

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

**MODELOS GENÉTICOS PARA A PRODUÇÃO NO DIA DO
CONTROLE EM BOVINOS GIR LEITEIRO (*Bos indicus*)**

Rodrigo Junqueira Pereira
Zootecnista

JABOTICABAL - SP - BRASIL
2012

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

**MODELOS GENÉTICOS PARA A PRODUÇÃO NO DIA DO
CONTROLE EM BOVINOS GIR LEITEIRO (*Bos indicus*)**

Rodrigo Junqueira Pereira
Orientadora: **Profa. Dra. Lucia Galvão de Albuquerque**
Co-Orientadores: **Dra. Lenira El Faro**
Dr. Rui da Silva Verneque

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

JABOTICABAL - SP - BRASIL
Abril de 2012

P436m Pereira, Rodrigo Junqueira
Modelos genéticos para a produção no dia do controle em
bovinos Gir Leiteiro (*Bos indicus*). / Rodrigo Junqueira Pereira. –
Jaboticabal, 2012
vi, 103 f. ; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, 2012
Orientador: Lucia Galvão de Albuquerque
Banca examinadora: Aníbal Eugênio Vercesi Filho, Annaiza
Braga Bignardi, Henrique Nunes Oliveira, Maria Eugênia Zerlotti
Mercadante
Bibliografia

1. Acurácia. 2. Análise fatorial. 3. Componentes principais. 4.
Correlação de rank. 5. Produção no dia do controle. 6. Regressão
aleatória I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e
Veterinárias.

CDU 636.2:636.082

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

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

RODRIGO JUNQUEIRA PEREIRA – filho de Gilson Botelho Pereira e de Maria Heloisa Andrade Junqueira Pereira, nasceu na cidade de Três Corações, no estado de Minas Gerais, em 17 de maio de 1984. Iniciou, em maio de 2002, o curso de Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa, obtendo o título de Zootecnista em março de 2007. Em abril de 2007, ingressou no Programa de Pós-graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa, área de Melhoramento Genético Animal, obtendo o grau de Mestre em fevereiro de 2009, sob orientação do Prof. Dr. Paulo Sávio Lopes. Em março de 2009, iniciou o doutorado no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP – Campus de Jaboticabal-SP. Realizou estágio de doutorado “*sandwich*” na University of Guelph, ON, Canadá, sob orientação do Prof. Dr. Flávio Schramm Schenkel, no ano de 2011. Obteve o grau de Doutor em abril de 2012, sob orientação da Profa. Dra. Lucia Galvão de Albuquerque.

“ ...Você não pode conectar os pontos olhando adiante, você só pode conectá-los olhando pra trás. Então tem que confiar que os pontos, de algum jeito, vão se conectar em seu futuro. Você tem que confiar em alguma coisa: seu Deus, destino, vida, carma ou o que quer que seja. Porque acreditar que os pontos vão se ligar em um momento, vai te dar confiança pra seguir seu coração, mesmo que te leve para um caminho diferente do previsto, e isso fará toda a diferença!

...

Às vezes a vida bate com um tijolo na sua cabeça. Não perca a fé. Estou convencido de que a única coisa que me permitiu seguir adiante foi o amor pelo que fazia. Você tem que descobrir o que você ama. Isso é verdadeiro tanto para o seu trabalho quanto para com as pessoas que você ama. Seu trabalho vai preencher uma grande parte da sua vida, e a única maneira de ficar realmente satisfeito é fazer o que você acredita ser um ótimo trabalho. E a única maneira de fazer um excelente trabalho é amar o que você faz. Se você ainda não encontrou o que é, continue procurando. Não sossegue. Assim como todos os assuntos do coração, você saberá quando encontrar. E como em qualquer grande relacionamento, só fica melhor e melhor à medida que os anos passam. Então continue procurando até você achar. Não sossegue...”

Steve Jobs

Aos meus pais, Gilson e Maria Heloisa, pelo incentivo, amor, por minha formação e por estarem sempre ao meu lado em qualquer decisão.

Às minhas irmãs, Renata e Rosana, pelo amor e incentivo.

À minha tão amada noiva, Denise, pelo amor, carinho, compreensão e apoio incondicional ao longo desta trajetória.

Dedico e ofereço

AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo de melhor que tem colocado em meu caminho.

Aos meus amados pais, Gilson e Heloisa, pelo amor, carinho, incentivo e educação. Por nunca terem poupado esforços para sempre me proporcionar o que há de melhor.

À minha bela e amada noiva, Denise, por sempre estar ao meu lado, paciente, me incentivando a cada momento. Por todo amor e carinho.

Às minhas irmãs, Renata e Rosana, pelo amor e por torcerem por mim.

À minha orientadora, Lucia, por todos os ensinamentos, investimentos e pelo incentivo. Pelas proveitosas discussões a respeito do melhoramento animal. Por sua importante contribuição para minha formação.

Aos meus co-orientadores, Lenira e Rui, pelas discussões e orientações ao longo desses anos.

Ao meu co-orientador Flávio, por toda a atenção e pelos proveitosos ensinamentos durante o período em que estive em Guelph.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pela concessão da bolsa de estudos, permitindo o desenvolvimento deste estudo.

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

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

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

Por fim, ao Melhoramento Genético Animal, por ser meu trabalho e também um hobby.

SUMÁRIO

	Página
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
INTRODUÇÃO.....	1
OBJETIVOS.....	4
<i>Objetivos gerais.....</i>	<i>4</i>
<i>Objetivos específicos.....</i>	<i>5</i>
REVISÃO DE LITERATURA.....	5
<i>Modelos de Posto Reduzido.....</i>	<i>5</i>
<i>Modelos Fatoriais.....</i>	<i>7</i>
<i>Modelos de Regressão Aleatória.....</i>	<i>8</i>
<i>Polinômios Ortogonais de Legendre.....</i>	<i>10</i>
<i>Polinômios Segmentados (Splines).....</i>	<i>11</i>
REFERÊNCIAS.....	14
CAPÍTULO 2 – ANÁLISES MULTICARACTERÍSTICAS DA PRODUÇÃO DE LEITE NO DIA DO CONTROLE EM BOVINOS GIR LEITEIRO UTILIZANDO MODELOS DE POSTO REDUZIDO E FATORIAL.....	18
INTRODUÇÃO.....	19
MATERIAL E MÉTODOS.....	20
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	24
CONCLUSÕES.....	32
REFERÊNCIAS.....	32
CAPÍTULO 3 – MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA A PRODUÇÃO DE LEITE NO DIA DO CONTROLE EM BOVINOS GIR LEITEIRO UTILIZANDO POLINÔMIOS DE LEGENDRE OU <i>SPLINES</i> LINEARES.....	34
INTRODUÇÃO.....	35
MATERIAL E MÉTODOS.....	37
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	42
CONCLUSÕES.....	55
REFERÊNCIAS.....	55

CAPÍTULO 4 – PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS EM BOVINOS GIR LEITEIRO UTILIZANDO-SE UM MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	59
INTRODUÇÃO.....	60
MATERIAL E MÉTODOS.....	61
RESULTADOS E DISCUSSÃO	66
CONCLUSÕES.....	79
REFERÊNCIAS	80
CAPÍTULO 5 – USO DE UM MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DA PRODUÇÃO DE LEITE EM BOVINOS GIR LEITEIRO.....	84
INTRODUÇÃO.....	85
MATERIAL E MÉTODOS.....	86
RESULTADOS E DISCUSSÃO	88
CONCLUSÕES.....	97
REFERÊNCIAS	98
CAPÍTULO 6 – CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	101

MODELOS GENÉTICOS PARA A PRODUÇÃO NO DIA DO CONTROLE EM BOVINOS GIR LEITEIRO (*BOS INDICUS*)

RESUMO – Com o objetivo de desenvolver um modelo adequado para a avaliação genética da raça Gir Leiteiro (GL) utilizando-se as produções no dia do controle (PDC), foram analisados registros de controle leiteiro de primeiras lactações de vacas da raça GL e cruzadas com Holandês. Primeiramente, as PDC foram analisadas por modelos multicaracterísticas, onde a produção em cada um dos 10 meses da lactação foi considerada como uma característica diferente. Compararam-se sete modelos: multicaracterísticas padrão, três modelos de posto reduzido ajustando os primeiros 2, 3 ou 4 componentes principais genéticos e três modelos considerando-se uma estrutura de análise fatorial para a matriz de covariâncias genéticas, com 2, 3 ou 4 fatores. Entre os modelos comparados, aquele ajustando os dois primeiros componentes principais foi o melhor de acordo com os critérios de comparação, e diminuiu consideravelmente o número de parâmetros estimados e o tempo gasto para a convergência. Entretanto, ainda assim o número de parâmetros a ser estimado permaneceu grande. Em um segundo estudo, foram comparados modelos de regressão aleatória cujos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por polinômios ortogonais de Legendre ou funções *Splines* lineares. A variância residual foi modelada por 1, 5 ou 10 classes. Cinco classes modelaram as mudanças nas variâncias residuais adequadamente e foram utilizadas na comparação dos modelos. O modelo que utilizou polinômios de Legendre de grau 3 para o efeito genético aditivo e 4 para o de ambiente permanente foi o melhor modelo de acordo com os critérios DIC e BIC. Entretanto, a alta correlação de rank (0,998) entre este modelo e aquele aplicando polinômios de Legendre de grau 3 para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, indica que praticamente os mesmos touros seriam selecionados ao se utilizar um ou outro modelo. Portanto, este último modelo,

menos parametrizado, foi utilizado nos demais estudos componentes da tese. No estudo seguinte, as produções de leite, gordura e proteína no dia do controle foram analisadas utilizando-se um modelo de regressão aleatória tri-características. As estimativas de herdabilidade variaram entre 0,12 e 0,24; 0,13 e 0,21; 0,12 e 0,26, para as produções diárias de leite, gordura e proteína, respectivamente. As correlações genético-aditivas entre as características em diferentes estádios da lactação foram altas e sempre acima de 0,70. As herdabilidades para as produções acumuladas até os 305 dias de lactação foram 0,21 (leite), 0,24 (gordura), 0,20 (proteína). Entre as produções acumuladas, as correlações genético-aditivas foram 0,96 (leite-gordura), 0,93 (leite-proteína), 0,90 (gordura-proteína). Por último, utilizando-se registros de controle leiteiro de vacas GL puras, compararam-se as avaliações genéticas da raça para a produção de leite utilizando-se um modelo de regressão aleatória, baseado nas produções diárias, ou o modelo tradicionalmente empregado, baseado nas estimativas da produção acumulada até 305 dias de lactação. As correlações de rank entre os valores genéticos preditos com os dois modelos foram 0,96. Observaram-se percentuais relativamente baixos de animais em comum quando pequenas proporções de indivíduos foram selecionadas para serem pais da próxima geração. Ao se analisar toda a população, observaram-se ganhos médios em acurácia de 2,6; 3,0 e 2,6% para todos os animais, vacas com produção e touros pais de vacas com produção conhecida, respectivamente. Dados os resultados obtidos e a maior adequação estatística do modelo de regressão aleatória, recomenda-se um modelo ajustando polinômios de Legendre de grau 3 para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, para o início das avaliações genéticas para características produtivas na raça Gir Leiteiro utilizando-se as produções no dia do controle.

Palavras-chave: acurácia, análise fatorial, componentes principais, correlação de rank, produção no dia do controle, regressão aleatória

GENETIC MODELS FOR THE TEST-DAY YIELD OF DAIRY GYR (*BOS INDICUS*) CATTLE

ABSTRACT – In order to develop a suitable model for genetic evaluation of Dairy Gyr breed (DG) using test-day yields (TD), first lactation TD records from purebred DG and crossbred (DG x Holstein) cows were analyzed. First, the TD were analyzed by multivariate models, where the production in each of the 10 months was considered to be a different trait. The following seven models were compared: standard multivariate model, three reduced rank models fitting the first 2, 3 or 4 genetic principal components, and three models considering a 2-, 3- or 4-factor structure for the genetic covariance matrix. Among the models compared, that one fitting the first two principal components was the best according to the model selection criteria, and markedly reduced the number of parameters estimated and the time spent to reach convergence. However, the number of parameters to be estimated remained high. In a second study, random regression models (RRM) in which additive genetic and permanent environmental effects were modeled using orthogonal Legendre polynomials or linear Spline functions, were compared. Residual variances were modeled considering 1, 5, or 10 classes. Five classes fitted the changes in residual variances adequately and were used for model comparison. According to the DIC and BIC criteria, a model using third-degree and fourth-degree Legendre polynomials for additive genetic and permanent environmental effects, respectively, provided the best fit. However, the high rank correlation (0.998) between this model and that applying third-degree Legendre polynomials for additive genetic and permanent environmental effects, indicates that practically the same bulls would be selected by both models. Therefore, the latter model, which is less parameterized, was used in the other studies components of the thesis. In the following study, TD milk, fat and protein yields were analyzed using a multiple-trait random regression model. The heritability estimates ranged between 0.12 and 0.24, 0.13 and 0.21,

0.12 and 0.26 for the TD milk, fat and protein yields, respectively. The additive genetic correlations between traits at different stages of lactation were high and always above 0.70. Heritabilities for cumulative yields were 0.21 (milk), 0.24 (fat), 0.20 (protein), respectively. Among the 305-d cumulative yields, additive genetic correlations were 0.96 (milk-fat), 0.93 (milk-protein), 0.90 (fat-protein). Finally, TD records from purebred DG cows were used to compare the genetic evaluations for milk yield using a random regression model based on TD, or the method traditionally employed, based on estimates of 305-d cumulative yield. The rank correlations between breeding values predicted with the two models were 0.96. Relatively low percentages of animals in common were observed when small proportions of individuals were selected to be parents of the next generation. When analyzing the entire population, there were gains in average accuracy of 2.6, 3.0 and 2.6% for all animals, cows and bulls sires of cows with known production, respectively. Given the results and that RRM is statistically more appropriated, it is recommended to apply a random regression model fitting Legendre polynomials of degree 3 for additive genetic and permanent environmental effects to the beginning of genetic evaluations for yield traits in Dairy Gyr cattle using the test-day yields.

Keywords: accuracy, factorial analysis, principal components, random regression, rank correlation, test-day yield

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

INTRODUÇÃO

Originária da Índia, nas regiões de Rayputana, Baroda e sul de Katiawar, a raça Gir despertou o interesse de importadores brasileiros pioneiros. Os animais das raças zebuínas foram trazidos ao Brasil basicamente em importações que ocorreram entre 1898 e 1962. No final da década de 30, foram iniciados os primeiros trabalhos de seleção do Gir para leite. Foram fundados nesta época o núcleo do Posto de Criação João Pessoa, em Umbuzeiro, Paraíba, e o rebanho da Fazenda Experimental Getúlio Vargas, em Uberaba, Minas Gerais. Posteriormente, nas décadas de 40 e 50, alguns criadores, convencidos do potencial do Gir para a produção de leite, organizaram seus plantéis e iniciaram as atividades de controle leiteiro tendo em vista o melhoramento genético desta característica.

Em 1980, em São Paulo, foi fundada a Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL) por um grupo de criadores da raça, cujo objetivo era a união dos associados e promoção do Gir Leiteiro. Em 1985 iniciou-se o Teste de Progênie do Gir Leiteiro com a primeira distribuição de sêmen. Em 1993 foi divulgado o resultado do 1º grupo de touros avaliados. Fruto de uma parceria entre ABCGIL, Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e Embrapa Gado de Leite, o teste de progênie tem proporcionado um grande incremento no ganho genético obtido pelos selecionadores da raça pura, e também contribuindo significativamente para a melhoria da produtividade nos sistemas de produção de leite que utilizam o Girolando como opção genética. Até o presente momento, completados 26 anos de execução do programa, totalizam-se 221 reprodutores testados, dos quais 166 têm avaliação genética positiva para a produção de leite. Outros 164 reprodutores estão em processo de avaliação (VERNEQUE et al., 2011).

Estima-se que a raça Gir Leiteiro esteja presente em mais de 80% dos rebanhos leiteiros no Brasil, seja como raça pura ou em cruzamentos com a raça Holandesa, e tem aumentando sua contribuição genética para os rebanhos comerciais no país,

principalmente por sua capacidade de produção em pastejo, aliada às altas resistências aos endo e ectoparasitas e à temperatura elevada. Essas e outras características desejáveis têm despertado grande interesse de outros países localizados na faixa tropical do planeta, como Colômbia, México, África do Sul, dentre outros.

O Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL) tem como objetivo principal o melhoramento genético da raça, por meio da identificação e seleção de touros geneticamente superiores para as características de produção, conformação e manejo (VERNEQUE et al., 2011). Dentre as 23 características avaliadas pelo PNMGL, a produção de leite, certamente, é a de maior importância econômica. Entretanto, as características de qualidade do leite, como a produção de proteína e gordura, têm recebido certa atenção nos últimos anos.

A qualidade do leite é determinante do rendimento industrial, da vida de prateleira e das características nutricionais dos seus derivados. Ela pode ser definida sob os aspectos nutricional e higiênico-sanitário. No que diz respeito ao aspecto nutricional, as características observadas são os conteúdos de gordura, proteína, lactose, sólidos totais e minerais.

Nos países desenvolvidos, a remuneração pela qualidade do leite ocorre há décadas. No Brasil, atualmente, existe uma tendência crescente de pagamento diferenciado pelo leite de acordo com sua qualidade, com diversas indústrias adotando sistemas de bonificação por qualidade. Uma das justificativas para tal fato é que as exportações de produtos lácteos crescem a cada ano. A busca por maior inserção no comércio internacional faz com que o cuidado com a qualidade da matéria-prima torne-se fundamental, sendo o pagamento diferenciado pela qualidade um dos principais instrumentos de estímulo aos produtores para que se preocupem com a melhoria da mesma.

Dentre as características contempladas pelos sistemas de bonificação por qualidade, os conteúdos de gordura e de proteína, geralmente, são as de maior incremento no valor recebido pelo litro de leite. Portanto, as características de composição do leite devem ser consideradas nos programas de melhoramento de

bovinos leiteiros no Brasil e metodologias modernas e acuradas de avaliação genética devem ser utilizadas.

Atualmente, a Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e a Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ) são habilitadas à realização do controle leiteiro oficial nos plantéis da raça Gir Leiteiro. Esta prova zootécnica consiste na mensuração e correspondente registro da produção individual da vaca em um período de 24 horas, visando seleção, manejo, pesquisa e promoção da raça. Os registros do controle leiteiro constituem-se então na principal fonte de informação para as avaliações genéticas de bovinos para a produção de leite. Tradicionalmente, tais registros são utilizados para a estimação da produção acumulada em até 305 dias (P305). No momento da avaliação, se a vaca está com a lactação ainda em curso, a P305 é obtida por meio da projeção da lactação parcial baseada nos registros de produção já aferidos, com auxílio de fatores de correção. Estes assumem uma curva de lactação padrão, baseada na média do rebanho. Assim, vacas que têm maior persistência geralmente têm suas produções subestimadas, ao passo que vacas com menor persistência têm suas produções superestimadas. Esta situação pode causar problemas na avaliação genética uma vez que a variabilidade no formato da curva dos animais é desprezada acarretando grande oscilação na avaliação genética de touros jovens que possuem muitas filhas com lactação incompleta (JAMROZIK et al. 1997). Neste sentido, novas metodologias de avaliação genética vêm sendo estudadas e aplicadas nos países que possuem programas de melhoramento genético de bovinos leiteiros, e, entre estas, os modelos de produção no dia do controle (MPDC), também conhecidos como *Test-day models*, têm recebido grande destaque (INTERBULL, 2011). Nestes, utilizam-se registros de produção no dia do controle (PDC) em detrimento da P305.

Os MPDC são definidos como procedimentos estatísticos que consideram todos os efeitos genéticos e ambientais, diretamente de uma base de produção no dia do controle (PTAK & SCHAEFFER, 1993). Estas metodologias apresentam várias vantagens sobre os modelos tradicionais para P305. O uso do modelo de produção no dia do controle evita a utilização de fatores de ajustamento para estender lactações

parciais. Adicionalmente, considera fatores específicos para cada dia de controle, como, por exemplo, grupos de manejo dentro de rebanho, e soluciona o problema das diferenças na quantidade de informações que contribuem para a estimação da P305 (REKAYA et al., 1999).

Modelos que ajustam a PDC oferecem um possível aumento na acurácia das avaliações genéticas, pois estes utilizam um número maior de observações por animal quando comparados aos modelos tradicionais de P305, o que seria uma grande vantagem para os programas de melhoramento genético das raças zebuínas leiteiras no Brasil, pois são populações com um número relativamente reduzido de animais e de observações por animal (COSTA et al., 2005).

Dentre as metodologias de avaliação genética utilizando-se a PDC, destacam-se: modelo multicaracterísticas padrão, considerando a produção em cada um dos dez meses da lactação como uma característica diferente; modelo de posto reduzido, uma modificação do modelo anterior para o ajuste de componentes principais; modelo fatorial e modelo de regressão aleatória.

Apesar da ampla variedade de estudos realizados no mundo para se verificar a aplicabilidade dos modelos para ajuste das produções no dia do controle, no Brasil, tais estudos em raças zebuínas ainda são escassos (COSTA et al., 2005; HERRERA et al., 2008; PEREIRA et al., 2010; SANTOS et al., 2010). Não foram encontrados na literatura nacional trabalhos utilizando modelos de produção no dia do controle para características de composição do leite em zebuínos.

Portanto, tornam-se necessários mais estudos com o objetivo de consolidar a avaliação dos modelos para ajuste das produções no dia do controle, fornecendo subsídios às suas utilizações nos programas de melhoramento de gado de leite nacionais.

OBJETIVOS

Objetivos gerais

Estimar funções de covariância e parâmetros genéticos para as produções de leite, gordura e proteína no dia do controle em bovinos Gir Leiteiro, procurando viabilizar a avaliação genética para estas características com maior acurácia em relação aos modelos tradicionais e verificar a possibilidade de mudanças na curva de lactação por meio de seleção.

Objetivos específicos

- i) Avaliar modelos multicaracterísticas padrão, de posto reduzido e fatorial, para a produção de leite no dia do controle;
- ii) Avaliar modelos de regressão aleatória utilizando-se polinômios ortogonais de Legendre e polinômios segmentados (*Splines*) para modelar as trajetórias das variâncias genéticas aditivas e de ambiente permanente para a produção de leite no dia do controle, ao longo da lactação;
- iii) Estimar parâmetros genéticos para as produções de leite, gordura e proteína no dia do controle, utilizando modelos de regressão aleatória e modelos multicaracterísticas de dimensão finita;
- iv) Comparar o melhor modelo para a produção no dia do controle com o tradicionalmente utilizado nas avaliações genéticas da raça Gir Leiteiro.

REVISÃO DE LITERATURA

Modelos de Posto Reduzido

Um conjunto de características ou variáveis correlacionadas pode ser transformado em um novo conjunto de variáveis, as quais são combinações lineares das originais. O objetivo primário da análise de componentes principais é a obtenção de um pequeno número destas combinações lineares (componentes principais) que retenham o máximo possível da informação contida nas variáveis originais e sejam independentes entre si (MORRISON, 1976). A análise de componentes principais tem

sido bastante utilizada como uma técnica de redução de dimensão em diversas áreas do conhecimento (MEYER & KIRKPATRICK, 2005) e por isso os modelos empregados neste tipo de análise são conhecidos como modelos de posto reduzido.

KIRKPATRICK & MEYER (2004) apresentaram uma metodologia de estimação direta de componentes principais genéticos e ambientais. Neste caso, para o efeito genético aditivo, por exemplo, os componentes principais (CP) são os autovetores da matriz de covariâncias genético-aditivas e são geralmente apresentados em ordem decrescente da variação genética explicada por eles, a qual é mensurada pelos correspondentes autovalores. Quando as características são altamente correlacionadas, os primeiros CPs explicam a maior parte da variação genética e os demais explicam pouca ou quase nenhuma variação (MEYER, 2007). Assim, aqueles CPs que representam pouca variação podem ser ignorados.

KIRKPATRICK & MEYER (2004) e MEYER (2005) apresentaram algumas vantagens associadas à técnica de estimação direta de m componentes principais, dentre as quais se destacam: 1) Dado que a maior parte da variação genética está associada aos primeiros dois ou três CPs, a população pode ser bem descrita por meio de relativamente poucos parâmetros; 2) A variância amostral tende a aumentar com o número de parâmetros estimados. Se os componentes principais omitidos possuem autovalores próximos de zero, o viés nas estimativas em decorrência de tal omissão é insignificante e pode ser compensado pela redução das variâncias amostrais, resultando em menor quadrado médio do resíduo quando comparado às análises de posto completo; 3) Os requerimentos computacionais são reduzidos e comparáveis aos de uma análise m -características de posto completo.

