de correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente permanente entre as produções de leite semanais pelo modelo 6.5.het6 estão representadas na Figura 4.

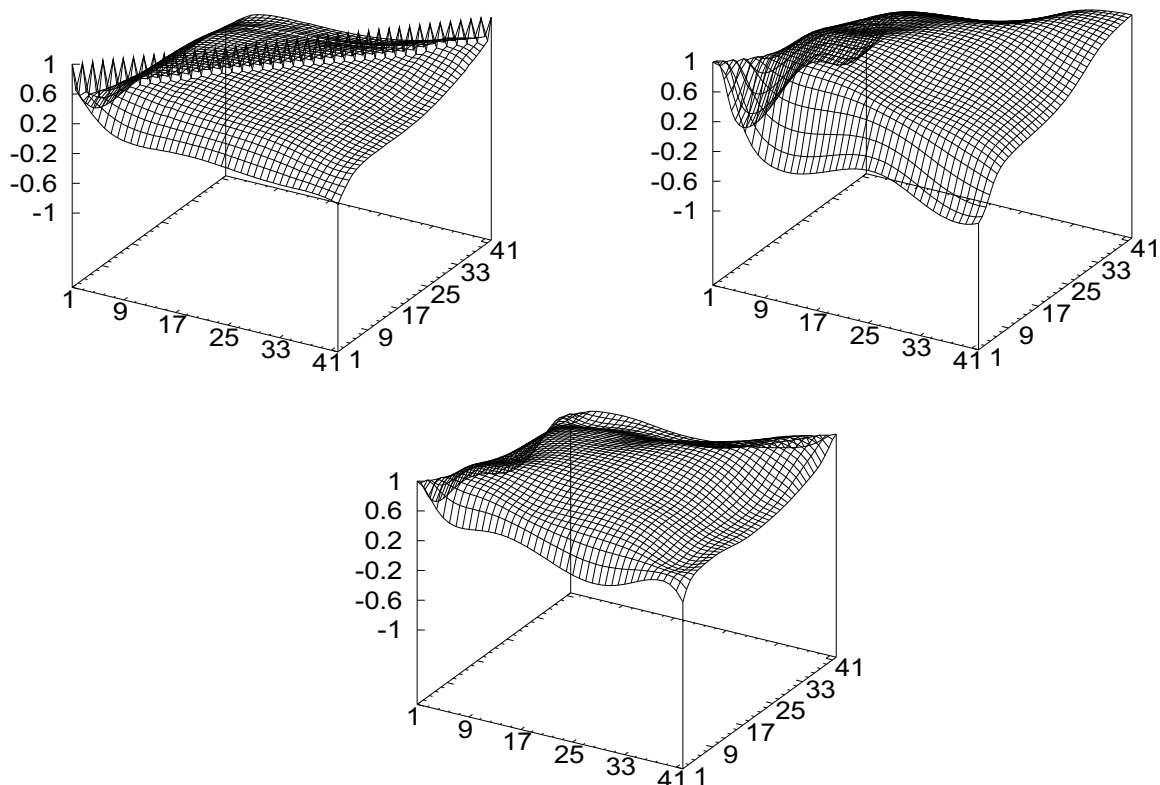


Figura 4. Estimativas de correlações fenotípicas (1ª linha, à esquerda), genéticas (1ª linha, à direita) e de ambiente permanente (2ª linha) entre as produções de leite em função da semana de lactação pelo modelo 6.5.het6.

As correlações genéticas foram maiores quanto mais próximos os controles leiteiros, diminuindo quando a distância entre eles aumentou. Entre os controles do meio da lactação, estas correlações genéticas foram mais elevadas, próximas à unidade. Estes resultados estão de acordo com aqueles relatados por REKAYA et al. (1999), OLORI et al. (1999) e COBUCCI et al. (2005), para a raça Holandesa e, por COSTA et al. (2002), para a raça Gir. Estimativas negativas e inesperadas de correlações genéticas foram observadas entre o a produção do primeiro controle e as dos controles a partir da 6ª semana, entre a do segundo controle e dos controles a partir da 8ª semana de lactação e a do terceiro controle e dos controles da 9ª semana de lactação, sendo que os valores dessas correlações negativas variaram de -0,34 (1ª com 42ª) a -0,07 (2ª com 8ª semana). Isso pode ser atribuído à dificuldade de se



modelar os controles iniciais da lactação, fase em que a búfala está sofrendo com o estresse do parto e também com um déficit energético.

As correlações fenotípicas e de ambiente permanente foram menores que as genéticas, entretanto as correlações de ambiente permanente apresentaram maiores oscilações ao longo da lactação. Assim como para as correlações genéticas, as correlações de ambiente permanente foram mais elevadas para os controles mais próximos, diminuindo quando a distância entre eles aumentou.