Considere o seguinte modelo linear misto para uma análise simultânea de k características:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e}, \quad (1)$$

em que \mathbf{y} é o vetor de observações; $\boldsymbol{\beta}$, o vetor dos efeitos fixos; \mathbf{u} , o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos; \mathbf{e} , o vetor dos efeitos aleatórios residuais; e \mathbf{X} , \mathbf{Z} são as matrizes de incidência correspondentes às observações para $\boldsymbol{\beta}$ e \mathbf{u} , respectivamente.

Assuma que $\text{Var}(\mathbf{u}) = \Sigma_A \otimes \mathbf{A}$, em que \mathbf{A} é a matriz do numerador dos coeficientes de parentesco; e $\text{Var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R}$, em que \mathbf{R} é a matriz de covariâncias residuais.

Como demonstrado por MEYER & KIRKPATRICK (2004), o modelo (1) pode ser modificado para o ajuste de m componentes principais genéticos aditivos como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}^0\mathbf{u}^0 + \mathbf{e}, \quad (2)$$

em que $\mathbf{Z}^0 = \mathbf{Z}(\mathbf{I}_{N_A} \otimes \mathbf{Q}_m)$ e $\mathbf{u}^0 = (\mathbf{I}_{N_A} \otimes \mathbf{Q}'_m)\mathbf{u}$, com $\text{Var}(\mathbf{u}^0) = \mathbf{A} \otimes \mathbf{I}_m$ e $\mathbf{Q}_m = \mathbf{E}_m(\boldsymbol{\Lambda}_m)^{1/2}$.

Aqui, N_A é número de animais incluídos na análise; m é o número de componentes principais ajustados; \mathbf{E} é a matriz (ordem $k \times m$) dos primeiros m autovetores de Σ_A , onde k é o número de características consideradas na análise e $\boldsymbol{\Lambda}$ é a matriz diagonal dos autovalores de Σ_A .

Modelos Fatoriais

A análise fatorial tem como objetivo principal explicar a correlação entre um conjunto de variáveis (características) por meio de um número limitado de variáveis latentes (fatores), as quais são formadas por combinações lineares das originais (REIS, 1997).

PIEPHO (1997) e SMITH et al. (2001) demonstraram a aplicação da análise fatorial sob a metodologia de modelos mistos em estudos de interação genótipo \times ambiente no melhoramento de plantas, especialmente em ensaios de cultivares sob diferentes condições ambientais. MEYER (2007) empregou análise fatorial em nível genético para o estudo de 14 características de carcaça de bovinos da raça Angus na Austrália. Posteriormente, MEYER (2009) demonstrou o uso desta metodologia e suas vantagens em estudos de interação genótipo \times ambiente no melhoramento animal.

Ao se considerar um modelo fatorial, o efeito genético aditivo, por exemplo, é decomposto em m fatores comuns ortogonais (independentes) e k fatores específicos, inerentes a cada característica. Então, a matriz de covariâncias para o efeito genético aditivo é dada por $\Sigma_A = \Gamma\Gamma' + \Psi$, em que: Γ (ordem $k \times m$) é a matriz de cargas fatoriais;

e Ψ é a matriz das variâncias dos fatores específicos, uma matriz diagonal de ordem k . Assim, o modelo (1) é modificado como apresentado por MEYER (2009):

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}^* \mathbf{c} + \mathbf{Z}\mathbf{s} + \mathbf{e}, \quad (3)$$

em que $\mathbf{Z}^* = \mathbf{Z}(\mathbf{I}_{N_A} \otimes \Gamma_m)$, com $\text{Var}(\mathbf{c}) = \mathbf{I}_m \otimes \mathbf{A}$ e $\text{Var}(\mathbf{s}) = \Psi \otimes \mathbf{A}$. Tem-se que \mathbf{c} é o vetor de fatores comuns, de comprimento mN_A ; \mathbf{s} é o vetor de fatores específicos, de comprimento km e m é o número de fatores comuns considerados.

Modelos de Regressão Aleatória

Nos animais domésticos, algumas características, tais como ganho de peso, produção de leite, fertilidade de sêmen, consumo alimentar e produção de ovos, são mensuradas em vários estádios da vida do indivíduo, sendo os registros provenientes destas mensurações chamados dados longitudinais. Tais características têm sido denominadas características de dimensão infinita, dado o seu caráter contínuo. Biologicamente, diferentes genes se expressando em diferentes idades ou estágios de lactação, causam alterações na fisiologia e, por consequência, no desempenho do indivíduo (SCHAEFFER, 2008).

KIRKPATRICK & HECKMAN (1989) e KIRKPATRICK et al. (1990) demonstraram que este tipo de característica pode ser descrito em função do tempo (idade, dias da lactação...). Assim, por exemplo, a trajetória de crescimento de um indivíduo pode ser descrita como a soma de duas funções contínuas. A primeira, representando o componente genético aditivo, herdado dos pais, e a segunda, atribuída aos efeitos ambientais. Como demonstrado por MEYER & HILL (1997), os coeficientes da função que representa o componente genético aditivo podem ser estimados no contexto da metodologia de modelos mistos a partir de modelos de regressão aleatória (MRA).

Ao se ajustar um MRA, assume-se, implicitamente, uma determinada estrutura de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória, que é imposta pela função ajustada e pode ser caracterizada por uma função de covariâncias. De acordo com VAN DER WERF & SCHAEFFER (1997), uma função de covariância pode ser definida

como uma função contínua que descreve as covariâncias entre as medidas de uma mesma característica tomadas em determinadas idades (dias em lactação) como uma função destas.

Os MRA apresentam uma série de vantagens em relação aos modelos tradicionais, dentre as quais se destacam: incremento da acurácia na avaliação dos indivíduos (KISTEMAKER, 1997; MEYER, 2004; BOLIGON et al., 2011); maior precisão na definição dos grupos contemporâneos e quantificação dos efeitos ambientais (VISSCHER & GODDARD, 1995); possibilidade de cálculo do valor genético para persistência da produção como funções dos dias em lactação (JAMROZIK et al., 1997). Adicionalmente, permitem a inclusão de lactações incompletas, sem a necessidade de projeção das mesmas, viabilizando a realização de avaliações mais frequentes e a redução do intervalo de gerações (SWALVE, 2000).

Basicamente, sob a metodologia de regressão aleatória, o modelo (1) pode ser reescrito como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}^* + \mathbf{Z}_{RA}\mathbf{u}^* + \mathbf{W}\mathbf{p} + \mathbf{e}, \quad (4)$$

em que $\boldsymbol{\beta}^*$ é o vetor dos efeitos fixos, agora incluindo também os coeficientes referentes à regressão fixa, a qual modela, por exemplo, a trajetória média da população; \mathbf{u}^* é o vetor dos coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético aditivo; \mathbf{p} é o vetor dos coeficientes de regressão aleatória para o efeito de ambiente permanente; \mathbf{e} , o vetor de efeito aleatório residual; e \mathbf{X} , \mathbf{Z}_{RA} e \mathbf{W} são as matrizes de incidência correspondentes às observações para efeitos fixos, efeitos aleatórios genético aditivos e de ambiente permanente. Assume-se que $\mathbf{Var}(\mathbf{u}^*) = \boldsymbol{\Lambda}_A \otimes \mathbf{A}$ e $\mathbf{Var}(\mathbf{p}) = \boldsymbol{\Lambda}_P \otimes \mathbf{I}$, onde $\boldsymbol{\Lambda}_A$ e $\boldsymbol{\Lambda}_P$ são, respectivamente, as matrizes de covariâncias genético-aditivas e de efeito de ambiente permanente entre os coeficientes de regressão aleatória.

Vários modelos de regressão aleatória podem ser utilizados para descrever dados longitudinais, os quais diferem entre si por meio das funções empregadas para ajustar a trajetória ao longo do tempo. Dentre estas funções, destacam-se os polinômios ortogonais de Legendre e, mais recentemente, os polinômios segmentados ou *Splines*.

Polinômios Ortogonais de Legendre

KIRKPATRICK et al. (1990) apresentaram métodos de estimação de funções de covariância para análise de curvas de crescimento utilizando polinômios ortogonais de Legendre (ϕ_k), que apresentam basicamente a seguinte fórmula:

$$\phi_k(a^*) = \frac{1}{2} \sqrt{\frac{2k+1}{2}} \cdot \sum_{m=0}^{[k/2]} (-1)^m \binom{k}{m} \binom{2k-2m}{k} (a^*)^{k-2m},$$

em que a^* são as idades (dias em lactação) padronizadas para a amplitude em que o polinômio é definido $[-1 \text{ a } +1]$, k é a ordem do polinômio e $[.]$ indica que os valores da fração são arredondados para baixo, assumindo o valor do inteiro mais próximo. As idades são padronizadas utilizando-se a fórmula:

$$a_i^* = \frac{2(a_i - a_{\min})}{a_{\max} - a_{\min}} - 1,$$

em que a_{\max} e a_{\min} são as idades máxima e mínima, respectivamente, em que a característica foi medida.

Os autores justificam a escolha de uma família de métodos que envolvem ajustes de funções ortogonais para os dados, pelo fato de que estas são frequentemente utilizadas em análises de padrões de variância genética em trajetórias de crescimento. De acordo com SCHAEFFER (2008), polinômios ortogonais tendem a reduzir as correlações entre os coeficientes de regressão estimados, melhorando a velocidade do processo de convergência.

EL FARO & ALBUQUERQUE (2003) estudaram modelos de regressão aleatória para ajuste aos dados de produção de leite no dia do controle (PLDC) de primeiras lactações de vacas Caracu. Foram testados 14 modelos, que diferiam quanto à maneira de ajuste das estruturas de variâncias residuais, considerando-as como classes ou funções de variâncias. As regressões aleatórias genético-aditivas e de ambiente permanente foram modeladas por polinômios ortogonais de Legendre de grau cúbico. Os autores concluíram que o modelo mais adequado aos dados foi aquele que continha 15 classes de variância residual.

COSTA et al. (2005), trabalhando com dados de PLDC de primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro, compararam modelos de regressão aleatória, ajustados com as funções logarítmica de Ali & Schaeffer, exponencial de Wilmink ou polinômios ortogonais de Legendre de graus 2 a 4, sob as pressuposições de homogeneidade e heterogeneidade de variâncias residuais, definidas por 1 ou 4 classes, respectivamente. O modelo mais adequado foi aquele que utilizou polinômios de Legendre de grau 4 (quártico) para a modelagem das variâncias genético-aditivas e de ambiente permanente, contendo 4 classes de variâncias residuais.

Estudando registros de PLDC de primeiras lactações de vacas da raça Holandesa, COSTA et al. (2008) utilizaram polinômios de Legendre de ordens 3 a 5 para a modelagem das variâncias genético-aditivas e de ambiente permanente, sob homogeneidade (1 classe) ou heterogeneidade (4 ou 29 classes) de variâncias residuais. Concluíram que o modelo que utilizou polinômio de Legendre de ordem 5 e variância residual homogênea poderia ser utilizado para ajuste aos dados.

Polinômios Segmentados (Splines)

De acordo com DODGE et al. (2003), *Splines* são geralmente definidas como curvas constituídas por segmentos de polinômios que são suavemente unidos em determinados pontos, denominados nós.

Os polinômios segmentados (*Splines*) são aplicados em diversas áreas do conhecimento, como na computação gráfica, engenharia e arquitetura. No melhoramento animal, mais recentemente, têm sido utilizados principalmente no ajuste de curvas de lactação e de crescimento.

Uma função *Spline* pode ser descrita de forma simplificada como a seguir (RUPPERT et al. 2003):

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 t_i + \sum_k \beta_{1k} (t_i - T_k)_+ + \varepsilon_i,$$

em que y_i representa as observações; t_i as medidas repetidas com $i=1, \dots, n$, e assumindo os nós T_k ; β_0 e $\beta_1 t_i$ denotam o intercepto e o coeficiente de regressão linear, respectivamente; ε_i é o resíduo pertencente a y_i e $(x)_+ = \max(0, x)$ igual a x se x é

positivo, caso contrário igual a 0, onde $x = t_i - T_k$. Como resultado, tem-se uma inclinação de β_1 para o primeiro segmento, para $t_i \leq T_1$, uma inclinação de $\beta_1 + \beta_{11}$ para o segundo segmento, com $T_1 \leq t_i \leq T_2$, e uma inclinação de $\beta_1 + \sum_{k=1}^m \beta_{1k}$ para o segmento limitado entre T_m e T_{m+1} . Para *spline* de segmentos de polinômios de grau p , a equação anterior é expandida para:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 t_i + \dots + \beta_p t_i^p + \sum_k \beta_{pk} (t_i - T_k)_+^p + \varepsilon_i,$$

em que β_p é o p -ésimo coeficiente de regressão.

De acordo com MISZTAL (2006), cada coeficiente de uma função *Spline* atua somente em uma fração da trajetória estudada, proporcionando a possibilidade de melhores propriedades numéricas e maior facilidade no processo de estimação dos parâmetros. Adicionalmente, as posições dos nós podem ser escolhidas de acordo com o padrão das mudanças ao longo da trajetória, podendo-se posicioná-los mais próximos em regiões que apresentam mudanças rápidas e mais espaçados nas demais.

Segundo SCHENKEL (1989), os polinômios segmentados possuem vantagens quando comparados aos polinômios ordinários: 1) Quebra da multicolinearidade, aumentando a confiabilidade dos valores estimados, uma vez que minimizam o fator de inflação da variância e o viés dos estimadores; 2) O comportamento da função que descreve a relação das variáveis em uma região torna-se mais independente do comportamento em outras regiões com características distintas, o que torna a capacidade de aderência da função *Spline* aos pontos superior a dos polinômios ordinários; 3) A medida de qualidade do ajustamento, dada normalmente pela redução da soma de quadrados total devido à regressão, será bastante uniforme para a curva inteira do polinômio segmentado, independentemente da uniformidade da distribuição das observações; 4) Funções não lineares e polinômios ordinários de graus elevados podem ser aproximados por polinômios segmentados que são lineares nos parâmetros, de fácil estimação, com propriedades ótimas e de simples interpretação biológica.

SILVESTRE et al. (2006) estudaram 7 diferentes funções matemáticas para ajuste aos dados de PLDC aferidos do 5^o ao 305^o dia da lactação. As lactações foram

distribuídas em 8 grupos amostrais utilizando-se 2 critérios: intervalo do parto ao primeiro controle leiteiro e intervalo de controles leiteiros. Os autores verificaram, em todos os grupos, a superioridade de ajuste das funções *Splines* cúbicas, com 4, 11 ou 32 nós equidistantes, sobre todas as outras funções matemáticas. Tal superioridade ficou ainda mais evidente nos grupos com intervalos do parto ao primeiro controle e intervalo de controles maiores.

Trabalhando com registros de produção de leite, gordura e proteína no dia do controle e também com escores de células somáticas de vacas Holandesas nos EUA, DEGROOT et al. (2007) utilizaram funções *Splines* cúbicas com 5 nós, predeterminados aos dias 0, 50, 135, 220 e 305 da lactação, para a modelagem das variâncias genético-aditivas e de ambiente permanente. As estimativas de herdabilidade ao longo da lactação foram de 0,10 a 0,15; 0,06 a 0,10; 0,09 a 0,15; e 0,02 a 0,06, para as produções de leite, gordura, proteína e escore de células somáticas, respectivamente. As estimativas de herdabilidade foram menores quando comparadas às obtidas por outros modelos de regressão aleatória. Os autores justificaram tal fato pela grande quantidade de dados provenientes de vacas não registradas, as quais podem possuir maior incidência de erros de pedigree.

BOHMANOVA et al. (2008), estudando dados de produção de leite, gordura e proteína no dia do controle e também de escores de células somáticas de vacas Holandesas no Canadá, compararam 4 modelos de regressão aleatória, em que as regressões fixas e aleatórias eram ambas ajustadas por polinômios de Legendre de grau 4 ou funções *Splines* lineares com 4, 5 ou 6 nós. Foram consideradas 12 classes de variância residual. Os autores concluíram que o modelo que utilizava funções *Splines* lineares com 6 nós foi superior aos demais modelos, devendo ser preferido para as avaliações genéticas da raça no Canadá.

BIGNARDI et al. (2008) utilizaram funções *B-splines* para ajuste aos dados de PLDC de primeiras lactações de vacas da raça Holandesa no Brasil. Os efeitos aleatórios genético-aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de funções *B-splines* lineares, quadráticas ou cúbicas, com até 7 nós. O resíduo foi considerado heterogêneo, contendo 6 classes de variâncias. O modelo empregando *B-*

spline cúbica com o número de coeficientes de regressão aleatória igual 8 tanto para o efeito aleatório genético aditivo como de ambiente permanente foi o mais adequado para o ajuste aos dados. Para este, os valores de herdabilidade variaram entre 0,20 e 0,40 ao longo da lactação.

REFERÊNCIAS

- BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Modelos de regressão aleatória empregando funções B-splines para modelar a produção de leite de vacas da raça Holandesa. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 45., 2008, Lavras. **Anais...** Lavras: SBZ, 2008. (CD-ROM).
- BOLIGON, A.A.; BALDI, F.; MERCADANTE, M.E.Z. Breeding value accuracy estimates for growth traits using random regression and multi-trait models in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.10, n.2, p.1227-1236, 2011.
- BOHMANOVA, J.; MIGLIOR, F.; JAMROZIK, J. et al. Comparison of random regression models with Legendre polynomials and linear splines for production traits and somatic cell score of Canadian holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v.91, p.3627-3638, 2008.
- COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; MACHADO, C.H.C. et al. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.1520-1531, 2005.
- COSTA, C. N.; MELO, C.M.R.; PACKER, I.U. et al. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.4, p.602-608, 2008.
- DEGROOT, B.J.; KEOWN, J.F.; VAN VLECK, L.D. et al. Estimates of genetic parameters for Holstein cows for test-day yield traits with a random regression cubic spline model. **Genetics and Molecular Research**, v.6, n.2, p.434-444, 2007.
- DODGE, Y., **The Oxford Dictionary of Statistical Terms**, Oxford University Press, Oxford and New York, 2003.

- EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para a 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.
- HERRERA, L.G.G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. et al . Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.9, p.1584-1594, 2008.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.1217-1226, 1997.
- KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, p.429-450, 1989.
- KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, p.979-993, 1990.
- KIRKPATRICK, M.; MEYER, K. Direct estimation of genetic principal components: Simplified analysis of complex phenotypes. **Genetics**, v.168, p.2295-2306, 2004.
- KISTEMAKER, G. **The comparison of random regression test-day models and a 305-day model for evaluation of milk yield in dairy cattle**. 1997. Ph.D. Thesis. University of Guelph, Guelph, Canadá.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MEYER, K. Genetic principal components for live ultrasound scan traits of Angus cattle. **Animal Science**, v.81, p.337-345, 2005.
- MEYER, K. Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor analytic models. **Journal Animal Breeding Genetics**, v. 124, p.50-63, 2007.
- MEYER, K. Factor-analytic models for genotype \times environment type problems and structured covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v.41, p.21-32, 2009.

- MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, p.185-200, 1997.
- MEYER, K.; KIRKPATRICK, M. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.1-30, 2005.
- MISZTAL, I. Properties of random regression models using linear splines. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.123, p.74-80, 2006.
- MORRISON, D.F. **Multivariate statistical methods**. 2.ed New York: McGraw-Hill company, p.415, 1976.
- PEREIRA, R.J.; LOPES, P.S.; VERNEQUE, R.S. et al. Funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir leiteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.11, p.1303-1311, 2010.
- PIEPHO, H.P. Analyzing genotype-environment data by mixed models with multiplicative terms. **Biometrics**, v.53, p.761-766, 1997.
- 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.
- REIS, E. **Estatística multivariada aplicada**. Lisboa, 1997.
- REKAYA, R.; CARBAÑO, M.J.; TORO, M.A. Use of test day yield for the genetic evaluation of production traits in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, v.57, p.203-217, 1999.
- RUPPERT, D.; WAND, M.P.; CARROLL, R.J. **Semiparametric Regression**. Cambridge University Press, New York, 2003.
- SANTOS, D.J.A. ; PEIXOTO, M.G.C.D. ; TONHATI, H. et al. Modelos de regressão aleatória para ajustamento da produção de leite no dia de controle de vacas Guzerá, considerando estrutura heterogênea de variância residual. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 47., 2010, Salvador. **Anais...** Salvador, 2010. v.1, p.1-3.
- SCHAEFFER L.R., 2008. **Random regression**. <<http://www.aps.uoguelph.ca/%7EElrs/ABModels/NOTES/RRM14a.pdf>>. Acessado em junho de 2008.

- SCHENKEL, F.S. **Utilização de polinômios segmentados na pesquisa zootécnica (considerações teóricas e práticas)**. Universidade Federal do Rio Grande do Sul – Faculdade de Agronomia – Departamento de Zootecnia, Seminário em Zootecnia, Porto Alegre-RS, 1989.
- SILVESTRE, A.M.; PETIM-BATISTA, F.; COLACO, J. The accuracy of seven mathematical functions in modeling dairy cattle lactation curves based on test-day records from varying sampling schemes. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.1813–1821, 2006.
- SMITH A.B.; CULLIS B.R.; THOMPSON R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trends. **Biometrics**, v.57, p.1138-1147, 2001.
- SWALVE, H.H. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.1115-1124, 2000.
- VAN DER WERF, J.; SCHAEFFER, L. **Random Regression in Animal Breeding**. Course Notes, Ontário: University of Guelph, p.70, 1997.
- VERNEQUE, R.S.; PANETTO, J.C.C.; BRUNELI, F.A.T. et al. **Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro – Sumário Brasileiro de Touros – Resultado do Teste de Progênie – Maio 2011**. Juiz de Fora: EMBRAPA Gado de Leite. 58p. , 2011 (Documentos, 145).
- VISSCHER, P.M.; GODDARD, M.E. Genetic parameters for milk yield, survival, workability and type traits for Australian dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.78, n.1, p.205-220, 1995.

CAPÍTULO 2 – ANÁLISES MULTICARACTERÍSTICAS DA PRODUÇÃO DE LEITE NO DIA DO CONTROLE EM BOVINOS GIR LEITEIRO UTILIZANDO MODELOS DE POSTO REDUZIDO E FATORIAL

RESUMO – Foram analisados 46.161 controles mensais de produção de leite de 7.453 primeiras lactações de vacas da raça Gir Leiteiro e cruzadas com Holandês. Compararam-se sete modelos: multicaracterísticas padrão (M10), três modelos de posto reduzido ajustando os primeiros 2, 3 ou 4 componentes principais genéticos e três modelos considerando-se uma estrutura de análise fatorial para a matriz de covariâncias genéticas, com 2, 3 ou 4 fatores. Em todos os modelos avaliados, foram consideradas matrizes de covariâncias residuais de posto completo. Entre todos os modelos, o modelo ajustando os dois primeiros componentes principais (CP2) foi o melhor de acordo com os critérios de comparação. As estimativas de variâncias fenotípicas, genéticas e residuais para os modelos M10 e CP2 foram semelhantes. As estimativas das herdabilidades variaram entre 0,14 e 0,21 e entre 0,13 e 0,21, para os modelos M10 e CP2, respectivamente. As estimativas de correlação genética obtidas com o modelo CP2 foram discretamente superiores às obtidas com modelo M10. O modelo CP2 diminuiu consideravelmente o número de parâmetros estimados e o tempo gasto para a convergência. Os resultados indicam que somente dois componentes principais são suficientes para a modelagem da estrutura de covariâncias genéticas entre as produções de leite no dia do controle.

Palavras-chave: análise fatorial, componentes principais, produção de leite

INTRODUÇÃO

Na região tropical do planeta, os sistemas de produção de leite são predominantemente baseados na utilização do pasto como o principal alimento para os animais. Nestes, o material genético é composto principalmente de bovinos zebuínos leiteiros e seus cruzamentos. A raça Gir Leiteiro (*Bos indicus*) conta no Brasil com o Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL), o qual tem como objetivo principal o melhoramento genético desta raça, por meio da identificação e seleção de touros geneticamente superiores para as características de produção, conformação e manejo (VERNEQUE et al., 2011). Dentre as 23 características avaliadas pelo PNMGL, a produção de leite certamente é a de maior importância econômica.

Os registros de produção de leite diária, geralmente aferidos a cada 30 dias, são utilizados para a estimação da produção de leite acumulada até 305 dias de lactação (P305), a qual é utilizada como critério de seleção nas avaliações genéticas não somente da raça Gir Leiteiro, mas também de outras raças como Guzerá, Girolando e Holandês no Brasil.

Atualmente, existe um consenso sobre a utilização de modelos de avaliação genética que utilizem a produção de leite no dia do controle (PLDC) em substituição à P305, visto que proporcionam incremento da acurácia de seleção dos animais (KISTEMAKER, 1997) e permitem a inclusão de lactações incompletas, sem a necessidade de projeção das mesmas, viabilizando a realização de avaliações mais frequentes e a redução do intervalo de gerações (SWALVE, 2000).

Uma das alternativas para o uso das PLDC é a utilização de um modelo multicaracterísticas, considerando a produção em cada um dos dez meses da lactação como uma característica diferente. Contudo, dado o grande esforço computacional requerido e a dificuldade de estimação acurada de um grande número de parâmetros, o ajuste de um modelo de avaliação genética com todas as dez características pode ser limitado (MEYER, 2007a). Isto tem motivado a aplicação de modelos de posto reduzido em nível genético, como por exemplo, a metodologia de componentes principais

(KIRKPATRICK & MEYER, 2004). Os componentes principais são variáveis não correlacionadas entre si cujo objetivo é explicar a máxima quantidade de variação, e são obtidos por combinações lineares de um conjunto de características correlacionadas (KIRKPATRICK & MEYER, 2004). Assim, aqueles componentes que representam pouca variação podem ser ignorados e com isso há uma redução no número de parâmetros a serem estimados. Outra alternativa para a redução do número de parâmetros estimados são os modelos fatoriais (MEYER, 2007a). Estes envolvem a identificação de fatores comuns, responsáveis pelo relacionamento entre as características, e específicos, independentes entre si e inerentes a cada característica (MEYER, 2009).

Assim, objetivou-se com este estudo comparar os modelos multicaracterísticas padrão, de posto reduzido e fatorial, para analisar produção de leite no dia do controle de primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro e cruzadas, tendo em vista a estimação de parâmetros genéticos para esta característica.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados

Os dados utilizados no estudo foram extraídos do Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Leite, o qual é mantido pela Embrapa Gado de Leite. Utilizaram-se 46.161 registros de PLDC de 7.453 primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro (GL) e cruzadas com Holandês, filhas de 598 touros Gir Leiteiro, com idade ao parto entre 20 e 66 meses, distribuídas em 270 rebanhos. Somente os controles entre o 5º e o 305º dia da lactação foram considerados. Foram incluídas no estudo lactações que atendiam às condições: primeiro controle leiteiro realizado antes de 45 dias após o parto e número de controles superior a três. Adicionalmente, grupos contemporâneos (rebanho-ano-estação de controle) com menos de quatro vacas foram excluídos. Os meses em que ocorreram os controles foram agrupados em quatro estações, sendo 1 = águas:

dezembro, janeiro e fevereiro; 2 = transição águas-seca: março a maio; 3 = seca: junho a agosto e 4 = transição seca-águas: setembro a novembro. As vacas foram distribuídas em 5 grupos genéticos: 1 = 100% GL; 2 = $87,5\% \leq GL < 100\%$; 3 = $75\% \leq GL < 87,5\%$; 4 = $62,5\% \leq GL < 75\%$; e 5 = $50\% \leq GL < 62,5\%$. As PLDC foram agrupadas em dez classes mensais de lactação e cada classe foi considerada uma característica diferente.

Modelos

Foram realizadas sete análises considerando-se as 10 características simultaneamente. Primeiramente, utilizou-se um modelo multicaracterísticas padrão (M10). Posteriormente, foram avaliados três modelos de posto reduzido para a matriz de covariâncias genético-aditivas (Σ_A), ajustando os primeiros 2 (CP2), 3 (CP3) ou 4 (CP4) componentes principais. Por último, foram avaliados três modelos considerando-se uma estrutura de análise fatorial para Σ_A com 2 (F2), 3 (F3) ou 4 (F4) fatores.

Foram incluídos, em todos os modelos, os efeitos aleatórios genético aditivo e residual, bem como os efeitos fixos do grupo contemporâneo, grupo genético, idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático) e dias em lactação (efeito linear).

Modelo multicaracterísticas

Utilizou-se o seguinte modelo linear misto:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e}, \quad (I)$$

em que \mathbf{y} é o vetor de observações; $\boldsymbol{\beta}$, o vetor dos efeitos fixos; \mathbf{u} , o vetor dos efeitos aleatórios genético-aditivos; \mathbf{e} , o vetor dos efeitos aleatórios residuais; e \mathbf{X} , \mathbf{Z} são as

matrizes de incidência correspondentes às observações para β e u , respectivamente. Foi assumido $\text{Var}(u) = \Sigma_A \otimes A$, em que A é a matriz do numerador dos coeficientes de parentesco; e $\text{Var}(e) = R$, em que R é a matriz de covariâncias residuais. As equações de modelos mistos podem ser representadas por:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \Sigma_A^{-1} \otimes A^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{pmatrix} \quad (\text{II})$$

Modelo de posto reduzido

Para as análises utilizando-se componentes principais, o modelo (I) foi modificado como em MEYER & KIRKPATRIK (2005):

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}^0\mathbf{u}^0 + \mathbf{e}, \quad (\text{III})$$

em que $\mathbf{Z}^0 = \mathbf{Z}(\mathbf{I}_{N_A} \otimes \mathbf{Q}_m)$ e $\mathbf{u}^0 = (\mathbf{I}_{N_A} \otimes \mathbf{Q}'_m)\mathbf{u}$, com $\text{Var}(u^0) = A \otimes \mathbf{I}_m$ e $\mathbf{Q}_m = \mathbf{E}_m(\Lambda_m)^{1/2}$. Para esse modelo, N_A é o número de animais incluídos na análise; m é o número de componentes principais ajustados; \mathbf{E} é a matriz (ordem $k \times m$) dos primeiros m autovetores de Σ_A , onde k é o número de características consideradas na análise e Λ é a matriz diagonal dos autovalores de Σ_A . Assim, as equações de modelos mistos são representadas por:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}^0 \\ \mathbf{Z}^0'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}^0'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}^0 + A^{-1} \otimes \mathbf{I}_m \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u}^0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}^0'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{pmatrix} \quad (\text{IV})$$

Modelo fatorial

Para as análises fatoriais, o modelo (I) foi modificado como apresentado por MEYER (2009):

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}^*\mathbf{c} + \mathbf{Z}\mathbf{s} + \mathbf{e}, \quad (\text{V})$$

em que $\mathbf{Z}^* = \mathbf{Z}(\mathbf{I}_{N_A} \otimes \boldsymbol{\Gamma}_m)$, com $\text{Var}(\mathbf{c}) = \mathbf{I}_m \otimes \mathbf{A}$ e $\text{Var}(\mathbf{s}) = \boldsymbol{\Psi} \otimes \mathbf{A}$. Assim, tem-se que $\boldsymbol{\Gamma}$ (ordem $k \times m$) é a matriz de cargas fatoriais; $\boldsymbol{\Psi}$ é a matriz das variâncias dos fatores específicos (\mathbf{s}), uma matriz diagonal de ordem k ; \mathbf{c} é o vetor de fatores comuns, de comprimento mN_A ; \mathbf{s} é o vetor de fatores específicos, de comprimento km e m é o número de fatores comuns considerados. As equações de modelos mistos podem ser representadas por:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}^* & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}^{*\prime}\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}^{*\prime}\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}^* + \mathbf{I}_m \otimes \mathbf{A}^{-1} & \mathbf{Z}^{*\prime}\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}^* & \mathbf{Z}^{*\prime}\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \boldsymbol{\Psi} \otimes \mathbf{A}^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{\boldsymbol{\beta}} \\ \hat{\mathbf{c}} \\ \hat{\mathbf{s}} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}^{*\prime}\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{pmatrix} \quad (\text{VI})$$

Em todos os modelos avaliados, foram consideradas matrizes de covariâncias residuais de posto completo (ordem 10×10).

Os componentes de covariância foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o programa WOMBAT (MEYER, 2007b).

Comparação de modelos

Os modelos foram comparados considerando-se o logaritmo do máximo da função de verossimilhança ($\log L$) e dois critérios de informação. O critério de informação de Akaike corrigido para o tamanho amostral (AIC_C) foi calculado como proposto por BURNHAM & ANDERSON (2004):

$$AIC_C = -2\log L + 2p \left(1 + \frac{p+1}{N-p-1} \right),$$

em que p é o número de parâmetros (componentes de variância) a ser estimado e N é o número de observações considerado na análise. O critério da informação Bayesiano de Schwarz (BIC) foi calculado como:

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

em que $r(X)$ é o posto da matriz dos coeficientes para os efeitos fixos.

A acurácia da estimativa de um componente principal genético (CP) foi avaliada como o desvio do i -ésimo autovetor da análise ajustando m CPs (ou fatores) em relação ao seu correspondente, obtido a partir da análise M10. Tal desvio foi mensurado pelo ângulo (em graus) entre os correspondentes autovetores (KIRKPATRICK & MEYER, 2004):

$$\alpha_i = \left(\frac{180}{\pi} \right) \arccos \left(\frac{e'_{i,m} e_{i,10}}{|e_{i,m}| |e_{i,10}|} \right),$$

em que $e_{i,m}$ e $e_{i,10}$ são os i -ésimos autovetores estimados a partir das análises CPm (ou Fm) e M10, respectivamente; $|\cdot|$ é a norma de um vetor.

Adicionalmente, os modelos foram comparados pelas similaridades entre as matrizes de correlações obtidas com o modelo CPm (ou Fm) e com o modelo M10 (MEYER, 2007a):

$$\Delta r = \sum_{i=1}^{10} \sum_{j=i+1}^{10} \frac{(r_{ij,m} - r_{ij,10})^2}{45},$$

em que Δr é a média do quadrado dos desvios das correlações; $r_{ij,m}$ e $r_{ij,10}$ são as estimativas das correlações entre as características i e j obtidas a partir das análises CPm (ou Fm) e M10, respectivamente.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média geral da produção de leite no dia do controle foi de 10,03 kg, com desvio padrão de 4,58 kg. A maior produção ocorreu no segundo mês da lactação (Tabela 1).

Os três maiores autovalores da matriz de covariâncias genético-aditivas, obtidos a partir da análise M10, representaram 91,14; 6,18 e 1,33% da variação genética total entre os animais, respectivamente. Tais resultados indicam que uma grande proporção da variação genética pode ser explicada a partir de poucos autovalores, associados aos quais se tem os principais autovetores (componentes principais). Tal resultado era esperado, dadas as altas correlações genéticas entre as produções nos diferentes meses da lactação.

Tabela 1. Número de observações (N), médias, desvios-padrão (DP), dia da lactação médio (DLM) e número de grupos contemporâneos (NGC) para as para as classes de produção no dia do controle (PL_i) avaliadas

Característica (kg)	N	Média	DP	DLM	NGC
PL ₁	3.964	11,07	4,27	18	653
PL ₂	5.469	11,69	4,71	45	865
PL ₃	5.553	11,19	4,74	75	868
PL ₄	5.445	10,70	4,73	105	855
PL ₅	5.207	10,21	4,60	135	815
PL ₆	4.947	9,66	4,44	165	793
PL ₇	4.654	9,21	4,23	195	748
PL ₈	4.262	8,62	4,04	225	709
PL ₉	3.612	8,27	3,95	255	609
PL ₁₀	3.048	7,98	3,95	285	513

O log L aumentou com o incremento no número de parâmetros do modelo, sendo maior para o modelo de posto completo, M10 (Tabela 2). Entretanto, ao se observarem

os valores de AIC_c e BIC, o modelo M10 foi o pior dentre os avaliados. De acordo com estes critérios, aquele que ajusta os dois primeiros componentes principais (CP2), contendo 74 parâmetros, é o melhor modelo. Ambos os critérios combinam qualidade de ajuste com grau de complexidade, sendo o modelo escolhido aquele de melhor qualidade aliada ao menor grau de complexidade. Estes resultados são semelhantes aos relatados por BIGNARDI et al. (2010), que reportaram que somente dois componentes principais foram suficientes para modelar a estrutura de covariâncias genético-aditivas entre as produções de leite no dia do controle de bovinos da raça Holandesa.

Tabela 2. Número de parâmetros (p) para os diferentes modelos, logaritmo do máximo da função de verossimilhança ($\log L$), critérios de informação de Akaike (AIC_c) e Bayesiano de Schwarz (BIC), estimativas da variação total ($\sum \lambda_i$) e medidas de discrepância entre as estimativas a partir da análise M10

Modelo	p	$\log L^*$	AIC_c^*	BIC*	Genético				Residual	
					$\sum \lambda_i$	$\sqrt{\Delta r}$	α_1	α_2	$\sum \lambda_i$	$\sqrt{\Delta r}$
CP2	74	-9,9	0	0	15,82	0,037	0,8	4,2	75,64	0,005
CP3	82	-3,8	2,0	36,2	16,00	0,029	0,8	4,3	75,46	0,005
CP4	89	-0,4	5,6	69,7	16,15	0,018	0,2	2,4	75,30	0,003
M10	110	0	26,3	180,2	16,44	0	0	0	75,13	0
F2	84	-3,5	3,7	46,5	16,00	0,027	0,6	4,1	75,46	0,004
F3	92	-0,2	8,4	85,3	15,99	0,024	0,6	4,7	75,36	0,004
F4	99	-0,0	15,2	122,2	16,15	0,018	0,2	2,4	75,30	0,003

CPm: modelo ajustando m primeiros componentes principais, Fm: modelo fatorial com m fatores, M10: modelo multicaracterísticas padrão; * valores expressos como desvio do respectivo melhor valor; $\sqrt{\Delta r}$ raiz quadrada da média do quadrado dos desvios das correlações; α_i : ângulo (em graus) entre as i -ésimas estimativas dos autovetores.

Quando comparados os valores do $\log L$ dos modelos CPm com aqueles dos modelos Fm observou-se que a melhoria na qualidade de ajuste proporcionada pelos parâmetros adicionais (variâncias específicas) dos modelos Fm foi muito pequena. O número de estimativas das variâncias específicas que explicaram menos de 0,01% da variação fenotípica foram 5, 7 e 10 para as análises considerando-se 2, 3 ou 4 fatores, respectivamente. O maior percentual da variação fenotípica explicado por um componente de variância específica foi de 1,43% para a característica PL_1 na análise F2. Como as características possuem, em geral, alta correlação genética entre si, os

fatores comuns conseguem explicar quase a totalidade da variação genética entre os animais e, portanto, a adição de fatores específicos não é necessária, sendo os modelos Fm preteridos em relação aos CPm.

Em geral, com o aumento no número de parâmetros do modelo, observou-se pequeno incremento na variância genética total e correspondente decréscimo na variância residual total (Tabela 2). Os ângulos entre os i -ésimos autovetores foram, em geral, muito pequenos para todos os modelos avaliados, sendo um pouco superiores para o segundo autovetor (Tabela 2). Da mesma forma, a similaridade entre as estimativas de correlações das análises CPm (ou Fm) e aquelas da análise M10 foram altas para todos os modelos avaliados (Tabela 2). Estes resultados sugerem que os parâmetros genéticos e residuais são estimados com alta acurácia mesmo quando são utilizados poucos componentes principais (fatores).

Um autovetor corresponde aos pesos dados às características originais quando o componente principal é formado (MEYER, 2007a). As estimativas dos dois primeiros autovetores genéticos foram contrastadas para as análises CP2 e M10 (Figura 1). Não foram observadas diferenças importantes entre as duas análises, indicando que a direção dos primeiros componentes principais foi estimada corretamente. O primeiro autovetor apresentou ponderações positivas e aproximadamente constantes para todas as características e seu valor genético associado corresponde ao potencial médio do animal ao longo da lactação (DRUET et al., 2003). A seleção baseada no primeiro autovetor permite alterar a produção ao longo da lactação no mesmo sentido. Por outro lado, o segundo autovetor apresentou ponderações crescentes do início (-0,56) ao fim da lactação (0,54), e a seleção baseada neste permite alterar o formato da curva de lactação (persistência da produção) da população (OLORI et al., 1999).

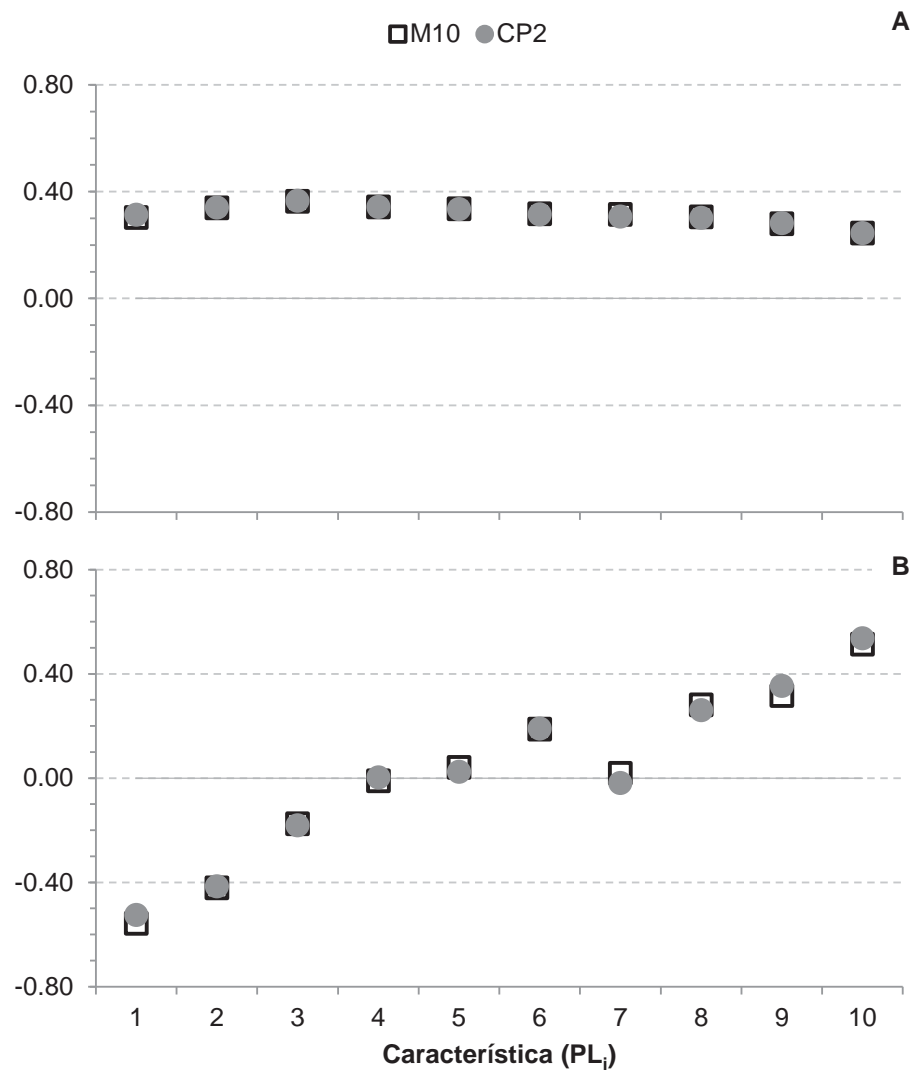


Figura 1. Estimativas dos primeiros (A) e segundos (B) autovetores para as análises ajustando-se dois componentes principais (CP2) ou multicaracterísticas padrão (M10).

As estimativas de variância fenotípica obtidas com os modelos M10 e CP2 foram muito similares e variaram entre 8,14 kg² e 10,11 kg², sendo maiores no primeiro terço da lactação. Com comportamento semelhante, as variâncias genético-aditivas variaram entre 1,17 kg² e 2,03 kg². As estimativas de herdabilidade para os modelos M10 e CP2 são apresentadas na Tabela 3. Seguindo as tendências das variâncias fenotípicas e genético-aditivas, as herdabilidades foram superiores no início da lactação. Estimativas similares foram reportadas por PEREIRA et al. (2010) trabalhando com parte da mesma

população deste estudo, entretanto utilizando modelos de regressão aleatória. LEDIC et al. (2002), trabalhando com registros de PLDC referentes às três primeiras lactações de bovinos Gir Leiteiro em modelos bicaracterísticas, encontraram estimativas variando entre 0,14 e 0,24. HERRERA et al. (2008), utilizando modelos bicaracterísticas, obtiveram estimativas variando entre 0,14 e 0,34 para as PLDC de primeiras lactações de vacas da raça Gir Leiteiro. Quando comparadas às do modelo M10, as estimativas de herdabilidade obtidas com o modelo CP2, bem como seus respectivos erros padrão, foram muito similares.

Tabela 3. Estimativas de herdabilidade e respectivos erros padrão (entre parênteses) para o modelo multicaracterísticas padrão (M10) e para o modelo ajustando dois componentes principais (CP2).

Modelo	PL ₁	PL ₂	PL ₃	PL ₄	PL ₅	PL ₆	PL ₇	PL ₈	PL ₉	PL ₁₀
M10	0,21 (0,04)	0,20 (0,03)	0,20 (0,03)	0,19 (0,03)	0,18 (0,03)	0,17 (0,03)	0,18 (0,03)	0,17 (0,03)	0,15 (0,03)	0,14 (0,03)
CP2	0,21 (0,04)	0,20 (0,03)	0,20 (0,03)	0,18 (0,03)	0,18 (0,03)	0,16 (0,02)	0,16 (0,02)	0,16 (0,03)	0,15 (0,03)	0,13 (0,03)

De maneira semelhante, as correlações genético-aditivas entre as características (classes de PLDC) para ambos os modelos foram muito próximas. Entretanto, as do modelo CP2 foram um pouco superiores às do M10 (Figura 2). Tal fato pode ser justificado, pois, ajustando-se um ou poucos componentes principais, as correlações entre as características são forçadas a ter um valor absoluto próximo à unidade (MEYER, 2007a). As correlações foram próximas à unidade entre classes adjacentes, decrescendo para valores próximos a 0,55 entre a primeira e a décima classe. Este padrão está de acordo com os obtidos por LEDIC et al. (2002) e HERRERA et al. (2008).

A redução no número de parâmetros estimados obtida com o modelo CP2 (74 parâmetros), quando comparado ao modelo M10 (110 parâmetros), foi bastante significativa e representa como vantagem o menor esforço computacional ao se realizar a estimação de componentes de variância e avaliação genética dos animais, principalmente se desempenhos de lactações múltiplas fossem usados nas análises.

Estes resultados mostram que o ajuste de poucos componentes principais é suficiente para modelar a estrutura de covariâncias genético-aditivas entre as PLDC, provavelmente devido às altas correlações genético-aditivas entre a maior parte das características (classes de PLDC).

Apesar da redução do número de parâmetros a ser estimado proporcionada pelo modelo CP2, ainda assim este permanece grande. Portanto, estudos adicionais considerando-se outras metodologias, como os modelos de regressão aleatória, fazem-se necessários para que se encontre a melhor forma de modelagem da produção de leite no dia do controle e assim permitir o seu uso nas avaliações genéticas da raça Gir Leiteiro.