As duas principais autofunções para o efeito genético aditivo, referentes ao modelo 6.5.het6, são apresentadas na Figura 5. A primeira autofunção, que representa 69,22% da variação genética total, foi negativa nas duas primeiras semanas e, positiva e praticamente constante nos demais períodos, sugerindo que, grande parte da variação é explicada por genes que atuam da mesma forma no decorrer da lactação. Entretanto, a mudança de sinal sugere efeitos contrastantes da produção de leite entre o início e as demais fases da lactação, seguindo a mesma tendência observada com as correlações genéticas. Esse resultado difere dos encontrados por OLORI et al. (1999) e ARAÚJO et al. (2006), que verificaram que a primeira autofunção foi sempre positiva e praticamente constante para todos os estágios da lactação. A segunda autofunção é responsável por apenas 16,75% da variação genética total. Seu comportamento sugere que existe uma relação contrastante entre as produções da primeira e da segunda metade da lactação.

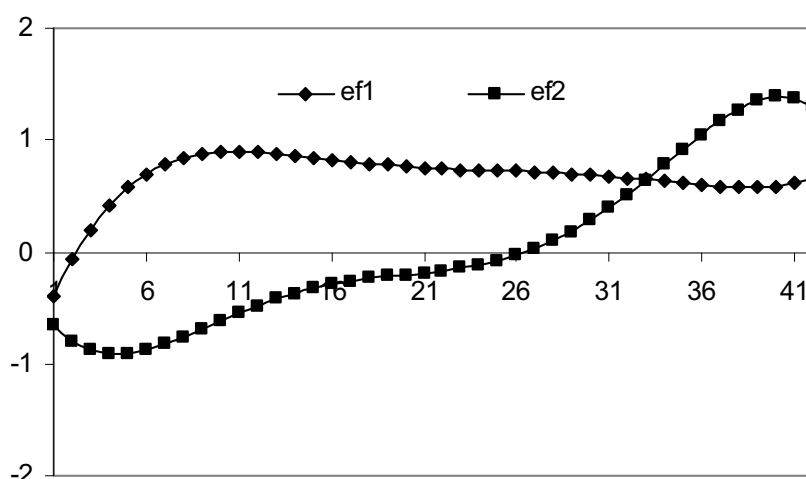


Figura 5. Autofunções estimadas, relacionadas ao primeiro (ef1) e segundo (ef2) principais autovalores, para o efeito genético aditivo, para o modelo de regressão aleatória 6.5.het6.

## Conclusões

Modelos de regressão aleatória que empregam polinômios de Legendre foram eficientes em descrever a variação genética da produção de leite no dia do controle de bubalinos. A utilização de heterogeneidade de variâncias residuais foi mais adequada para modelar produção de leite no dia do controle nesse conjunto de dados.

O modelo considerando um polinômio de Legendre de sexta ordem para o efeito genético aditivo e de quinta ordem para efeito de ambiente permanente e 6 classes de variâncias residuais foi o mais adequado para descrever a variação da produção de leite no decorrer da lactação.

## Referências bibliográficas

ARAÚJO, C. V.; TORRES, R. A.; COSTA, C. N. et al. 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, p.975-981, 2006.

BIGNARDI, A. B., EI FARO, L.; CARDOSO, V. L. et al. 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, I CD-ROM.

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

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

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

COSTA, C. N.; MELO, C. M. R.; MACHADO, C. H. C. et al. Avaliação de funções polinomiais para ajuste da produção de leite no dia do controle de primeiras lactações de vacas Gir com modelo de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, Recife, Pernambuco. **Anais...** Recife: SBZ, 2002. CD-ROM.

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.

GONZÁLES-HERRERA L., 2006. **Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite e persistência da lactação de vacas Gir, usando modelos de dimension finita e infinita**. 2006. 42p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp. Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2006.

HURTADO-LUGO, N.; CERÓN-MUÑOZ, M.; GUTIÉRREZ-VALENCIA, A. Estimación de parámetros genéticos para la producción de leche en el día de control en búfalos de la Costa Atlántica Colombia. **Livestock Research for Rural Development**, 18(3), 2006.

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

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, P. 979-993, 1990.

MELO, C. M. R.; PACKER, I. U.; COSTA, C. N. et al. 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. DXMRR – a program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, 1998, Amidale. **Proceedings...** Amidale, 1998. CD-ROM.

OLORI, V. E.; HILL W. G.; MCGUIRK, B. J. et al. 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.

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

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.

SWALVE, H. H. Genetic relationship between dairy lactation persistency and yield. **Journal Animal Breeding Genetics**, Hamburg, v.112, n.4, p.303-311, 1995.

TONHATI, H.; EL FARO, L.; MUNÓZ BERROCAL, M. H. et al. Estimación de parâmetros genéticos y fenotipicos para producción de leche de búfalas, usando modelos de regresión aleatória. 2. Heredabilidad y correlaciones. In: WORLD BUFFALO CONGRESS, 6, Caracas, Venezuela. The Buffalo: An Alternative for Animal Agriculture in the third Millenium. Caracas, 2001, v.1, p.336-341.

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

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