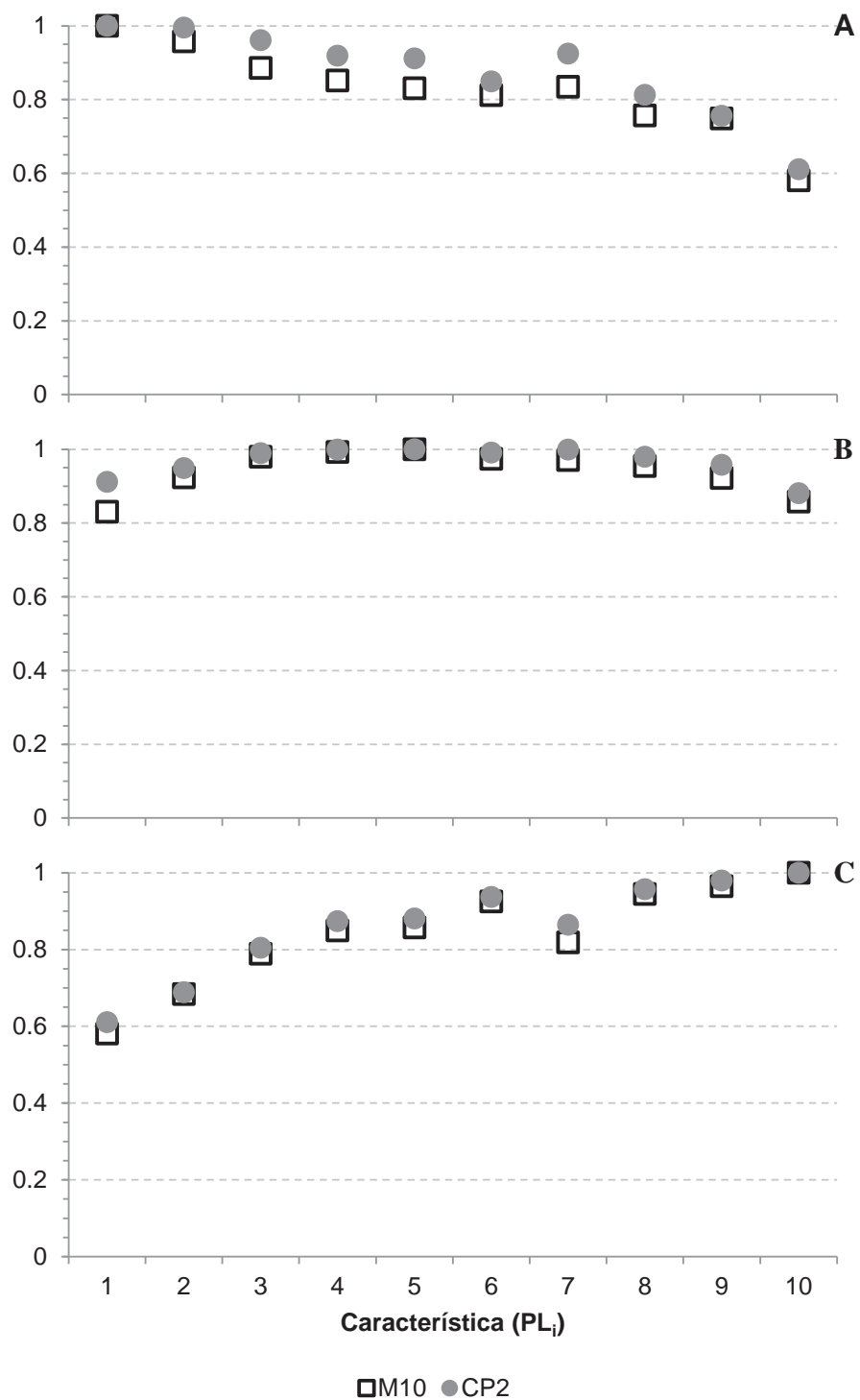


Figura 2. Estimativas de correlações genéticas entre PL_1 e PL_i (A); PL_5 e PL_i (B); PL_{10} e PL_i (C), para as análises ajustando-se dois componentes principais (CP2) ou multicaracterísticas padrão (M10).

CONCLUSÕES

Modelos de posto reduzido podem ser aplicados para a modelagem da estrutura de covariâncias genético-aditivas entre as produções de leite no dia do controle, tendo como vantagem a redução do número de parâmetros a serem estimados quando comparados ao modelo multicaracterísticas padrão.

Os dois primeiros componentes principais são suficientes para explicar a maior parte da variação genética entre os animais. A utilização de análise fatorial deve ser preterida neste caso, pois a adição de componentes de variância específicos não proporcionou melhoria significativa na qualidade de ajuste do modelo.

REFERÊNCIAS

- BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L.; ROSA, G.J.M. et al. Multivariate Analyses of First Lactation Test-day Milk Yield of Holstein Cattle Fitting Factor Analytic and Reduced Rank Models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 9, 2010, Leipzig, Alemanha. Proceedings... Leipzig: WCGALP. CD-ROM.
- BURNHAM K.P.; ANDERSON D.R. Multimodel inference: understanding AIC and BIC in model selection. **Sociological Methods & Research**, v.33, p.261–304, 2004.
- DRUET T.; JAFFRÉZIC, F.; BOICHARD, D. et al. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows, **Journal of Dairy Science**, v.86, p.2480-2490, 2003.
- HERRERA, L.G.G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle e para produção de leite até 305 dias nas primeiras lactações de vacas da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.10, p.1774-1780, 2008.

- KIRKPATRICK, M.; MEYER, K. Direct estimation of genetic principal components: Simplified analysis of complex phenotypes. **Genetics**, v.168, p.2295-2306, 2004.
- KISTEMAKER, G. **The comparison of random regression test-day models and a 305-day model for evaluation of milk yield in dairy cattle**. 1997. Ph.D. Thesis. University of Guelph, Guelph, Canadá.
- LEDIC, I.L.; TONHATI, H.; VERNEQUE, R.S. et al. Estimativa de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientes para as produções de leite no dia do controle e em 305 dias de lactação de vacas da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.5, p.1953-1963, 2002.
- MEYER, K. Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor analytic models. **Journal Animal Breeding Genetics**, v. 124, p.50-63, 2007a.
- MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. **Journal of Zhejiang University SCIENCE B**, v.8,p.815-821, 2007b.
- MEYER, K. Factor-analytic models for genotype \times environment type problems and structured covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v.41, p.21-32, 2009.
- 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.
- PEREIRA, R.J.; LOPES, P.S.; VERNEQUE, R.S. et al. Funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir leiteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.11, p.1303-1311, 2010.
- SWALVE, H.H. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.1115-1124, 2000.
- VERNEQUE, R.S.; PANETTO, J.C.C.; BRUNELI, F.A.T. et al. **Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro – Sumário Brasileiro de Touros – Resultado do Teste de Progênie – Maio 2011**. Juiz de Fora: EMBRAPA Gado de Leite. 58p. , 2011 (Documentos, 145).

CAPÍTULO 3 – MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA A PRODUÇÃO DE LEITE NO DIA DO CONTROLE EM BOVINOS GIR LEITEIRO UTILIZANDO POLINÔMIOS DE LEGENDRE OU *SPLINES* LINEARES

RESUMO – Estudos sobre a aplicação dos modelos de regressão aleatória nas avaliações genéticas para a produção de leite em bovinos de origem zebuína são escassos. Utilizaram-se 59.744 registros de produção de leite no dia do controle de 7.810 primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro e cruzadas com Holandês. Foram comparados modelos de regressão aleatória cujos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por polinômios ortogonais de Legendre ou funções *Splines* lineares. A variância residual foi modelada por 1, 5 ou 10 classes. Cinco classes modelaram as mudanças nas variâncias residuais adequadamente e foram utilizadas na comparação dos modelos. O modelo que ajustou funções *Splines* lineares com 6 nós proporcionou a menor soma das variâncias residuais ao longo da lactação. Por outro lado, aquele que utilizou polinômios de Legendre de grau 3 para o efeito genético aditivo e 4 para o de ambiente permanente foi o melhor modelo de acordo com os critérios DIC e BIC. Entretanto, a alta correlação de rank (0,998) entre este modelo e aquele aplicando polinômios de Legendre de grau 3 para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, indica que praticamente os mesmos touros seriam selecionados ao se utilizar um ou outro modelo. Este último modelo, o qual é menos parametrizado, é uma opção parcimoniosa e poderia ser utilizado nas avaliações genéticas para a produção de leite no dia do controle de bovinos Gir Leiteiro no Brasil.

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

INTRODUÇÃO

Nos trópicos, a atividade leiteira é conduzida principalmente sob sistemas de produção que utilizam o pasto como principal fonte nutricional para os animais. Em tais sistemas, onde estão mais expostos às variações climáticas e aos endo e ecto parasitas, os animais de raças de origem europeia apresentam problemas de adaptação, os quais refletem no desempenho produtivo, reprodutivo e na sanidade. Assim, dada sua adaptação a estes ambientes, estima-se que a raça Gir Leiteiro esteja presente em mais de 80% dos rebanhos leiteiros no Brasil, seja como raça pura ou em cruzamentos com a raça Holandesa. Em geral, os programas de melhoramento genético de zebuínos leiteiros utilizam como critério de seleção a produção de leite acumulada até 305 dias de lactação (P305), estimada a partir dos controles leiteiros realizados ao longo da lactação. As avaliações genéticas para a produção de leite para a raça Gir Leiteiro são realizadas sob um modelo animal baseado nas P305 de primeiras lactações (VERNEQUE et al., 2011). A produção de leite no dia do controle (PLDC), em substituição à P305, tem sido utilizada em bovinos de origem europeia como critério de seleção. Alguns dos benefícios atribuídos à adoção da PLDC como critério de seleção são: melhor definição dos grupos contemporâneos e remoção dos efeitos ambientais e, então, avaliações genéticas mais acuradas para as vacas e touros (SCHAEFFER et al., 2000). Outro benefício seria a possibilidade de inclusão de lactações incompletas, sem a necessidade de projeções, permitindo avaliações mais frequentes e redução do intervalo de gerações (SWALVE, 2000). Dentre as metodologias de avaliação genética que utilizam a PLDC, os modelos de regressão aleatória (MRA), em geral, são mais parcimoniosos quando comparados aos modelos multicaracterísticas que consideram a produção em cada um dos 10 meses da lactação como uma característica diferente.

Polinômios ortogonais de Legendre (PL) têm sido frequentemente utilizados para a modelagem da estrutura de covariância entre as PLDC por MRA (BOHMANOVA et al., 2008; EL FARO et al., 2008; BIGNARDI et al., 2009). De acordo com MEYER

(2005), PL de altas ordens geralmente são capazes de modelar bem as mudanças nas variâncias ao longo de uma escala contínua, contudo podem levar a estimativas de parâmetros implausíveis para o início e o fim da trajetória, por colocarem alta ênfase nas observações dos extremos.

Uma alternativa aos PL de altas ordens são os polinômios segmentados (*Splines*), definidos como curvas constituídas por segmentos individuais de polinômios de grau reduzido que se unem em pontos específicos denominados nós (MEYER, 2005). Segundo MISZTAL (2006), cada coeficiente de uma função *Spline* atua somente em uma fração da trajetória estudada, proporcionando a possibilidade de melhores propriedades numéricas e maior facilidade no processo de estimação dos parâmetros. Adicionalmente, as posições dos nós podem ser escolhidas de acordo com o padrão das mudanças ao longo da trajetória, podendo-se posicioná-los mais próximos em regiões que apresentam mudanças rápidas, e mais espaçados nas demais.

Estudos sobre a aplicação dos modelos de regressão aleatória nas avaliações genéticas para a produção de leite em bovinos de origem zebuína são escassos. COSTA et al. (2005), utilizando registros de PLDC de uma pequena amostra (1.200 vacas) de bovinos Gir Leiteiro, compararam MRA empregando as funções de Wilmink, Ali & Schaeffer e polinômios de Legendre. Os autores encontraram estimativas de herdabilidade muito altas (ao redor de 0,80) nos primeiros 60 dias de lactação e estimativas de correlações genéticas negativas entre as PLDC do início e do final da lactação. HERRERA et al. (2008) e PEREIRA et al. (2010), utilizando amostras maiores e agrupando as PLDC em classes de 30 e 15 dias, respectivamente, compararam as funções de Wilmink e Ali & Schaeffer e concluíram que esta última se ajustou melhor aos dados. As estimativas de herdabilidade em ambos os trabalhos foram similares e variaram entre 0,09 e 0,33. Entretanto, PEREIRA et al. (2010) reportaram correlações genéticas negativas entre as PLDC do início e do fim da lactação. Nenhum dos estudos já realizados contemplou o uso de funções *Splines* ou das informações provenientes de animais cruzados. É importante ressaltar que atualmente as avaliações genéticas da raça Gir Leiteiro incluem registros de produção de leite de animais puros e cruzados. A escolha de um modelo adequado permitirá a utilização dos MRA nas avaliações

genéticas de zebuínos leiteiros. Assim, objetivou-se com este estudo comparar modelos de regressão aleatória para a produção de leite de primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro utilizando-se polinômios ortogonais de Legendre ou funções *Splines* lineares dos dias em lactação.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados

Para a estimação dos componentes de variância, foi utilizado um arquivo contendo 59.744 registros de PLDC de 7.810 primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro (GL) e cruzadas com Holandês, filhas de 765 touros GL, com idade ao parto entre 20 e 66 meses, paridas entre 1990 e 2009, em 229 rebanhos. Os dados foram provenientes do Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Leite e foram originados de controles leiteiros supervisionados em intervalos de 15 a 45 dias. Somente foram utilizados os controles entre o 5º e o 305º dia da lactação. Foram estabelecidas as seguintes condições à inclusão das vacas no estudo: primeiro controle leiteiro realizado antes de 45 dias após o parto e o número de controles leiteiros superior a três. As proporções de vacas de acordo com o número de controles foram: 4 controles = 3,6%; 5 controles = 5,6%; 6 controles = 8,3%; 7-10 controles = 81,1%; >10 controles = 1,4%. Os grupos contemporâneos foram formados por animais cujas PLDC foram mensuradas no mesmo rebanho, ano e mês. Grupos contemporâneos com menos de quatro animais foram eliminados. As vacas foram distribuídas em 5 grupos genéticos: 1 = 100% GL; 2 = $87,5\% \leq GL < 100\%$; 3 = $75\% \leq GL < 87,5\%$; 4 = $62,5\% \leq GL < 75\%$; e 5 = $50\% \leq GL < 62,5\%$. Cerca de 80% das vacas pertenciam aos grupos 1 e 4. Após buscar o parentesco entre os animais por cinco gerações, o arquivo de genealogia foi composto por 16.546 animais.

Modelos

As análises foram realizadas utilizando-se modelos de regressão aleatória. Foram considerados os efeitos sistemáticos de grupo contemporâneo, os efeitos linear e quadrático da idade da vaca ao parto e a curva média de lactação dentro de cada grupo genético (regressão fixa), modelada por um polinômio de Legendre de grau três. Os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por polinômios ortogonais de Legendre ou funções *Splines* lineares.

O modelo de regressão aleatória geral utilizado nas análises é representado por:

$$y_{ijkl} = GC_i + \sum_{n=1}^2 b_n x_k^n + \sum_{m=1}^4 \beta_{jm} \varphi_m(t) + \sum_{m=1}^c \alpha_{km} \varphi_m(t) + \sum_{m=1}^c p_{km} \varphi_m(t) + e_{ijkl},$$

em que y_{ijkl} é a l -ésima observação registrada no dia de lactação t , do animal k , pertencente ao grupo genético j e ao grupo contemporâneo i ; GC_i é o efeito do i -ésimo grupo contemporâneo (5.747 classes); b_n é o coeficiente de regressão para os efeitos linear ($n=1$) e quadrático ($n=2$) da idade x_k da vaca ao parto sobre a PLDC, em meses; β_{jm} é o conjunto de m coeficientes de regressão fixos para a trajetória média do grupo genético j ; $\varphi_m(t)$ é a covariável da função de regressão de acordo com o dia da lactação (t); α_{km}, p_{km} são os conjuntos de m coeficientes de regressão para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, para cada vaca k ; e e_{ijkl} é a medida de erro temporário associada à observação l da vaca k pertencente ao grupo contemporâneo i e ao grupo genético j . O número de coeficientes de regressão c varia de acordo com as funções utilizadas nas regressões aleatórias genético-aditiva e de ambiente permanente.

Primeiramente, a variância residual foi assumida constante (homogênea) ao longo da lactação. Posteriormente, as variâncias residuais foram assumidas como heterogêneas com 5 (5-30, 31-60, 61-120, 121-270 e 271-305 dias em lactação) ou 10 (5-30, 31-60, 61-90, 91-120, 121-150, 151-180, 181-210, 211-240, 241-270 e 270-305 dias em lactação) classes. Quando foram empregadas 5 classes, as variâncias foram agrupadas por semelhança, com base nas estimativas de variância residual do modelo contendo dez classes. Ao avaliar as diferentes estruturas de variância residual, foram

utilizados modelos cujas regressões aleatórias, genética aditiva e de ambiente permanente, foram modeladas por polinômios de Legendre de grau 3.

Após a escolha da melhor estrutura para a variância residual, diferentes modelos de regressão aleatória foram testados. Os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por: polinômios ortogonais de Legendre de graus 3, 4 ou 5 ou funções *Splines* lineares com 4 a 6 nós. Para estas, inicialmente os nós foram posicionados nos dias 5, 29, 71 e 305. O primeiro nó interno foi posicionado na região do pico de lactação (30 dias) e, nesta, o dia com o maior número de observações foi o 29º. Para permitir menores intervalos entre os nós no início da lactação, o segundo nó interno foi posicionado no 71º dia. Considerando a ocorrência de lactações curtas (< 200 dias), dois nós adicionais foram posicionados nos dias 120 e 260, tendo em vista um aumento na flexibilidade do modelo. Quando utilizadas funções *Splines* lineares, para cada modelo avaliado, os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por igual número de segmentos e com polinômios de mesmo grau.

Os diferentes MRA foram representados por: Tkakpr, onde T é o tipo de função base utilizada (polinômio ortogonal de Legendre – LEG ou função *Spline* Linear – SPL); ka e kp são os números de coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente; e r é o número de classes de variância residual.

As análises foram realizadas por método Bayesiano utilizando-se o programa GIBBS3F90 (MISZTAL, 2010). O modelo de regressão aleatória pode ser reescrito, na forma matricial por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{W}\mathbf{p} + \mathbf{e},$$

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

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

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

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

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

- $\Lambda_a | v_a, S_a^2 \sim W^{-1}(v_a, v_a S_a^2)$, $\Lambda_p | v_p, S_p^2 \sim W^{-1}(v_p, v_p S_p^2)$ e $\mathbf{R} | v_e, S_e^2 \sim W^{-1}(v_e, v_e S_e^2)$, em que v_a, S_a^2 , v_p, S_p^2 e v_e, S_e^2 representam o grau de confiança e os valores *a priori* para as covariâncias dos coeficientes de regressão genético-aditivos e de ambiente permanente, e para as variâncias residuais, respectivamente; e

- $\mathbf{b} \propto$ constante.

NMV, W^{-1} referem-se às distribuições normal multivariada e Wishart invertida, respectivamente.

As inferências sobre os parâmetros de interesse foram realizadas a partir de suas correspondentes distribuições marginais posteriores. Para cada modelo avaliado foi gerada uma cadeia de 850.000 amostras. De forma conservadora, as primeiras 50.000 amostras foram descartadas e consideradas como *burn-in*. A convergência foi monitorada pela inspeção gráfica das amostras \times iterações e também pelos critérios propostos por HEIDELBERGER & WELCH (1983) e GEWEKE (1992), os quais foram calculados com o auxílio do pacote *boa* do R (SMITH, 2007). Procedeu-se então um intervalo de descarte amostral de 50, restando 16.000 amostras baseadas nas quais as inferências foram realizadas.

Para apresentação, os parâmetros genéticos para os dias da lactação foram obtidos em intervalos de 15 dias para cada amostra. Como as funções *Splines* lineares e *B-splines* não são ortogonais, a auto-decomposição da matriz de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória não produz os autovalores e as autofunções da

função de covariância (MEYER, 2005). Então, como sugerido por RICE & WU (2001), os autovalores e as autofunções foram obtidos numericamente, avaliando-se a função de covariância a cada 15 dias dentro do intervalo de 5 a 305 dias de lactação, e então calculando-se os autovalores e autofunções da matriz de covariâncias entre as PLDC resultante.

Comparação de modelos

Os modelos de regressão aleatória foram comparados utilizando-se os seguintes critérios:

1. Variância residual total (VRT): $VRT_m = \sum_{d=5}^{305} vr_{md}$, onde vr é a média *a posteriori* da variância residual para o dia d .
2. Critério de Informação da Deviance (DIC), apresentado por SPIEGELHALTER et. al. (2002):

$$DIC = \bar{D}(\theta) + p_D = 2\bar{D}(\theta) - D(\bar{\theta}),$$

em que $\bar{D}(\theta) = E_{\theta|y}[D(\theta)]$ (esperança *a posteriori* da deviance bayesiana) e $D(\theta) = -2\log p(y|\theta)$, representando a qualidade de ajuste do modelo. O número efetivo de parâmetros representa a penalização para o incremento da complexidade do modelo: $p_D = \bar{D}(\theta) - D(\bar{\theta})$, onde θ é o vetor de parâmetros do modelo e $D(\bar{\theta})$ é a deviance bayesiana avaliada às médias *a posteriori* dos parâmetros.

3. Critério de Informação Bayesiano (BIC), apresentado por SCHWARZ (1978):

$$BIC = \bar{D}(\theta) + par[\log(n)],$$

em que par é o número de parâmetros do modelo e $\log(n)$ é o logaritmo natural do número total de observações.

Modelos com menores DIC e BIC são preferidos por indicarem melhor qualidade de ajuste combinada com menor grau de complexidade.

Adicionalmente, os dois melhores modelos de acordo com os critérios DIC e BIC foram comparados entre si pelo Percentual Relativo de Redução da Complexidade (PRRC), proposto por BOZDOGAN (2000):

$$PRRC_m = [C_1(\Lambda_m) - C_1(\Lambda_{Rm})] / C_1(\Lambda_m),$$

em que Λ_m e Λ_{Rm} são as matrizes de covariância e correlação entre os parâmetros do modelo m e $C_1(\Lambda_m) = \text{posto}(\Lambda_m) \log[\text{traço}(\Lambda_m) / \text{posto}(\Lambda_m)] - \log[\det(\Lambda_m)]$. Maior PRRC indica menor complexidade.

Os modelos foram adicionalmente comparados por meio da classificação dos animais de acordo com seus valores genéticos preditos para a produção acumulada até 305 dias de lactação.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média geral da produção de leite no dia do controle foi de 9,81 kg, com desvio padrão de 4,39 kg e coeficiente de variação de 44,79%. Observou-se aumento da produção até por volta do dia 30 da lactação, a partir do qual a produção decresceu gradativamente até o final da lactação (Figura 1). Dadas as diferenças no nível de produção entre os grupos genéticos (Figura 1), é importante considerar no modelo o efeito dos dias em lactação (regressão fixa) aninhado no grupo genético.

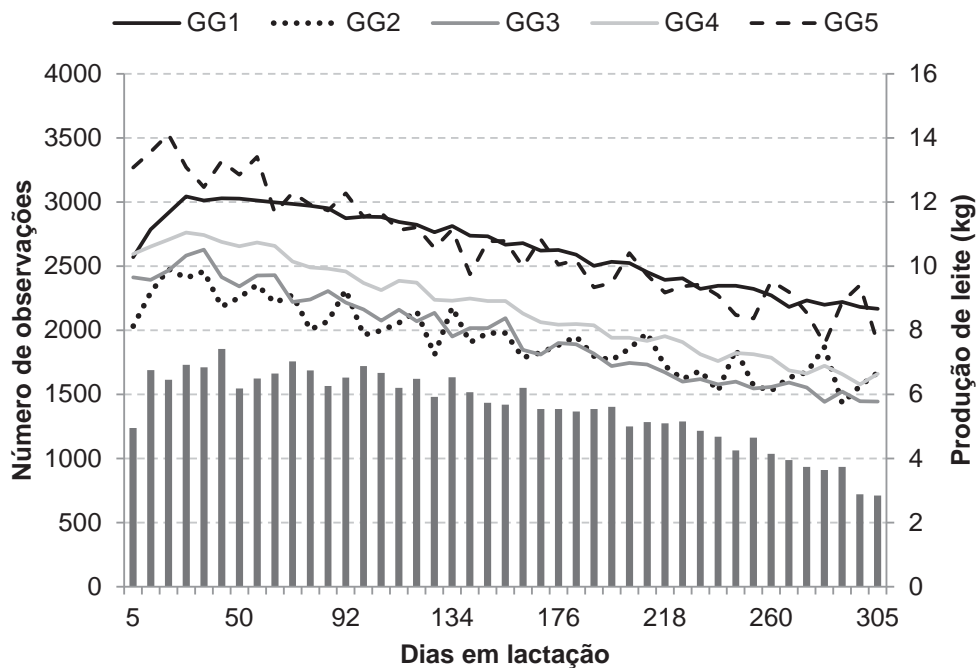


Figura 1. Número de observações (barras) e média da produção de leite (linhas por grupo genético¹) de acordo com os dias em lactação (classes de 7 dias). ¹Grupo genético: GG1 = 100% Gir Leiteiro (GL); GG2 = 87.5% ≤ GL < 100%; GG3 = 75% ≤ GL < 87.5%; GG4 = 62.5% ≤ GL < 75% e GG5 = 50% ≤ GL < 62.5%.

Os resultados dos diferentes critérios de comparação dos modelos são apresentados na Tabela 1. Quando avaliada a estrutura de variância residual, todos os critérios indicaram a necessidade de se considerar heterogeneidade de variâncias ao longo da lactação. Comparando-se os modelos com cinco (LEG445) ou dez (LEG4410) classes de variância residual, o modelo LEG4410 apresentou menores VRT. Em contrapartida, o modelo LEG445 apresentou menores DIC e BIC, indicando melhor ajuste proporcionado por este modelo quando comparado ao LEG441 e ao LEG4410. Estes resultados demonstram que as variâncias residuais são heterogêneas ao longo da lactação e que somente cinco classes parecem ser suficientes para a modelagem deste efeito para esta população. Resultados semelhantes foram reportados por COSTA et al. (2005), HERRERA et al. (2008) e PEREIRA et al. (2010) para raça Gir

Leiteiro, REKAYA et al. (1999), LÓPEZ-ROMERO & CARABAÑO (2003) e BIGNARDI et al. (2009), para a raça Holandesa.

Tabela 1. Número de coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genético aditivo (n_a) e de ambiente permanente (n_{ap}), número classes de variância residual (cvr), posição dos nós (pn), número de parâmetros (p), variância residual total (VRT), Critérios de Informação da Deviance (DIC) e Bayesiano (BIC), para os modelos utilizando polinômios de Legendre (LEG) ou funções *Splines* com segmentos lineares (SPL).

Modelo	n_a	n_{ap}	cvr	pn	p	VRT ¹	DIC ¹	BIC ¹
LEG441	4	4	1	-	21	31,1	2.964	4.005
LEG445	4	4	5	-	25	29,0	2.413	3.259
LEG4410	4	4	10	-	30	25,0	2.899	3.297
LEG455	4	5	5	-	30	0,9	0	0
SPL445	4	4	5	5, 29, 71, 305	25	57,5	4.707	6.908
SPL555	5	5	5	5, 29, 71, 120, 305	35	21,9	2.183	2.348
SPL665	6	6	5	5, 29, 71, 120, 260, 305	47	0	546	67

¹ Expressos como desvios dos respectivos "melhores" valores (0)

Os modelos com polinômios de Legendre de graus superiores a 3 para o efeito genético aditivo e a 4 para o efeito de ambiente permanente, apresentaram estimativas de correlações genéticas negativas entre as produções dos dias do início e do fim da lactação e, portanto, foram descartados. Este comportamento não é esperado em termos biológicos, e tem sido atribuído à deficiência de ajuste dos modelos de regressão aleatória nos extremos da curva, provavelmente devido ao menor número de observações nestes períodos (MEYER, 1999). PEREIRA et al. (2010), trabalhando com parte do mesmo conjunto de dados utilizado neste estudo, empregando as funções de Wilmink ou Ali & Schaeffer para modelar as regressões fixas e aleatórias, reportaram estimativas de correlação genética negativas entre as PLDC do início e final da lactação. Os autores apresentaram como uma das possíveis justificativas, o uso de somatotropina bovina (bST) em conjunto com o tratamento preferencial que vem sendo aplicado para parte dos animais em alguns rebanhos. Como esta prática é realizada, geralmente, a partir do segundo mês de lactação, vacas que recebem este tratamento podem ter produções ao final da lactação (305 dias) até mesmo superiores às do início. As informações sobre o uso de bST não estão disponíveis no banco de dados da raça. Consequentemente, este efeito não é levado em consideração no modelo e poderia

ocorrer interferência nas estimativas de parâmetros genéticos. Estimativas de correlações negativas entre os extremos da lactação foram reportadas por REKAYA et al. (1999), LÓPEZ-ROMERO & CARABAÑO (2003) e BIGNARDI et al. (2009) para a raça Holandêsa e por KETTUNEN et al. (2000) para a raça Ayrshire.

De acordo com os valores de VRT, o modelo SPL665, dentre todos os modelos, foi o que proporcionou o melhor ajuste aos dados (Tabela 1). Contudo, quando comparado ao segundo colocado (LEG455) a redução na VRT foi de apenas 0,24%. Os critérios DIC e BIC indicaram o modelo LEG455 como o melhor modelo para o ajuste às PLDC. Em segundo lugar, o modelo SPL665 seria escolhido. Estes resultados demonstram que a variância residual não é um bom critério para comparação de modelos e que este tende a selecionar modelos superparametrizados. Uma das peculiaridades dos modelos que utilizam a produção no dia do controle é a alta demanda computacional, dado o expressivo número de parâmetros a ser estimado. Sob esta ótica, o modelo SPL665 (47 parâmetros) conduz a um incremento de 57% no número de parâmetros a ser estimado quando comparado ao modelo LEG455 (30 parâmetros). O consumo de memória RAM e o tempo gasto por iteração foram, respectivamente, 46% e 57% superiores para o modelo SPL665 em comparação ao LEG455. Outro aspecto importante a ser considerado é a estrutura correlacional entre os parâmetros do modelo, a qual possui relação com a velocidade de convergência (SCHAEFFER, 2008). A PRRC do modelo SPL665 foi de 0,9% enquanto que a do modelo LEG455 foi de 81,6%, indicando que a interdependência entre os parâmetros do modelo SPL665 é consideravelmente maior que a do modelo LEG455. De modo semelhante, GUO & SCHAEFFER (2002) relataram maiores correlações entre os parâmetros e menores valores de PRRC para funções *splines* em relação a outras.

BOHMANOVA et al. (2008), estudando dados de produção de leite, gordura e proteína no dia do controle e também de escores de células somáticas de bovinos da raça Holandesa no Canadá, compararam quatro modelos em que as regressões fixas e aleatórias eram ambas ajustadas por polinômios de Legendre de grau quatro (LEG4) ou funções *Splines* lineares com 4, 5 ou 6 nós. Diferente do observado neste estudo, os autores reportaram que o modelo que ajustava funções *Splines* lineares com 6 nós

(SPL6) foi superior aos demais modelos pelos critérios DIC e VRT. Entretanto, como encontrado neste estudo, SPL6 foi o modelo mais complexo e, conseqüentemente, o de maior tempo gasto até a convergência. O modelo LEG4, pelo contrário, dentre todos os modelos comparados, foi o que atingiu a convergência em menor tempo.

As variâncias fenotípicas obtidas com os modelos LEG455 e SPL665 apresentaram tendência semelhante ao longo da lactação, com valores discretamente superiores no terço médio da lactação (Figura 2). As estimativas com o modelo LEG455 foram ligeiramente superiores nos dias iniciais da lactação quando comparadas àquelas utilizando o modelo SPL665. As variâncias ambientais (soma das variâncias de ambiente permanente e residual) obtidas com estes dois MRA foram similares. As variâncias genético-aditivas estimadas com os dois modelos foram similares, entretanto, como as fenotípicas, as obtidas com o LEG455 foram ligeiramente superiores nos primeiros dias da lactação. No entanto, observaram-se, com ambos os modelos e ao longo de toda a lactação, que os intervalos de credibilidade de 95% (IC95) para as estimativas de variância se sobrepuseram.

As estimativas médias *a posteriori* das herdabilidades (Figura 3) apresentaram comportamento similar ao das variâncias genético-aditivas e variaram entre 0,12 e 0,26 (LEG455) e 0,16 e 0,29 (SPL665). As estimativas obtidas com o modelo SPL665 foram ligeiramente superiores às do modelo LEG455 nos terços inicial (exceto entre os dias 5 e 30) e final da lactação. Estimativas de magnitude similar foram descritas por HERRERA et al. (2008) e PEREIRA et al. (2010), utilizando as funções de Wilmink ou Ali & Schaeffer para modelar as regressões fixas e aleatórias para a PLDC em bovinos da raça Gir Leiteiro. Por outro lado, COSTA et al. (2005) relataram estimativas de herdabilidade muito mais altas (ao redor de 0,80) para as produções nos primeiros 60 dias de lactação, resultados estes que poderiam estar relacionados ao pequeno tamanho amostral utilizado em seus estudos (cerca de 1.200 vacas).

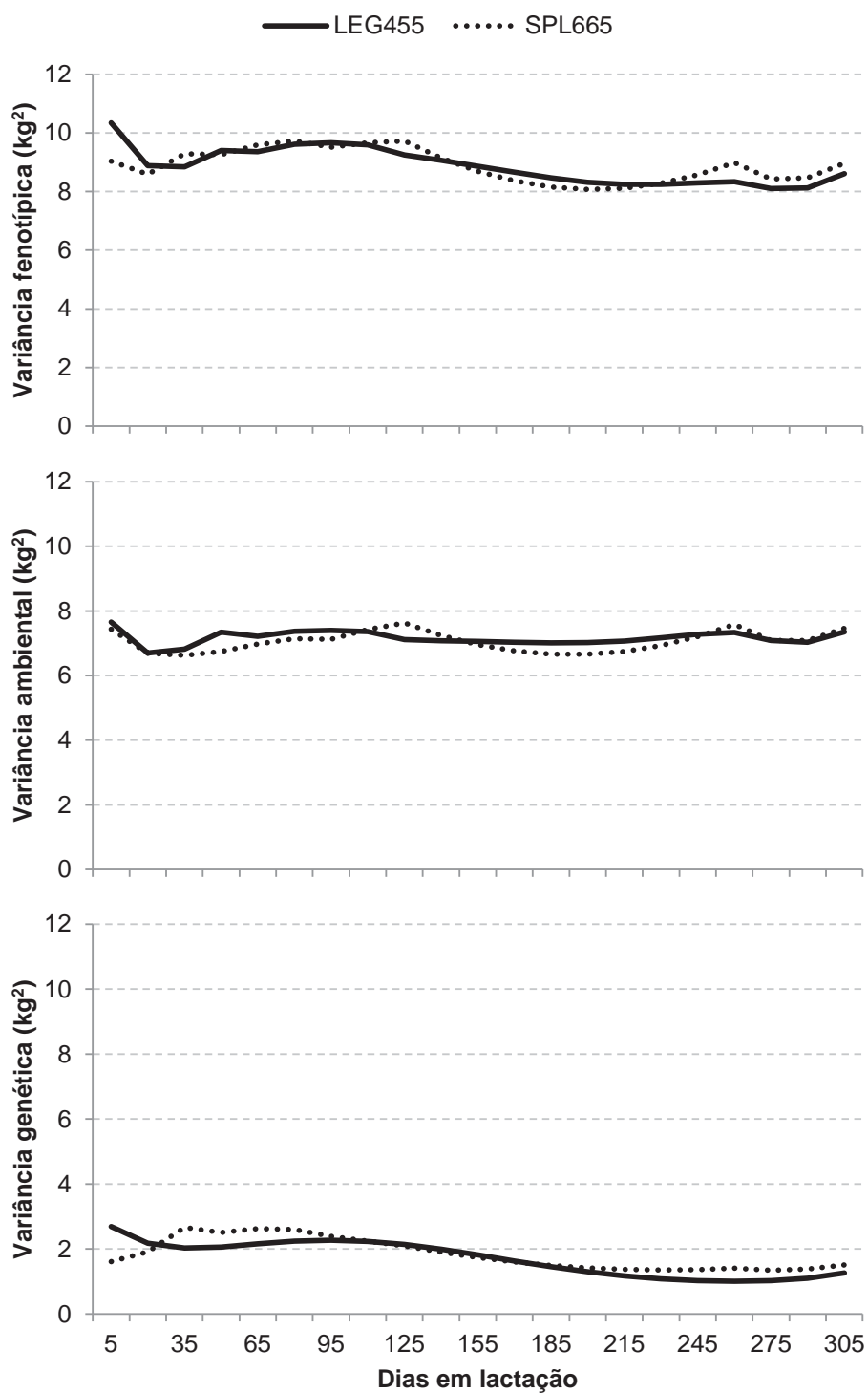


Figura 2. Estimativas médias *a posteriori* de variâncias fenotípicas, ambientais (σ_e^2 ou $\sigma_e^2 + \sigma_{ap}^2$) e genético-aditivas de acordo com o dia da lactação, obtidas com os modelos de regressão aleatória LEG455 e SPL665.

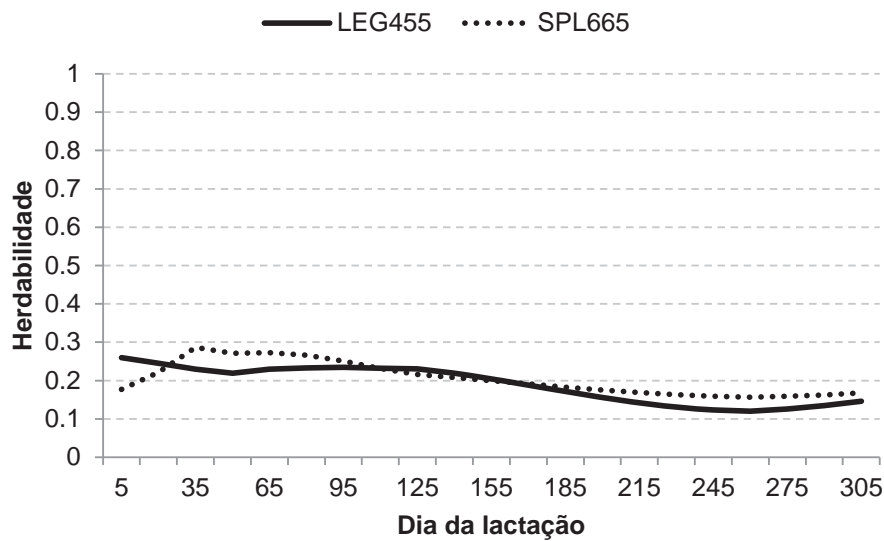


Figura 3. Estimativas médias *a posteriori* de herdabilidades de acordo com o dia da lactação, obtidas com os modelos de regressão aleatória LEG455 e SPL665.

As estimativas médias *a posteriori* das correlações fenotípicas variaram entre 0,20 e 0,88 (LEG455) e entre 0,21 e 0,87 (SPL665), sendo maiores entre PLDC adjacentes (Figura 4). Como esperado, as estimativas de correlação de ambiente permanente apresentaram comportamento semelhante e variaram entre 0,28 e 0,99 (LEG455) e entre 0,29 e 0,99 (SPL665). De modo similar, as estimativas de correlação genético-aditivas obtidas com ambos os modelos foram próximas a 0,99 entre PLDC adjacentes, decrescendo para valores ao redor de 0,10 entre o início e o final da lactação. As estimativas de correlação genética entre as PLDC obtidas com o modelo SPL665 apresentaram quedas bruscas e inesperadas com o distanciamento entre os dias da lactação. As correlações entre o quinto dia da lactação e os demais decresceram de valores próximos à unidade para valores inferiores a 0,20 a partir dos 155 dias de lactação. Além disso, os IC95 foram consideravelmente superiores com o modelo SPL665 em comparação ao LEG455, indicando menor acurácia das estimativas de correlação obtidas com o modelo utilizando funções *Splines* lineares. Resultados semelhantes para as magnitudes e o comportamento das correlações genéticas foram reportados por HERRERA et al. (2008) para a raça Gir Leiteiro, entretanto, no estudo deles as PLDC foram agrupadas em 10 classes de 30 dias. Por outro lado, PEREIRA et

al. (2010), trabalhando com parte do mesmo conjunto de dados utilizado neste estudo, empregando as funções de Wilmink ou Ali & Schaeffer para modelar as regressões fixas e aleatórias, reportaram estimativas de correlação genética negativas entre as PLDC do início e final da lactação, evidenciando a importância da escolha de um modelo adequado para o ajuste das PLDC em bovinos leiteiros.

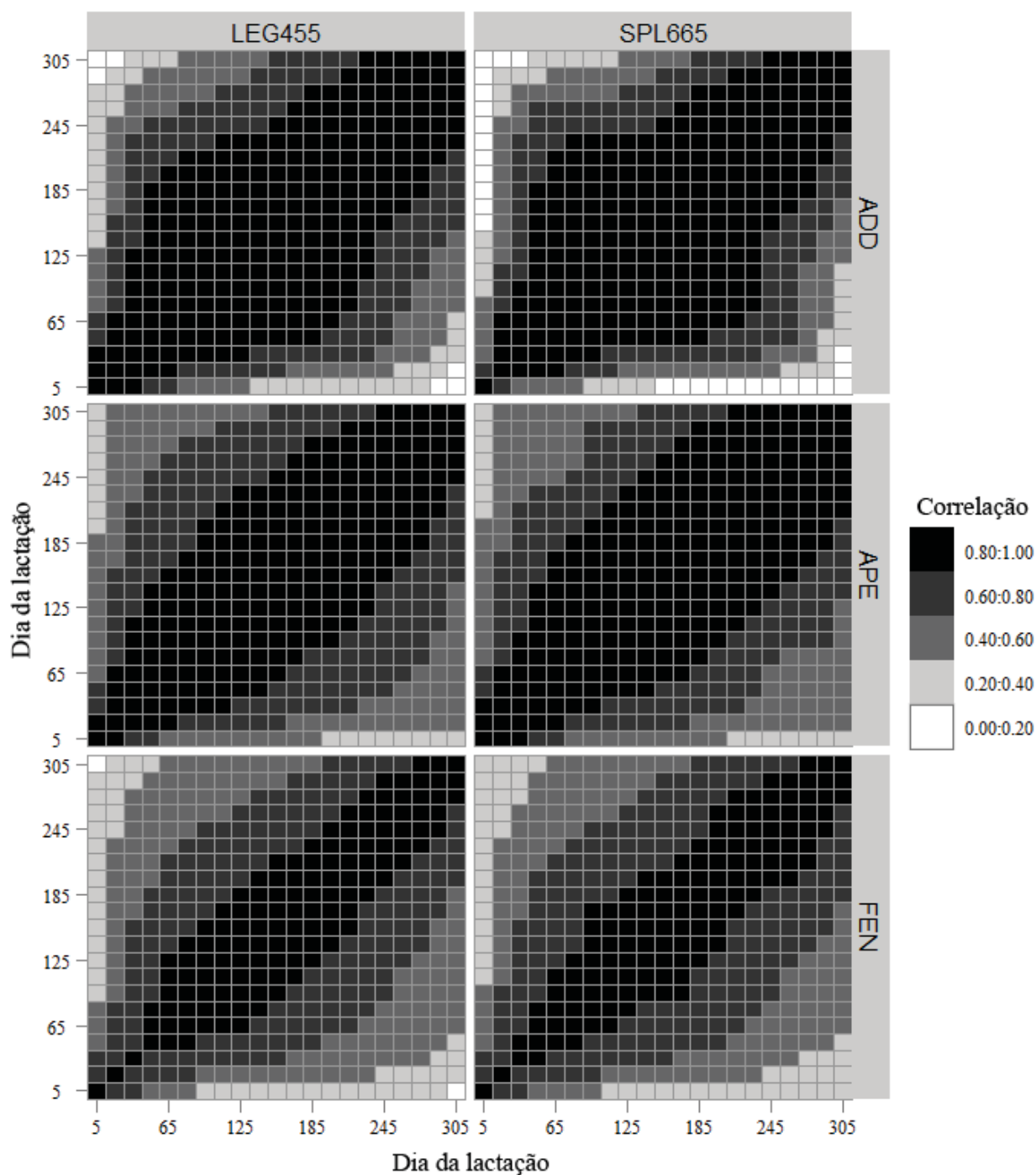


Figura 4. Estimativas médias *a posteriori* das correlações genético-aditivas (ADD), de ambiente permanente (APE) e fenotípicas (FEN) entre as PLDC dos dias da lactação, obtidas com os modelos de regressão aleatória.

Dada a ocorrência de lactações curtas (menos de 200 dias), uma peculiaridade genética desta raça, há uma redução acentuada do número de observações no último terço da lactação. Isso pode afetar as estimativas de parâmetros genéticos e ser uma das causas da diminuição observada nas estimativas de herdabilidade após 180 dias de lactação, e das estimativas de correlações genéticas baixas ou negativas entre as produções no início e no final da lactação. Assim, como sugerido por COSTA et al. (2005), estudos para determinar se o período de 305 dias é o mais apropriado para ser utilizado para avaliações genéticas desta raça são recomendados.

Os três principais autovalores da matriz de covariâncias entre as PLDC para o efeito genético aditivo explicaram 99,34% (LEG455) e 98,20% (SPL665) da variação genética total entre os animais (Tabela 2). Quando utilizado o modelo LEG455, os três principais autovalores explicaram individualmente 78,92%, 14,66% e 5,76%, respectivamente. Um autovalor de grande magnitude (proporcionalmente aos demais) indica que a seleção baseada em sua correspondente autofunção ocasionará mudanças mais rápidas que aquelas obtidas utilizando-se uma autofunção relativa a um autovalor pequeno (Kirkpatrick et al., 1990). De forma semelhante, para o efeito de ambiente permanente, os três principais autovalores explicaram 95,95% (LEG455) e 97,15% (SPL665). Com o modelo SPL665, a estimativa do último autovalor, tanto para o efeito genético aditivo quanto para o de ambiente permanente, foi muito próxima a 0, indicando a possibilidade de ajuste de um modelo de posto reduzido, com menor número de parâmetros.

Tabela 2. Autovalores (λ_i) das matrizes de covariâncias entre as produções no dia do controle para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente.

Modelo	Autovalor (λ_i)					
	1 ^o	2 ^o	3 ^o	4 ^o	5 ^o	6 ^o
<i>LEG455</i>						
Efeito genético aditivo	28,2848	5,2526	2,0659	0,2346	-	-
Efeito de ambiente permanente	96,4889	15,6275	6,7834	3,4596	1,5629	-
<i>SPL665</i>						
Efeito genético aditivo	30,2271	5,2760	2,3153	0,5907	0,1010	0,0003
Efeito de ambiente permanente	95,5888	16,1868	6,4066	2,5599	0,9029	0,0002

As autofunções referentes aos três principais autovalores da matriz de covariâncias entre as PLDC para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente apresentaram padrões muito similares entre os modelos LEG455 e SPL665. As três principais autofunções para o efeito genético aditivo obtidas com o modelo LEG455 são mostradas na Figura 5. A primeira autofunção foi positiva e aproximadamente constante ao longo de toda a lactação, cujo valor genético associado corresponde ao potencial médio do animal ao longo da lactação (DRUET et al., 2003). A seleção baseada na primeira autofunção permite alterar a produção ao longo da lactação no mesmo sentido. Em contrapartida, a segunda autofunção foi crescente do início (-0,46) ao fim da lactação (0,31), indicando relações contrastantes entre os valores genéticos para as produções do início e do final do período de lactação. A seleção baseada nesta permite alterar o formato da curva de lactação (persistência da produção) da população (OLORI et al., 1999). A terceira autofunção foi positiva no início e fim da lactação e negativa no meio da lactação. TOGASHI & LIN (2006, 2007) demonstraram que os três principais autovetores da matriz de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético aditivo, podem ser utilizados na construção de um índice de seleção para maximizar a produção de leite na lactação e a persistência. Os três principais autovalores da matriz de covariâncias entre as produções de leite no dia do controle explicam quase toda a variação genética para a característica, indicando que um modelo de posto reduzido poderia ser ajustado tendo em vista uma redução do número de parâmetros.

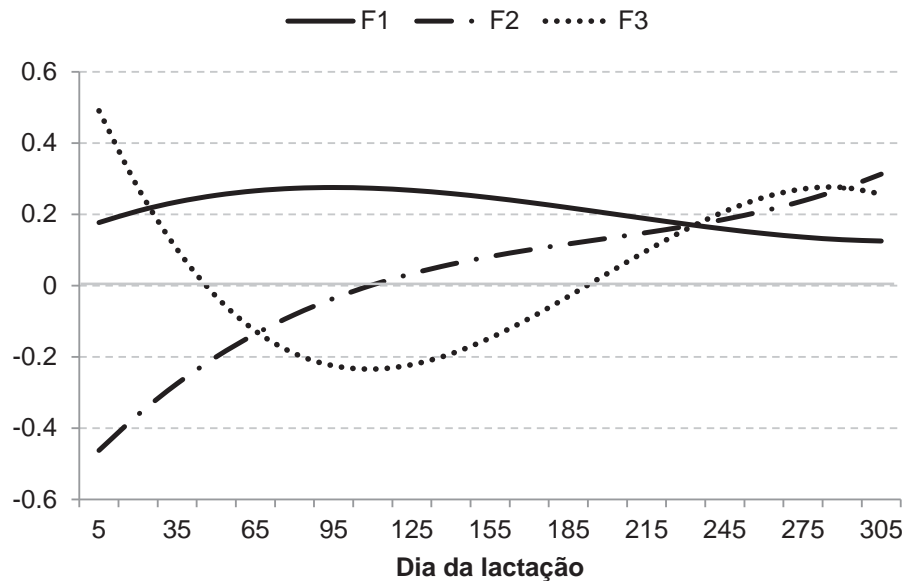


Figura 5. Estimativas *a posteriori* das autofunções, referentes aos três principais (F1, F2 e F3, respectivamente) autovalores da matriz de covariâncias entre as produções no dia do controle para o efeito genético aditivo, obtidas com o modelo LEG455.

As correlações de rank entre os valores genéticos preditos (VG) para os touros variaram entre 0,946 e 0,998 (Tabela 3). As correlações mais altas foram observadas entre modelos ajustando o mesmo tipo de função (LEG ou SPL). Por outro lado, as correlações foram menores ao comparar modelos LEG e SPL entre si. A menor correlação observada (0,946) foi entre LEG455 e SPL555, indicando a ocorrência de alterações significativas na classificação dos touros entre estes modelos. A alta correlação entre LEG445 e LEG455 (0,998) indica que praticamente não há diferenças entre eles quando da seleção de touros. Adicionalmente, os parâmetros genéticos estimados com esses modelos foram praticamente idênticos. As correlações de Pearson entre os VG obtidos com os diferentes modelos foram similares às correlações de rank.

Tabela 3. Correlações de Pearson (acima da diagonal) e de rank/Spearman (abaixo da diagonal) entre os valores genéticos preditos para a produção acumulada até 305 dias de lactação

Modelo	Correlação				
	LEG445	LEG455	SPL445	SPL555	SPL665
LEG445	-	0,999	0,989	0,976	0,986
LEG455	0,998	-	0,986	0,968	0,980
SPL445	0,980	0,975	-	0,991	0,995
SPL555	0,958	0,946	0,986	-	0,995
SPL665	0,975	0,964	0,990	0,992	-

Dada a alta correlação de rank entre LEG455 e LEG445, o último, menos parametrizado, poderia ser utilizado nas avaliações genéticas da raça Gir Leiteiro com o objetivo de se obter VG mais acurados quando comparados aos obtidos com o atual modelo, o qual é baseado nas estimativas de P305. Adicionalmente, com um modelo de regressão aleatória, a seleção para funções da curva de lactação (Ex.: persistência), poderia ser facilmente implementada.

Estimativas acuradas de parâmetros genéticos podem ser obtidas utilizando-se modelos de regressão aleatória, entretanto, grandes conjuntos de dados são requeridos (DRUET et al., 2003). A raça Gir Leiteiro pode ser considerada uma pequena população, mas, devido às suas características desejáveis, como adaptação ao calor, resistência aos endo e ectoparasitas e boa produção de leite em sistemas de pastejo, encontra-se em franca expansão, com crescente número de criadores no Brasil e em outros países localizados na zona tropical do planeta. Neste sentido, uma cooperação internacional seria uma oportunidade para o incremento da base de dados da raça.

Outros estudos considerando diferentes localizações dos nós ao se utilizarem funções *Splines* poderiam ser realizados tendo em vista um melhor ajuste às PLDC. Um aumento da densidade dos nós também poderia ser avaliado, entretanto, ocorreria um incremento considerável no número de parâmetros estimados e, possivelmente, menor acurácia das estimativas de parâmetros genéticos. Diferentes tipos de funções para as regressões fixa e aleatórias (polinômios de Legendre para o efeito genético aditivo e funções *Splines* lineares para o de ambiente permanente, por exemplo), poderiam ser avaliadas.

CONCLUSÕES

As estimativas de herdabilidade obtidas com modelos ajustando funções *Splines* lineares ou polinômios ortogonais de Legendre foram similares, entretanto, os comportamentos das correlações genéticas estimadas com todos os modelos ajustando *Splines* não foram dentro do biologicamente esperado. Consequentemente, modelos de regressão aleatória ajustando polinômios ortogonais de Legendre são indicados para as avaliações genéticas da raça Gir Leiteiro para características produtivas.

Um modelo utilizando polinômios ortogonais de Legendre cúbicos para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, e cinco classes de variância residual é uma opção parcimoniosa para ser utilizada nas avaliações genéticas para a produção de leite nesta raça.

REFERÊNCIAS

- ALI, T.E.; SCHAEFFER, R. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 67, p. 637-644, 1987.
- BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L.; CARDOSO, V.L. et al. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v.123, p.1-7, 2009.
- BOHMANOVA, J.; MIGLIOR, F.; JAMROZIK, J. et al. Comparison of random regression models with Legendre polynomials and linear splines for production traits and somatic cell score of Canadian holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v.91, p.3627-3638, 2008.
- BOZDOGAN, H. Akaike's information criterion and recent developments in information complexity. **Journal of Mathematical Psychology**, v.44, p. 62-91, 2000.
- COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; MACHADO, C.H.C. et al. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com

- modelos de repetibilidade e regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.1520-1531, 2005.
- DE BOOR C. **A Practical Guide to Splines**. 2.ed, New York: Springer Verlag, 2001. 372p.
- DRUET T.; JAFFRÉZIC, F.; BOICHARD, D. et al. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows, **Journal of Dairy Science**, v.86, p.2480-2490, 2003.
- EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G.; CARDOSO, V.L. Variance component estimates for test-day milk yield applying random regression models. **Genetics and Molecular Biology**, v.33, n.3, p.665-673, 2008.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P. et al. (Ed.) **Bayesian Statistics 4**. New York: Oxford University Press, 1992. p.625-631.
- GUO, Z.; SCHAEFFER, L.R., 2002. **Random regression submodel comparison**. <<http://cgil.uoguelph.ca/dcbgc/Agenda0203/guo.pdf>>. Acessado em dezembro de 2010.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**. v.31, p.1109-1144, 1983.
- HERRERA, L.G.G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.9, p.1584-1594, 2008.
- KETTUNEN, A.; MÄNTYSAARI, E.A.; PÖSÖ, J. Estimation of genetic parameters 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, n.2, p.979-993, 1990.
- LÓPEZ-ROMERO, P.; CARABAÑO, M.J. Comparing alternative random regression models to analyse first lactation daily milk yield data in Holstein Friesian cattle. **Livestock Production Science**, v.82, p.81-96, 2003.

- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cow. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116, p.181-205, 1999.
- MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.473-500, 2005.
- MISZTAL, I. Properties of random regression models using linear splines. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. v.123, p.74-80, 2006.
- MISZTAL, I. **BLUPF90 Manual**. [2010]. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>> Acesso em: 10/12/2010.
- 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.
- PEREIRA, R.J.; LOPES, P.S.; VERNEQUE, R.S. et al. Funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir leiteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.11, p.1303-1311, 2010.
- REKAYA, R.; CARABAÑO, M.J.; TORO, M.A. Use of test-day yield for the genetic evaluation of production traits in Holstein–Friesian cattle. **Livestock Production Science**, v.57, p.203-217, 1999.
- RICE, J.A.; WU, C.O. Nonparametric mixed effects models for unequally sampled noisy curves, **Biometrics**, v.57, p.253-259, 2001.
- RUPPERT, D.; WAND M.P.; CARROLL R.J. **Semiparametric Regression**. 1ed, New York: Cambridge University Press, 2003. 404p.
- SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G.J. et al. Experience with a test-day model. **Journal of Dairy Science**, v.83, n.5, p.1135-1144, 2000.
- SCHAEFFER L.R., 2008. **Random regression**. <<http://www.aps.uoguelph.ca/%7EElrs/ABModels/NOTES/RRM14a.pdf>>. Acessado em junho de 2008.
- SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, v.6, p.461-464, 1978.
- SMITH, B. J. boa: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistical Software**. v.21, p.1-37, 2007.

SPIEGELHALTER, D.J.; BEST, N.G.; CARLIN, B.P. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society. Series B. Statistical Methodology**, v.64, p.583-639, 2002.

SWALVE, H.H. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.1115-1124, 2000.

TOGASHI, K.; LIN, C.Y. Selection for milk production and persistency using eigenvectors of the random regression coefficient matrix. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.4866-4873, 2006.

TOGASHI, K.; LIN, C.Y. Genetic modification of the lactation curve by bending the eigenvectors of the additive genetic random regression coefficient matrix. **Journal of Dairy Science**. v.90, p.5753-5758, 2007.

VERNEQUE, R.S.; PANETTO, J.C.C.; BRUNELI, F.A.T. et al. **Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro – Sumário Brasileiro de Touros – Resultado do Teste de Progênie – Maio 2011**. Juiz de Fora: EMBRAPA Gado de Leite. 58p. , 2011 (Documentos, 145).

CAPÍTULO 4 – PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS EM BOVINOS GIR LEITEIRO UTILIZANDO-SE UM MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

RESUMO – Foram utilizados 104.135 registros de controle leiteiro de 13.314 primeiras lactações de vacas da raça Gir Leiteiro e cruzadas com Holandês. As produções de leite, gordura e proteína no dia do controle foram analisadas sob um modelo de regressão aleatória tri-características. As estimativas de herdabilidade variaram entre 0,12 e 0,24; 0,13 e 0,21; 0,12 e 0,26, para as produções diárias de leite, gordura e proteína, respectivamente. Para as produções diárias, as correlações genético-aditivas variaram entre 0,38 e 0,99 (leite), 0,25 e 0,99 (gordura), 0,22 e 0,99 (proteína), e foram maiores entre produções adjacentes, decrescendo gradualmente com o distanciamento entre os dias da lactação. As correlações genético-aditivas entre as características em diferentes estágios da lactação foram altas e sempre acima de 0,70. As herdabilidades para as produções acumuladas e persistências foram 0,21 e 0,14 (leite), 0,24 e 0,16 (gordura), 0,20 e 0,18 (proteína), respectivamente. Entre as produções acumuladas, as correlações genético-aditivas foram 0,96 (leite-gordura), 0,93 (leite-proteína), 0,90 (gordura-proteína) e, para as persistências, 0,73 (leite-gordura), 0,85 (leite-proteína), 0,87 (gordura-proteína). As correlações entre a produção acumulada e a persistência foram negativas, mas baixas, para as três características avaliadas. O modelo de regressão aleatória apresentado neste estudo poderia ser aplicado para as avaliações genéticas da raça Gir Leiteiro utilizando produções no dia do controle, em detrimento dos modelos tradicionais empregados para as estimativas de produção acumulada.

Palavras-chave: função de covariância, persistência, produção acumulada, produção diária

INTRODUÇÃO

A raça Gir Leiteiro encontra-se distribuída por todo o Brasil, o que se deve, principalmente, à sua capacidade de produção em pastejo, aliada à resistência aos endo e ectoparasitas bem como às altas temperaturas. Essas e outras características desejáveis têm despertado interesse de outros países localizados na faixa tropical do planeta, com exportação de sêmen e animais para África e Américas Central e do Sul e ainda, mais recentemente, até mesmo para a Índia, seu país de origem. De acordo com a Associação Brasileira de Inseminação Artificial (ASBIA, 2011), a raça Gir Leiteiro foi responsável por 32% das 115.760 doses de sêmen exportadas no ano de 2010, maior volume exportado entre todas as raças no país. Até o ano de 2010, o número de animais Gir (Gir e Gir Mocho) registados foi 675.853, sendo a segunda maior população de zebuínos no Brasil (ABCZ, 2011).

A raça Gir Leiteiro tem sido selecionada principalmente para a produção de leite. Em 1985 foi implementado um programa de melhoramento genético nacional para a raça, com base em teste de progênie, cujo objetivo é melhorar as produções de leite e sólidos e também características de tipo e manejo. As avaliações genéticas da raça para características produtivas têm sido baseadas em um modelo animal utilizando-se estimativas da produção acumulada até 305 dias de primeiras lactações (VERNEQUE et al., 2011).

O uso de Modelos de Regressão Aleatória (MRA) na avaliação genética de bovinos leiteiros tornou-se o método padrão para a maioria dos países (INTERBULL, 2011). Tais modelos utilizam a produção no dia do controle (PDC) em detrimento de estimativas da produção acumulada até 305 dias de lactação. Dentre os benefícios atribuídos ao uso dos MRA, destacam-se: a possibilidade de maximização do uso dos registros do controle leiteiro, com incremento da acurácia na avaliação dos indivíduos (SCHAEFFER et al., 2000; MEYER, 2004); maior precisão na definição dos grupos contemporâneos e quantificação dos efeitos ambientais (VISSCHER & GODDARD, 1995); possibilidade de cálculo do valor genético para persistência da produção de leite como funções dos dias em lactação (JAMROZIK et al., 1997). Adicionalmente,

possibilitam a avaliação genética de animais cuja lactação ainda está em curso, sem a necessidade de projeções, o que viabiliza a realização de avaliações mais frequentes, permitindo redução do intervalo de gerações (SWALVE, 2000).

PEREIRA et al. (2012a) avaliaram diferentes MRA empregando polinômios ortogonais de Legendre ou *Splines* lineares para a produção de leite no dia do controle de animais da raça Gir Leiteiro. Os autores recomendaram para as avaliações genéticas um modelo aplicando polinômios ortogonais de Legendre de grau 3 para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente.

Até o momento, nenhum estudo foi conduzido utilizando MRA para as produções de gordura e proteína no dia do controle em zebuínos leiteiros. A estimação de parâmetros genéticos acurados é uma importante etapa nas avaliações genéticas. Assim, objetivou-se com este estudo estimar parâmetros genéticos para as produções de leite, gordura e proteína no dia do controle da primeira lactação de bovinos Gir Leiteiro utilizando-se um modelo de regressão aleatória tri-características.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados

Os dados utilizados neste estudo foram obtidos junto à Embrapa Gado de Leite e correspondem aos registros de produção de leite, gordura e proteína no dia do controle de primeiras lactações de vacas da raça Gir Leiteiro (GL) e cruzadas com Holandês, filhas de touros GL. Tais informações foram provenientes rebanhos localizados em diversos estados do Brasil, os quais participam do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL), uma parceria entre Embrapa Gado de Leite, Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL). Foram utilizados os controles entre o 5º e o 305º dia da lactação. As condições estabelecidas para a inclusão das vacas no estudo foram: idade ao parto entre 20 e 66 meses; primeiro controle realizado antes de 45 dias após o parto; no mínimo 3 controles na lactação. As vacas foram distribuídas em subclasses rebanho-

ano de parto e então a conexão entre elas foi avaliada utilizando-se o programa AMC (ROSO & SCHENKEL, 2006). Foram eliminadas as informações referentes às subclasses com menos de dez laços genéticos diretos. As vacas foram distribuídas em 8 subclasses de idade-estação de parto, sendo 2 estações (Abril-Setembro e Outubro-Março) e 4 classes de idade (20-35; 36-47; 48-56 e 57-66 meses). Os grupos contemporâneos (GC) foram formados por animais cujas PDC foram mensuradas no mesmo rebanho, ano e mês. Os registros de PDC foram distribuídos em subclasses de rebanho-ano de parto (R2A), sendo 12 classes de 2 anos cada (1988-1989, ..., 2009-2010). As vacas foram distribuídas em 5 grupos genéticos: 1 = 100% GL; 2 = $87,5\% \leq GL < 100\%$; 3 = $75\% \leq GL < 87,5\%$; 4 = $62,5\% \leq GL < 75\%$; e 5 = $50\% \leq GL < 62,5\%$. A estrutura dos conjuntos de dados para cada característica após as restrições é apresentada na Tabela 1. A matriz de parentesco utilizada foi formada por 25.693 animais.

Tabela 1. Características do conjunto de dados utilizado na análise

	Leite	Gordura	Proteína
Nº de observações	104.135	29.213	23.353
Nº de vacas com observação	13.314	4.058	3.367
Nº de vacas pertencentes aos GG ¹ 1 2 3 4 5	8.522 258 1.289 2.875 370	1.603 148 664 1.505 138	876 167 657 1.524 143
Nº de touros	1.002	415	295
Nº médio de vacas / rebanho	22,3	18,4	16,3
Nº médio de controles / GC ²	5,2	4,5	4,4
Nº médio de controles / R2A ³	68,5	53,4	49,2
Vacas com 3 4 5 6 7:10 >10 controles (%)	5,9 5,5 5,7 7,2 74,2 1,5	6,5 8,0 9,4 11,7 64,0 0,4	7,7 8,4 9,9 13,4 60,5 0,1
Produção diária média (kg)	10,05	0,40	0,31
Desvio padrão da produção diária (kg)	4,86	0,22	0,15

¹GG = grupos genéticos: 1 = 100% Gir Leiteiro (GL); 2 = 87,5% ≤ GL < 100%; 3 = 75% ≤ GL < 87,5%; 4 = 62,5% ≤ GL < 75%; e 5 = 50% ≤ GL < 62,5%; ²GC = grupo contemporâneo (rebanho-ano-mês de controle); ³R2Y = rebanho-período de parto, sendo 12 períodos de 2 anos cada (1988-1989, ..., 2009-2010).

Análise

As características, produções de leite, gordura e proteína no dia do controle, foram analisadas utilizando-se um modelo de regressão aleatória tri-características, o qual pode ser representado por:

$$Y_{c,ijklmno} = GC_i + IE_{jk} + \sum_{o=1}^4 \beta_{lo} \varphi_o(t) + \sum_{o=1}^4 \gamma_{mo} \varphi_o(t) + \sum_{o=1}^4 \alpha_{no} \varphi_o(t) + \sum_{o=1}^4 p_{no} \varphi_o(t) + e_{ijklmno},$$

onde $Y_{c,ijklmno}$ é a observação para a característica c ; GC_i é o efeito da i -ésima subclasse rebanho-ano-mês do controle; IE_{jk} é o efeito da j -ésima subclasse de idade-estação do parto aninhado na classe k de dias em lactação (classes de 15 dias); β_{lo} é o o -ésimo coeficiente de regressão fixo, específico para a l -ésima subclasse de rebanho-ano de parto (R2A); γ_{mo} é o o -ésimo coeficiente de regressão fixo, específico para o grupo genético m ; α_{no} e p_{no} são os o -ésimos coeficientes de regressão para os efeitos aleatórios genético aditivo do animal n e de ambiente permanente da vaca n , $\varphi_o(t)$ é o o -ésimo polinômio ortogonal de Legendre correspondente ao dia t da lactação e $e_{ijklmno}$ é o resíduo associado à observação.

Em notação matricial, o modelo pode ser representado como:

$$\mathbf{Y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}$$

em que \mathbf{Y} é o vetor das observações; \mathbf{b} , o vetor dos efeitos sistemáticos (GC , IE , β e γ); \mathbf{a} , o vetor dos efeitos aleatórios genético-aditivos; \mathbf{p} , o vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente; \mathbf{e} , o vetor de efeito aleatório residual; e \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são as matrizes de incidência correspondentes às observações, para efeitos sistemáticos, efeitos aleatórios genético-aditivos e de ambiente permanente, respectivamente. Para este modelo assumiram-se as seguintes pressuposições:

$$y | \mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{p}, \mathbf{R} \sim \text{NMV}(\mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp}, \mathbf{R}), \quad \text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \Lambda_A \otimes \mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \Lambda_P \otimes \mathbf{I} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix}$$

em que Λ_A e Λ_P são, respectivamente, as matrizes de covariâncias genético-aditivas e de ambiente permanente entre os coeficientes de regressão para as três características; \mathbf{R} é a matriz de covariâncias residuais entre as características, uma matriz bloco-diagonal com blocos de tamanho 3×3 específicos para os respectivos intervalos: 5-30, 31-60, 61-120, 121-270 e 271-305 dias em lactação. Foi assumida uma mesma variância para os resíduos dentro de um intervalo e variâncias heterogêneas entre intervalos. Adicionalmente, foi assumido que os resíduos para diferentes dias da lactação eram não correlacionados. \mathbf{A} é a matriz do numerador dos coeficientes de parentesco entre os animais; \mathbf{I} é uma matriz identidade e \otimes é o operador produto direto entre matrizes.

A análise foi realizada por método Bayesiano utilizando-se o programa GIBBS3F90 (MISZTAL, 2010). As distribuições *a priori* assumidas para os parâmetros do modelo foram:

$$\mathbf{b} \propto \text{constante},$$

$$\mathbf{a} \mid \Lambda_A \sim NMV(0, \Lambda_A \otimes \mathbf{A}),$$

$$\mathbf{p} \mid \Lambda_P \sim NMV(0, \Lambda_P \otimes \mathbf{I}),$$

$$\Lambda_A / \nu_a, S_a^2 \sim WI(\nu_a, \nu_a S_a^2),$$

$$\Lambda_P / \nu_p, S_p^2 \sim WI(\nu_p, \nu_p S_p^2),$$

$$\mathbf{R} / \nu_e, S_e^2 \sim WI(\nu_e, \nu_e S_e^2),$$

em que *NMV* e *WI* indicam as distribuições Normal multivariada e Wishart invertida, respectivamente; e ν_a, S_a^2 , ν_p, S_p^2 e ν_e, S_e^2 representam o grau de confiança e os valores *a priori* para as covariâncias genético-aditivas, de ambiente permanente e residuais, respectivamente.

As inferências sobre os parâmetros de interesse foram realizadas a partir de suas correspondentes distribuições marginais *a posteriori*. Foi gerada uma cadeia de

1.000.000 amostras. Após o descarte das primeiras 50.000 amostras (burn-in), procedeu-se um intervalo de descarte amostral de 50, restando 19.000 amostras baseadas nas quais as inferências foram realizadas. A convergência foi monitorada pela inspeção gráfica das amostras \times iterações e também pelos critérios propostos por HEIDELBERGER & WELCH (1983) e GEWEKE (1992), os quais foram calculados com o auxílio do pacote *boa* do R (SMITH, 2007).

As herdabilidades e correlações genéticas entre as produções de leite, gordura e proteína acumuladas até 305 dias de lactação foram obtidas como em JAMROZIK & SCHAEFFER (1997) e as herdabilidades para os coeficientes de regressão aleatórios como apresentado por JAMROZIK et al. (2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O pico de produção de leite desta população ocorre em torno do dia 30 da lactação (Figura 1), mais cedo quando comparado às raças europeias (BIGNARDI et al., 2009; MIGLIOR et al., 2009). A curva média de produção de gordura (Figura 1) apresentou tendência semelhante à de produção de leite. Por outro lado, para a produção de proteína, não houve pico evidente e esta decresceu do início ao fim da lactação.

O número de informações para as produções de gordura e proteína (Figura 2) disponível para a análise representou, ao longo de toda a lactação, cerca de 30 e 20% do número total de registros de produção de leite, respectivamente. Estes são números relativamente baixos e refletem a falta de interesse dos criadores no Brasil pela mensuração e seleção para a composição do leite, procedimento há muito tempo realizado em diversos países. Tal fato poderia estar relacionado à ausência de pagamento diferenciado de acordo com tais teores até alguns anos atrás e também à dificuldade de envio das amostras de leite aos laboratórios credenciados pelo Ministério da Agricultura. PRATA (2012), em um estudo pioneiro na raça Gir Leiteiro, encontrou valores econômicos para as produções de proteína e gordura representando 40 e 1,5 vezes o valor econômico para a produção de leite. Neste sentido, estudos envolvendo

a obtenção de pesos econômicos para as características produtivas poderiam ser um estímulo ao aumento do número de registros fenotípicos disponíveis para as avaliações genéticas da raça.

Observou-se redução acentuada na disponibilidade de registros a partir de, aproximadamente, 200 dias de lactação (Figura 2). Alguma redução é esperada e este fato tem sido reportado em diversos estudos para diferentes raças (KETTUNEN et al., 2000; STRABEL et al., 2006; BIGNARDI et al., 2009). Entretanto, a ocorrência de lactações curtas (menores que 200 dias), uma peculiaridade genética da população em estudo, pode ser a causa desta queda mais acentuada.

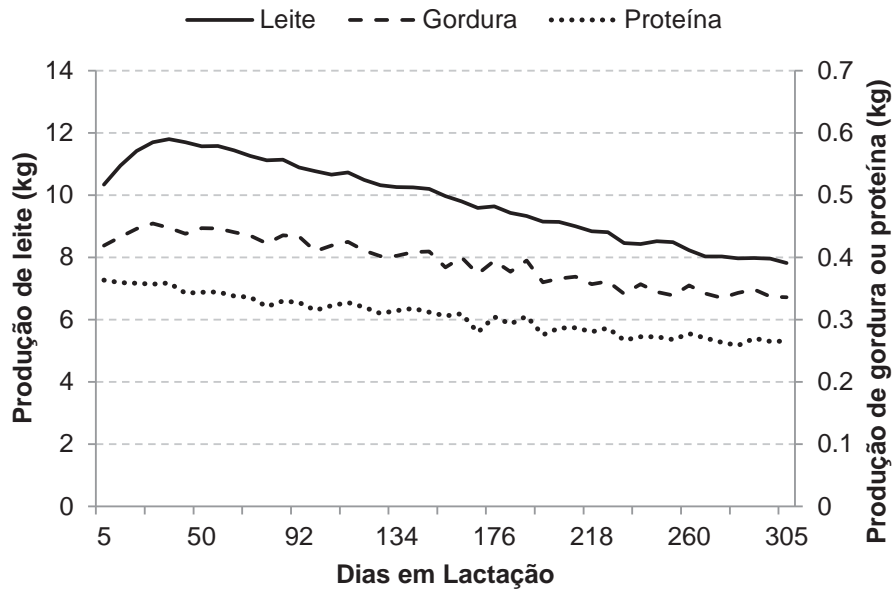


Figura 1. Produções médias de leite, gordura e proteína de acordo com o dia da lactação.

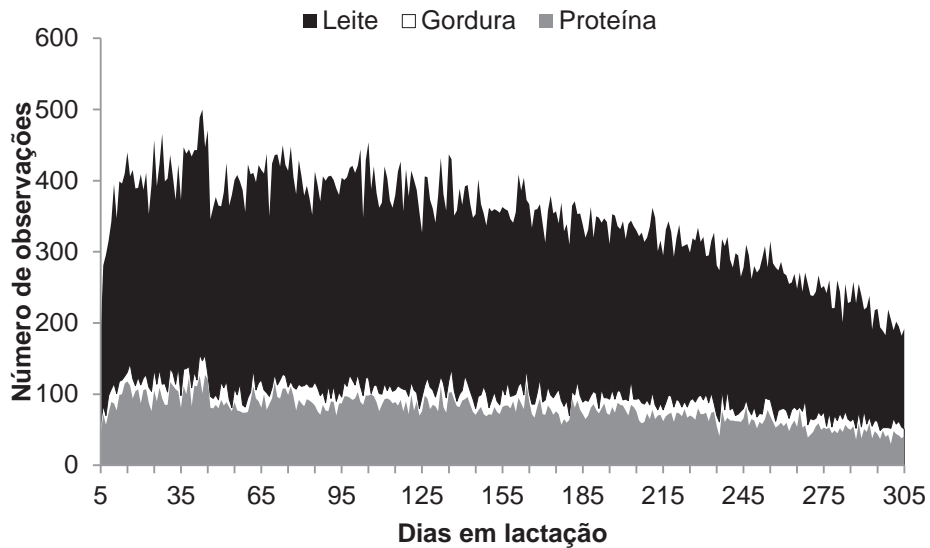


Figura 2. Número de observações por característica de acordo com o dia da lactação.

Parâmetros genéticos para as produções diárias

Em geral, as variâncias fenotípicas e de ambiente permanente para as três características (Figuras 3 a 5) apresentaram o típico formato de “U” reportado na literatura em estudos com diferentes populações, com variâncias maiores nos extremos da lactação em relação às da região central (STRABEL et al., 2006; BIGNARDI et al. 2009; MIGLIOR et al., 2009). Para as produções de gordura e proteína, esta tendência foi mais evidente, possivelmente devido à pequena disponibilidade de registros fenotípicos. Este comportamento, não esperado em termos biológicos, tem sido atribuído ao menor número de observações no início e no final da lactação e também a outros fatores que não são levados em conta no modelo, como tratamento preferencial (MEYER, 1999; BOHMANOVA et al., 2008). Outra justificativa tem sido a menor concentração de dados nos extremos da curva, o que pode afetar as estimativas de parâmetros genéticos (MEYER, 1999). Por outro lado, como também encontrado por STRABEL et al. (2006), as variâncias genético-aditivas foram mais homogêneas ao longo da lactação para as três características, com pequenas diferenças entre os extremos e a região central. Estimativas de magnitude e tendência semelhante foram

reportadas por PEREIRA et al. (2010) para a produção de leite, analisando parte do conjunto de dados utilizados neste estudo. Algumas mudanças relativamente bruscas nas variâncias fenotípicas ao longo da lactação se devem ao ajuste da variância residual em classes/intervalos de dias em lactação.

As médias *a posteriori* para as estimativas de herdabilidade (Figura 6) apresentaram a mesma tendência das variâncias genético-aditivas, e variaram entre 0,12 e 0,24; 0,13 e 0,21; 0,12 e 0,26, para as produções diárias de leite, gordura e proteína, respectivamente, sendo um pouco superiores na metade inicial da lactação. Assim, se no processo de seleção forem atribuídos pesos iguais aos valores genéticos estimados para os diferentes estádios da lactação (ex.: valor genético acumulado em 305 dias), espera-se que maiores ganhos sejam obtidos para a produção na primeira metade da lactação. Estimativas de magnitude similar foram reportadas para a produção de leite em bovinos Gir Leiteiro (HERRERA et al., 2008; PEREIRA et al., 2010) e Guzerá (SANTOS et al., 2010). Por outro lado, COSTA et al. (2005) encontraram estimativas muito superiores (ao redor de 0,80) nos primeiros 60 dias da lactação para a produção de leite na raça Gir Leiteiro, valores estes fora do esperado, cuja possível causa poderia ser o pequeno tamanho amostral utilizado (aproximadamente 1.200 vacas).

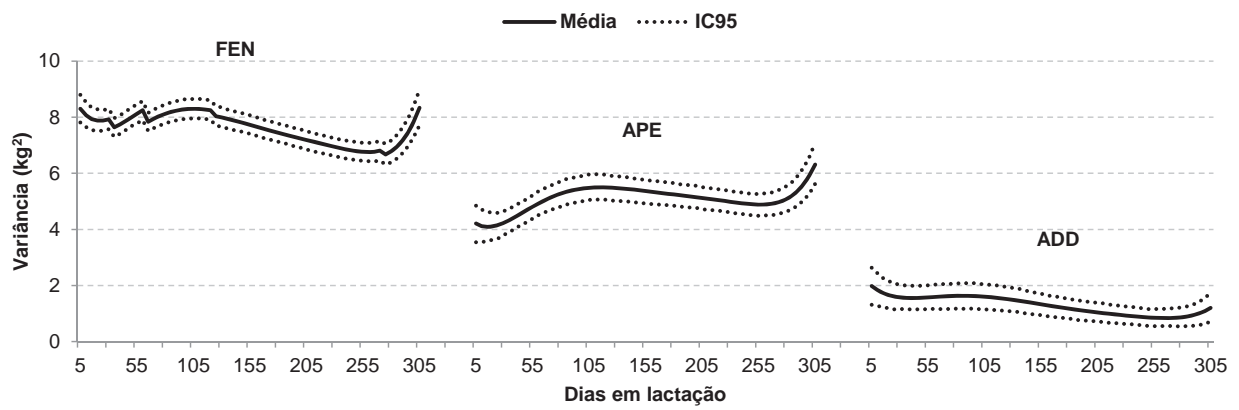


Figura 3. Médias *a posteriori* e respectivos intervalos de credibilidade de 95% (IC95) para as variâncias fenotípicas (FEN), de ambiente permanente (APE) e genético-aditivas (ADD) para a produção de leite de acordo com o dia da lactação.

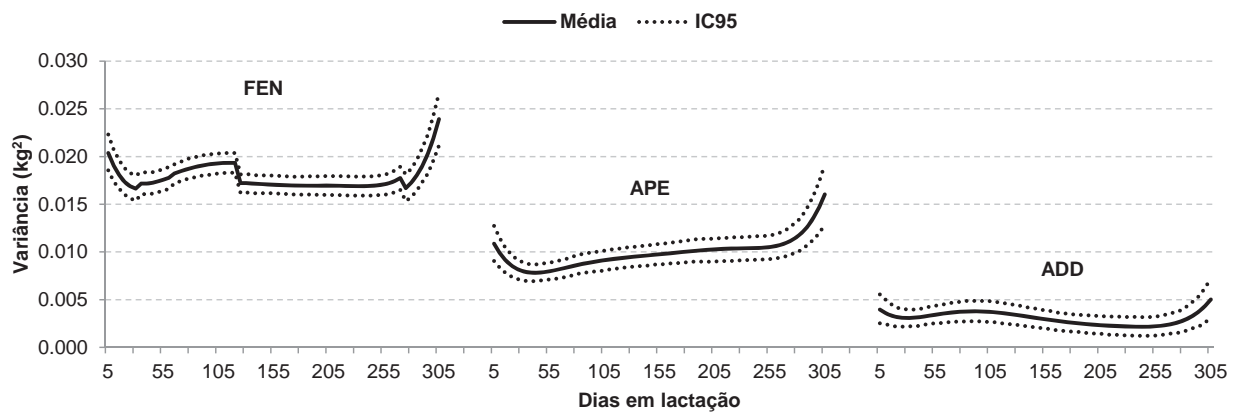


Figura 4. Médias *a posteriori* e respectivos intervalos de credibilidade de 95% (IC95) para as variâncias fenotípicas (FEN), de ambiente permanente (APE) e genético-aditivas (ADD) para a produção de gordura de acordo com o dia da lactação.

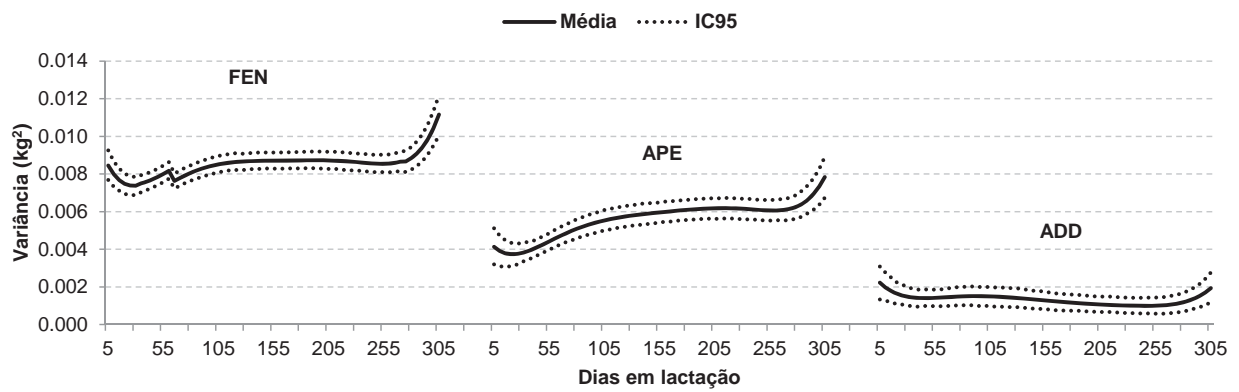


Figura 5. Médias *a posteriori* e respectivos intervalos de credibilidade de 95% (IC95) para as variâncias fenotípicas (FEN), de ambiente permanente (APE) e genético-aditivas (ADD) para a produção de proteína de acordo com o dia da lactação.

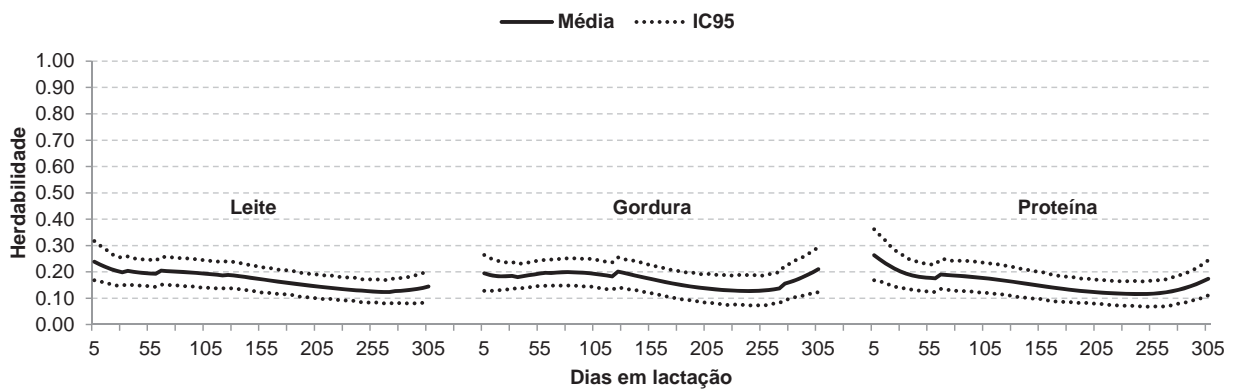


Figura 6. Médias *a posteriori* e respectivos intervalos de credibilidade de 95% (IC95) para as herdabilidades para as produções de leite, gordura e proteína de acordo com o dia da lactação.

As estimativas das correlações fenotípicas variaram entre 0,21 e 0,89 (leite), 0,22 e 0,87 (gordura), 0,20 e 0,88 (proteína), e foram maiores entre PDC adjacentes, decrescendo gradualmente com o distanciamento entre os dias da lactação. Com tendência semelhante, as estimativas de correlação de ambiente permanente variaram entre 0,45 e 0,99 (leite), 0,27 e 0,99 (gordura), 0,42 e 0,99 (proteína). As estimativas das correlações genético-aditivas entre as produções diárias de leite foram próximas a 0,99 entre PDC adjacentes, decrescendo para valores ao redor de 0,40 entre aquelas do início e do final da lactação. Por outro lado, apesar de tendência semelhante, as correlações genético-aditivas entre as produções de gordura ou proteína apresentaram quedas mais bruscas com o distanciamento entre os dias da lactação, entretanto, estas foram sempre acima de 0,20 (Figura 7). PEREIRA et al. (2010), trabalhando com parte do mesmo conjunto de dados utilizado neste estudo, utilizaram as funções de Wilmink ou Ali & Schaeffer para modelar as regressões fixas e aleatórias e reportaram estimativas de correlação genética negativas entre as produções de leite do início e do final da lactação. Além da diferença na função utilizada para as regressões (no presente estudo foram utilizados polinômios ortogonais de Legendre) e dos tamanhos amostrais utilizados, as definições dos efeitos sistemáticos foram diferentes entre os dois estudos. A principal delas foi a inclusão do efeito rebanho-ano de parto no presente estudo. O efeito do GC (rebanho-ano-mês de controle) nos MRA modela apenas as diferenças no nível de produção entre os rebanhos. Por outro lado, as regressões para o efeito rebanho-ano de parto seriam responsáveis por modelar as diferenças em persistência/formato da curva de lactação entre os rebanhos e dentro de um mesmo rebanho ao longo dos anos (JAMROZIK et al. 2001; DE ROOS et al. 2004). Incrementos nas estimativas de correlação genética também foram observados por JAMROZIK et al. (2001) e DE ROOS et al. (2004) ao incluírem o efeito rebanho-ano de parto (regressão) nos modelos.

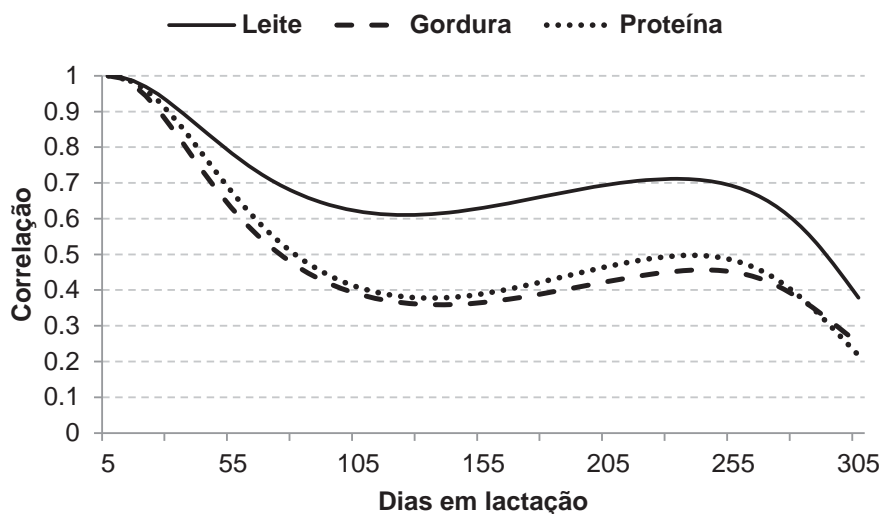


Figura 7. Médias *a posteriori* para as correlações genético-aditivas entre as produções de leite, gordura ou proteína no dia 5 e nos demais dias da lactação.

As correlações genético-aditivas entre as produções diárias de leite, gordura e proteína em diferentes estádios da lactação foram positivas e altas (Figura 8), indicando que a seleção exclusivamente para a produção de leite, como realizada atualmente, proporcionará ganhos correlacionados nas produções de gordura e proteína. Contudo, como as correlações não são iguais à unidade, espera-se, em longo prazo, queda nos teores destes componentes. As correlações foram um pouco inferiores no início e no fim da lactação. As correlações entre as produções de gordura e proteína foram inferiores àquelas entre leite e gordura ou leite e proteína.

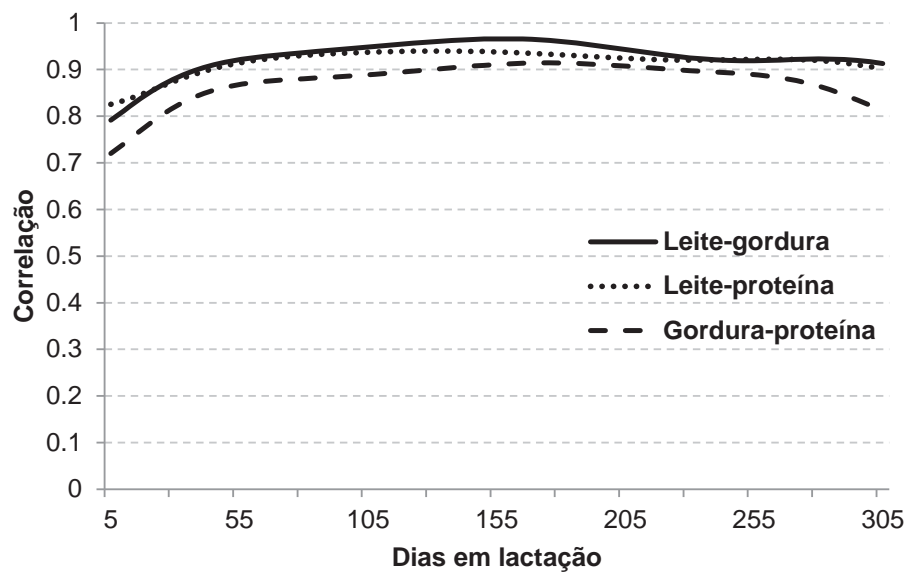


Figura 8. Médias *a posteriori* para as correlações genético-aditivas entre as produções de leite, gordura e proteína de acordo com o dia da lactação.

Os dois primeiros autovalores das matrizes de covariâncias genético-aditivas explicaram 93 (leite), 91 (gordura) ou 90% (proteína) da variação de cada característica. As duas primeiras autofunções associadas a estes autovalores foram muito semelhantes para as três características avaliadas. Portanto, foram apresentadas apenas aquelas referentes à produção de leite (Figura 9). A primeira autofunção foi positiva e aproximadamente constante ao longo de toda a lactação, cujo valor genético associado corresponde ao potencial médio do animal ao longo da lactação (DRUET et al., 2003). A seleção baseada na primeira autofunção permite alterar a produção ao longo da lactação no mesmo sentido. Por outro lado, a segunda autofunção foi crescente do início ao fim da lactação, e a seleção baseada nesta permite alterar o formato da curva de lactação (persistência da produção) da população (OLORI et al., 1999).

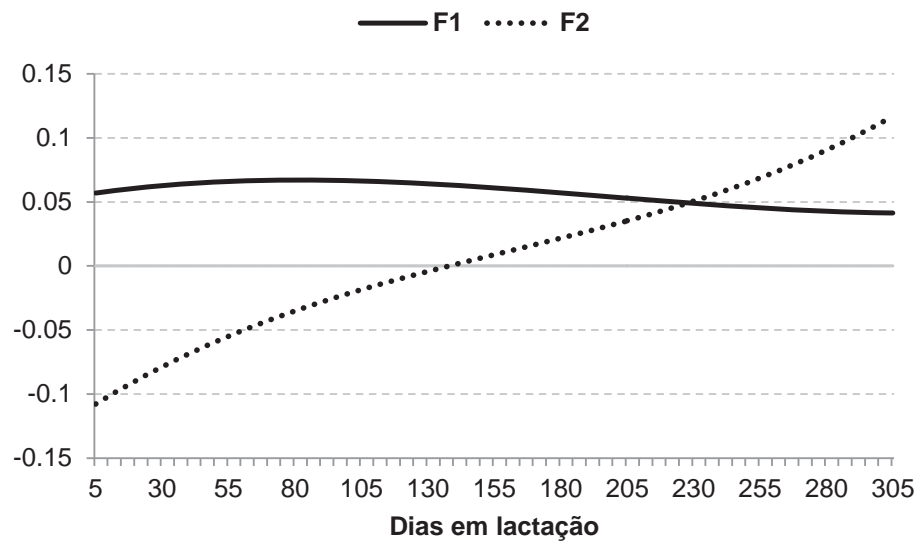


Figura 9. Estimativas médias *a posteriori* das autofunções, referentes aos dois primeiros (F1 e F2) autovalores da matriz de covariâncias genético-aditivas entre as produções de leite diárias.

Parâmetros genéticos para as produções acumuladas e persistências

O primeiro (a_0) e o segundo (a_1) coeficientes dos polinômios ortogonais de Legendre descrevem a produção total na lactação e a persistência, respectivamente (JAMROZIK et al., 2002; STRABEL et al., 2006). Portanto, as herdabilidades para estes coeficientes são equivalentes àquelas para a produção acumulada até 305 dias de lactação e para a persistência. A herdabilidade estimada para a produção de gordura acumulada (Tabela 2) foi semelhante à reportada por VERNEQUE et al. (2011) para parte do mesmo conjunto de dados, utilizando estimativas da produção acumulada até 305 dias (P305) e não produções no dia do controle. Por outro lado, as herdabilidades para as produções de leite e gordura obtidas por aqueles autores foram superiores às encontradas no presente estudo (Tabela 2). É importante salientar que, como as P305 são estimadas a partir de diferentes quantidades de controles na lactação, com intervalos irregulares entre estes e o uso de fatores de correção para o início e fim da lactação, algum viés é introduzido no processo. Logo, as herdabilidades obtidas com o

uso de modelos de P305 são, na verdade, herdabilidades para as estimativas da produção acumulada (JAMROZIK et al, 2001).

As herdabilidades para a persistência (coeficiente a_1) foram inferiores àquelas para as produções acumuladas (Tabela 2). Estimativas semelhantes foram reportadas por PEREIRA et al., (2012b) para medidas de persistência obtidas como funções das produções de leite em diferentes estádios da lactação de bovinos Gir Leiteiro. Estas estimativas são similares às reportadas por COLE & VANRADEN (2006) e COLE & NULL (2009), trabalhando com diferentes raças taurinas e uma medida de persistência independente da produção de leite acumulada até 305 dias.

As correlações genéticas entre a produção acumulada (a_0) e persistência (a_1) para as três características foram negativas e de pequena magnitude, semelhantes às encontradas por PEREIRA et al., (2012b) para algumas medidas de persistência. JAMROZIK et al. (2002), utilizando dados da raça Holandês provenientes de 4 países, encontraram correlações genéticas positivas (Canadá e Itália) e negativas (Austrália e Nova Zelândia) entre os dois primeiros coeficientes de regressão, diferenças que poderiam estar ligadas ao nível de produção e momento da lactação em que o pico ocorre (STRABEL et al, 2006). Neste caso, as populações da Austrália e da Nova Zelândia apresentavam menores níveis de produção e picos da lactação mais cedo, características semelhantes às da raça Gir Leiteiro.

As correlações genéticas para as produções acumuladas de leite, gordura e proteína (coeficientes a_0) foram positivas e altas, sendo um pouco inferiores entre as produções de gordura e proteína. Estimativas semelhantes foram reportadas por VERNEQUE et al. (2011). As correlações genéticas entre as persistências (coeficientes a_1) para as três características foram positivas, contudo inferiores àquelas para a produção acumulada, principalmente entre leite e gordura.

O número de registros fenotípicos para as produções de gordura e proteína é ainda muito pequeno e pode afetar negativamente as avaliações genéticas para estas características não somente por modelos de regressão aleatória, mas também pelo modelo tradicional utilizado atualmente. Assim, seria importante que a diretoria técnica da associação de criadores promovesse reuniões técnico-científicas no sentido de

conscientizar os criadores da necessidade de aferição dessas características de modo mais generalizado.

Tabela 2. Médias *a posteriori* (desvios-padrão entre parênteses) das herdabilidades (diagonal em negrito) e correlações genéticas entre os dois primeiros coeficientes de regressão (a0 e a1) para as produções de leite, gordura e proteína

Coeficientes	Coeficientes de regressão					
	Leite		Gordura		Proteína	
	a0	a1	a0	a1	a0	a1
Leite						
a0	0,21 (0,03)	-0,21 (0,07)				
a1		0,14 (0,03)				
Gordura						
a0	0,96 (0,01)		0,24 (0,04)	-0,14 (0,08)		
a1		0,73 (0,06)		0,16 (0,04)		
Proteína						
a0	0,93 (0,02)		0,90 (0,02)		0,20 (0,03)	-0,16 (0,07)
a1		0,85 (0,06)		0,87 (0,06)		0,18 (0,04)

CONCLUSÕES

As estimativas de herdabilidade para a produção acumulada na lactação e para a persistência foram de magnitude mediana, indicando a possibilidade de resposta satisfatória à seleção para estas características.

As correlações genéticas entre as produções de leite, gordura e proteína, sejam elas diárias ou acumuladas, foram altas e positivas, indicando que o uso atual da produção de leite como único critério de seleção proporcionará ganhos correlacionados para as produções de gordura e proteína. Entretanto, em longo prazo, espera-se queda no teor destes componentes do leite, como o ocorrido com outras raças leiteiras selecionadas durante maior espaço de tempo.

As correlações genéticas baixas e negativas entre as produções acumuladas e as persistências indicam que, em longo prazo, discretas quedas nas persistências são esperadas.

O modelo de regressão aleatória apresentado aqui poderia ser aplicado para as avaliações genéticas da raça Gir Leiteiro utilizando produções no dia do controle em detrimento das estimativas de produção acumulada.

REFERÊNCIAS

- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU – ABCZ. **Estatística total Brasil RGN + RGD - período 1939 a 2010**. [2011] Disponível em: <<http://www.abcz.org.br/AreaTecnica>> Acesso em: 11/08/2011.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INSEMINAÇÃO ARTIFICIAL – ASBIA. **Relatório estatístico de importação, exportação e comercialização de sêmen – 2010**. [2011]. Disponível em: <<http://www.asbia.org.br>> Acesso em: 11/08/2011.
- BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L.; CARDOSO, V.L. et al. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v.123, p.1-7, 2009.
- BOHMANOVA, J.; MIGLIOR, F.; JAMROZIK, J. et al. Comparison of random regression models with Legendre polynomials and linear splines for production traits and somatic cell score of Canadian holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v.91, p.3627-3638, 2008.
- COLE, J.B.; VANRADEN, P.M. Genetic evaluation and best prediction of lactation persistency. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.2722-2728, 2006.
- COLE, J.B.; NULL, D.J. Genetic evaluation of lactation persistency for five breeds of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.92, p.2248-2258, 2009.
- COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; MACHADO, C.H.C. et al. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.1520-1531, 2005.

- DE ROOS, A.P.W.; HARBERS, A.G.F. & DE JONG, G. Random herd curves in a test-day model for milk, fat, and protein production of dairy cattle in the Netherlands. **Journal of Dairy Science**, v.87, p.2693-2701, 2004.
- DRUET T.; JAFFRÉZIC, F.; BOICHARD, D. et al. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows, **Journal of Dairy Science**, v.86, p.2480-2490, 2003.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P. et al. (Ed.) **Bayesian Statistics 4**. New York: Oxford University Press, 1992. p.625-631.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**. v.31, p.1109-1144, 1983.
- HERRERA, L.G.G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.9, p.1584-1594, 2008.
- INTERBULL. [2011]. <<http://www-interbull.slu.se/eval/framesida-prod.htm>>. Acesso em: 11/08/2011.
- JAMROZIK, J. & SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762-770, 1997.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.1217-1226, 1997.
- JAMROZIK, J.; GIANOLA, D. & SCHAEFFER, L.R. Bayesian estimation of genetic parameters for test day records in dairy cattle using linear hierarchical models. **Livestock Production Science**, v.71, p.223-240, 2001.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. & WEIGEL, K.A. Estimates of genetic parameters for single- and multiple-country test-day models. **Journal of Dairy Science**, v.85, p.3131-3141, 2002.

- KETTUNEN, A.; MÄNTYSAARI, E.A.; PÖSÖ, J. Estimation of genetic parameters daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test-day models. **Livestock Production Science**, v.66, p.251-261, 2000.
- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cow. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116, p.181-205, 1999.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MIGLIOR, F.; GONG, W.; WANG, Y. et al. Short communication: Genetic parameters of production traits in Chinese Holsteins using a random regression test-day model. **Journal of Dairy Science**, v.92, p.4697-4706, 2009.
- MISZTAL, I. **BLUPF90 Manual**. [2010]. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>> Acesso em: 10/12/2010.
- 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.
- PEREIRA, R.J.; LOPES, P.S.; VERNEQUE, R.S. et al. Funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir leiteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.11, p.1303-1311, 2010.
- PEREIRA, R.J.; BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L. et al. Random regression models using Legendre polynomials or linear *Splines* for test-day milk yield of Dairy Gyr (*Bos indicus*) cattle. **Journal of Dairy Science** (Submetido), 2012a.
- PEREIRA, R.J.; VERNEQUE, R.S.; LOPES, P.S. et al. Milk yield persistency in Brazilian Gyr cattle based on a random regression model. **Genetics and Molecular Research** (Aceito para publicação), 2012b.
- PRATA, M.A. **Objetivos de seleção para características de produção e qualidade do leite para a Raça Gir leiteiro**. 2012. 42f. Dissertação (Mestrado em Produção Animal Sustentável). Instituto de Zootecnia. APTA/SAA, Nova Odessa.
- ROSO, V.M.; SCHENKEL, F.S. AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: WORLD CONGRESS ON

- GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006. p.26. (Communication, 27).
- SANTOS, D.J.A. ; PEIXOTO, M.G.C.D. ; TONHATI, H. et al. Modelos de regressão aleatória para ajustamento da produção de leite no dia de controle de vacas Guzerá, considerando estrutura heterogênea de variância residual. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 47., 2010, Salvador. **Anais...** Salvador, 2010. v.1, p.1-3.
- SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G.J. et al. Experience with a test-day model. **Journal of Dairy Science**, v.83, n.5, p.1135-1144, 2000.
- SMITH, B. J. boa: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistical Software**. v.21, p.1-37, 2007.
- STRABEL, T. & JAMROZIK, J. Genetic Analysis of Milk Production Traits of Polish Black and White Cattle Using Large-Scale Random Regression Test-Day Models. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.3152-3163, 2006.
- SWALVE, H.H. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.1115-1124, 2000.
- VERNEQUE, R.S.; PANETTO, J.C.C.; BRUNELI, F.A.T. et al. **Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro – Sumário Brasileiro de Touros – Resultado do Teste de Progênie – Maio 2011**. Juiz de Fora: EMBRAPA Gado de Leite. 58p. , 2011 (Documentos, 145).
- VISSCHER, P.M.; GODDARD, M.E. Genetic parameters for milk yield, survival, workability and type traits for Australian dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.78, n.1, p.205-220, 1995.

CAPÍTULO 5 – USO DE UM MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DA PRODUÇÃO DE LEITE EM BOVINOS GIR LEITEIRO

RESUMO – Foram utilizadas 6.436 primeiras lactações com 52.158 registros de controle leiteiro de vacas Gir Leiteiro. Compararam-se as avaliações genéticas da raça para a produção de leite utilizando-se um modelo de regressão aleatória baseado nas produções diárias ou o modelo tradicionalmente empregado, baseado nas estimativas da produção acumulada até 305 dias de lactação. As correlações de rank entre os valores genéticos preditos com os dois modelos foram 0,96 para todos os animais, vacas com produção e touros pais de vacas com produção conhecida. Observaram-se percentuais relativamente baixos de animais em comum quando pequenas proporções de indivíduos foram selecionadas para serem pais da próxima geração. Ao se analisar toda a população, observaram-se ganhos médios em acurácia de 2,6; 3,0 e 2,6% para todos os animais, vacas com produção e touros pais de vacas com produção conhecida, respectivamente. Tendência genética similar àquela para a produção acumulada foi observada para o primeiro coeficiente de regressão, o que era esperado, dada sua forte relação com a produção total na lactação. Por outro lado, têm ocorrido quedas no valor genético médio dos animais para o segundo coeficiente de regressão, o qual está relacionado à persistência. Dados os resultados obtidos e a maior adequação estatística do modelo de regressão aleatória, bem como a facilidade de obtenção de uma medida de persistência por este método, recomenda-se o modelo aqui utilizado para as avaliações genéticas para características produtivas na raça.

Palavras-chave: acurácia, correlação de rank, persistência, polinômio de Legendre

INTRODUÇÃO

Os modelos de regressão aleatória (MRA) aplicados às avaliações genéticas de características produtivas de bovinos leiteiros têm sido utilizados de forma generalizada em diversos países (INTERBULL, 2011). Nestes, utilizam-se registros de produção no dia do controle (PDC) em detrimento da produção acumulada até 305 dias da lactação (P305). Os MRA apresentam diversas vantagens sobre aqueles aplicados à P305, dentre as quais: evitam a utilização de fatores de ajuste para estender lactações parciais; permitem considerar fatores específicos para cada dia do controle, como, por exemplo, grupos de manejo dentro de rebanho, quantificando os efeitos ambientais de forma mais adequada; solucionam o problema das diferenças na quantidade de informações que contribuem para a estimação da P305; possibilitam o cálculo do valor genético para persistência da produção como uma função dos dias em lactação (VISSCHER & GODDARD, 1995; JAMROZIK et al., 1997; REKAYA et al., 1999).

Uma das principais vantagens associadas ao uso dos MRA é o incremento da acurácia das avaliações genéticas, fato demonstrado em alguns estudos de simulação (KISTEMAKER, 1997; MEYER, 2004) e também com dados reais (BOLIGON et al., 2011; SANTOS, 2011).

As avaliações genéticas da raça Gir Leiteiro para características produtivas têm sido realizadas aplicando-se um modelo animal sobre as estimativas da produção acumulada até 305 dias de primeiras lactações (VERNEQUE et al., 2011) ou múltiplas lactações (ABCZ, 2011). Estudos foram feitos com o objetivo de desenvolver um MRA adequado para utilizarem-se as PDC nas avaliações da raça (HERRERA et al., 2008; PEREIRA et al., 2010a; PEREIRA et al., 2010b; PEREIRA et al., 2012). Nenhum destes estudos, entretanto, demonstrou o potencial incremento nas acurácias dos valores genéticos preditos ao se aplicar um MRA aos registros de PDC da raça. Assim, esta pesquisa foi conduzida com o objetivo de comparar as avaliações genéticas da raça para a produção de leite utilizando-se um modelo de regressão aleatória ou o modelo tradicionalmente empregado.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados

Os registros de controle leiteiro foram disponibilizados pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e são provenientes do serviço de Controle Leiteiro Oficial realizado em rebanhos Gir Leiteiro distribuídos em diversos estados do Brasil. Tais registros são parte do Arquivo Zootécnico Nacional, o qual é gerenciado pela Embrapa Gado de Leite.

As condições estabelecidas para a inclusão das vacas no estudo foram: idade ao parto entre 20 e 66 meses; primeiro controle leiteiro realizado antes de 45 dias após o parto; intervalo de controles leiteiros inferiores a 45 dias; no mínimo três controles leiteiros durante a lactação; apenas aquelas cujas lactações estavam encerradas. Foram eliminadas do estudo vacas com P305 ou duração da lactação fora da amplitude média $\pm 3,5$ desvios-padrão. Adicionalmente, foram eliminadas as vacas pertencentes a grupos contemporâneos (rebanho-ano-estação de parto = GC) com menos de três animais. A conexão entre os GC foi avaliada utilizando-se o programa AMC (ROSO & SCHENKEL, 2006), e então eliminadas as informações referentes àqueles com menos de dez laços genéticos diretos. As vacas foram distribuídas em 8 subclasses de idade-estação de parto, sendo 2 estações (Abril-Setembro e Outubro-Março) e 4 classes de idade (20-35; 36-47; 48-56 e 57-66 meses). Os registros de controle leiteiro foram distribuídos em subclasses de rebanho-ano de parto (R2A), sendo 12 classes de 2 anos cada (1988-1989, ..., 2009-2010). Somente animais puros foram utilizados. Após estas restrições foram utilizadas nas análises 6.436 primeiras lactações com 52.158 registros de controle leiteiro. A matriz de parentesco utilizada foi formada por 17.460 animais.

Modelos

As análises foram realizadas sob um modelo animal pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) utilizando-se o programa Wombat (Meyer, 2007).

Na primeira análise, utilizando-se o modelo tradicional (MP305) ajustado sobre as estimativas da P305, foram incluídos os efeitos fixos de GC e idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático) e o efeito aleatório genético aditivo.

Na segunda análise, um MRA foi aplicado aos registros de produção de leite no dia do controle (PLDC). Este pode ser representado por MRA305:

$$Y_{ijkl} = RAM_i + \sum_{l=1}^4 \beta_{jl} \varphi_l(t) + \sum_{l=1}^4 \gamma_{kl} \varphi_l(t) + \sum_{l=1}^4 \alpha_{il} \varphi_l(t) + \sum_{l=1}^4 p_{lm} \varphi_m(t) + e_{ijklm},$$

onde Y_{ijklm} é a observação para a característica; RAM_i é o efeito da i -ésima subclasse rebanho-ano-mês do controle; β_{jm} é o m -ésimo coeficiente de regressão fixo, específico para a j -ésima subclasse de rebanho-ano de parto (R2A); γ_{km} é o m -ésimo coeficiente de regressão fixo, específico para k -ésima subclasse idade-estação do parto; α_{lm} e p_{lm} são os m -ésimos coeficientes de regressão para os efeitos aleatórios genético aditivo do animal l e de ambiente permanente da vaca l , $\varphi_m(t)$ é o m -ésimo polinômio ortogonal de Legendre correspondente ao dia t da lactação e e_{ijklm} é o resíduo associado à observação.

No MRA, foi assumida uma mesma variância para os resíduos dentro dos seguintes intervalos: 5-30, 31-60, 61-120, 121-270 e 271-305 dias em lactação. Variâncias heterogêneas foram assumidas entre intervalos. Adicionalmente, foi assumido que os resíduos para diferentes dias da lactação eram não correlacionados.

Os dois modelos foram contrastados em termos da correlação de rank entre os valores genéticos preditos para a P305 (VG305) e quanto ao percentual de animais coincidentes quando diferentes intensidades de seleção foram aplicadas baseando-se nos VG305. Adicionalmente, as acurácias dos VG305 foram obtidas a partir da inversa da matriz dos coeficientes nas duas análises. Estas foram calculadas como $\sqrt{1 - PEV / \sigma_a^2}$, onde PEV é a variância do erro de predição e σ_a^2 é a variância genética aditiva.

O Programa Nacional de Melhoramento Genético Gir Leiteiro (PNMGL), uma parceria entre Embrapa, ABCGIL (Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro) e ABCZ, foi iniciado no ano de 1985, sendo o primeiro resultado do teste de progênie divulgado no ano de 1993. Desde modo, considerando-se um horizonte entre os anos de 1965 e 2007, estimou-se a tendência genética para a produção acumulada até 305 dias de lactação e também para os dois primeiros coeficientes genético-aditivos da regressão aleatória ajustada (polinômios ortogonais de Legendre).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As herdabilidades estimadas para as produções de leite diárias com o MRA305 foram um pouco superiores na metade inicial da lactação e variaram entre 0,16 e 0,25 (Figura 1). A estimativa de herdabilidade para o primeiro coeficiente de regressão (intercepto), a qual é equivalente àquela para a produção total na lactação (JAMROZIK et al., 2002; STRABEL et al., 2006), foi de 0,26. O mesmo valor foi obtido com o modelo tradicional, o MP305, onde foram utilizadas as estimativas da produção acumulada até 305 dias.

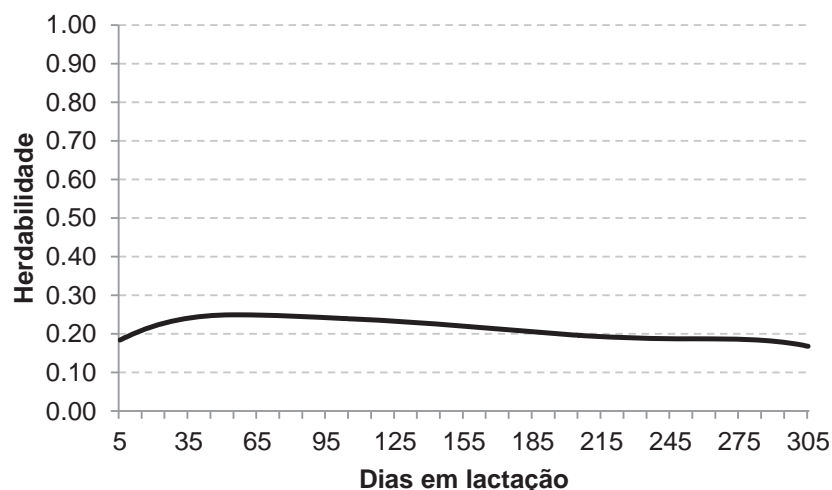


Figura 1. Estimativas de herdabilidade obtidas com o modelo de regressão aleatória de acordo com o dia da lactação.

As médias, desvios-padrão e amplitudes dos VG305 obtidos com o MP305 foram superiores às aquelas com o MRA305 (Tabela 1). As correlações de Pearson e de rank entre os VG305 obtidos com os dois modelos foram 0,96 para todos os animais, vacas com produção e touros pais de vacas com produção conhecida. Tais correlações indicam que há uma significativa alteração na classificação dos animais quando um ou outro modelo é utilizado para as avaliações genéticas. Valores inferiores foram observados por HERRERA et al. (2008) para a raça Gir Leiteiro e por SANTOS (2011) para a raça Guzerá, os quais, possivelmente, se devem às diferenças entre critérios de consistência dos dados, entre as funções empregadas para o ajuste dos efeitos aleatórios e os efeitos fixos considerados nos MRA utilizados nas análises. Por outro lado, valores semelhantes foram reportados por SCHAEFFER et al. (2000) para diversas raças no Canadá.

Tabela 1 - Número de observações (N), médias, desvios-padrão e valores máximos e mínimos dos valores genéticos preditos para a produção acumulada até 305 dias de lactação

	N	Valor Genético Predito			
		Média	Desvio-padrão	Mínimo	Máximo
Todos os Animais					
MRA305 ¹	17.460	185,4	351,4	-782,2	2.236,0
MP305 ²	17.460	215,5	391,8	-815,1	2.264,0
Vacas					
MRA305	6.436	373,6	422,1	-782,2	2.236,0
MP305	6.436	430,0	464,2	-815,1	2.264,0
Touros					
MRA305	777	221,8	379,7	-540,8	1.696,0
MP305	777	261,6	421,9	-566,4	1.964,0

¹MRA305: modelo de regressão aleatória utilizando as produções no dia do controle; ²MP305: modelo tradicional, utilizando as estimativas da produção acumulada até 305 dias de lactação.

Percentuais relativamente baixos de animais em comum foram observados quando 1 ou 5% dos touros foram selecionados para serem pais da próxima geração, utilizando-se o MRA305 ou o MP305 (Tabela 2). Tendência semelhante foi observada na seleção de vacas para serem mães (Tabela 2). Como esperado, à medida que a intensidade de seleção diminui, uma maior percentagem de animais em comum é selecionada. Assim, sob altas intensidades de seleção, situação comum quando da

escolha dos touros e vacas que serão pais de futuros touros integrantes de testes de progênie, esperam-se diferenças significativas entre o grupo de animais selecionados pelo MRA305 ou o MP305.

Ao se observarem as classificações dos 20 melhores touros (pais de vacas com produção conhecida) ou das 20 melhores vacas com produção conhecida utilizando os modelos MRA305 ou MP305 (Tabela 3), foram encontradas alterações significativas entre os dois modelos. Como exemplo, o touro classificado em 5º lugar ao se utilizar o MRA305, foi o 30º quando utilizado o MP305. Em uma população pequena como a da raça Gir Leiteiro, a diferença em intensidade de utilização e consequente contribuição genética para a população, ao se compararem animais classificados nestas posições, pode ser grande. Foram observados ganhos em acurácia entre 1 e 3% para a maioria destes touros ao se utilizar o MRA305. De forma semelhante, para todas as 20 melhores vacas ocorreram ganhos em acurácia e estes foram mais significativos, variando entre 1 e 5%.

Ao se analisar toda a população, observaram-se ganhos médios em acurácia de 2,6; 3,0 e 2,6% para todos os animais, vacas com produção e touros pais de vacas com produção conhecida, respectivamente. Estes foram inferiores aos reportados por KISTEMAKER (1997) em estudo de simulação, onde foram obtidos ganhos em acurácia entre 4 e 8% para vacas e de 2 a 5% para touros. Por outro lado, valores semelhantes aos encontrados neste estudo foram relatados por SANTOS (2011), trabalhando com dados da raça Guzerá. Se fossem utilizadas as informações das vacas em lactação, possivelmente os ganhos em acurácia teriam sido superiores ao se utilizar o modelo de regressão aleatória, visto que para estas não há a necessidade de utilização de fatores para estender as lactações. Dos 17.460 animais, para cerca de 7% (1.222 animais) foram observadas perdas em acurácia. Destes, 53 eram touros pais de vacas com

produção conhecida, para os quais o número médio de filhas por touro foi 1,8 com mínimo 1 e máximo 9 filhas.

Tabela 2. Número total de animais (N), número de animais em comum (NC) e percentual de animais em comum (%C) quando diferentes percentuais dos animais são selecionados (%SEL) para a reprodução utilizando-se os valores genéticos preditos para a produção acumulada até os 305 dias de lactação, obtidos com o modelo de regressão aleatória ou com o modelo tradicional

%SEL	Touros ¹ (correlação de rank = 0,96)			Vacas ² (correlação de rank = 0,96)		
	N	NC	%C	N	NC	%C
1	8	5	62	64	47	73
5	39	29	75	322	246	76
10	78	61	78	644	516	80
20	155	136	88	1.287	1.116	87
40	311	288	93	2.574	2.343	91
60	466	429	92	3.862	3.628	94
80	622	594	95	5.149	4.937	96

¹Touros: touros pais de vacas com produção conhecida; ²Vacas: vacas com produção conhecida

Tabela 3. Comparação dos valores genéticos preditos (VG) e classificação (Clas) dos 20 melhores touros (pais de vacas com produção conhecida) e das vacas com produção conhecida, empregando-se os modelos de regressão aleatória (RA) e tradicional (T)

Clas.RA	Touros				Vacas			
	VG.RA	Clas.T	VG.T	dAC ¹	VG.RA	Clas.T	VG.T	dAC
1	1.696	1	1.964	0	2.236	1	2.264	3
2	1.456	4	1.416	3	2.067	7	1.941	4
3	1.389	2	1.731	0	2.004	2	2.072	3
4	1.320	3	1.500	1	1.912	9	1.919	2
5	1.313	30	1.118	0	1.891	18	1.834	3
6	1.245	15	1.190	2	1.849	3	2.070	3
7	1.237	6	1.363	3	1.842	5	2.028	1
8	1.232	11	1.255	2	1.823	10	1.915	3
9	1.208	21	1.164	3	1.784	19	1.824	5
10	1.202	13	1.203	3	1.783	13	1.876	3
11	1.180	28	1.127	1	1.767	11	1.912	3
12	1.178	25	1.136	2	1.732	176	1.350	4
13	1.142	8	1.343	1	1.722	26	1.771	1
14	1.137	32	1.108	2	1.719	6	1.976	5
15	1.135	7	1.358	0	1.716	4	2.048	2
16	1.110	16	1.181	2	1.710	34	1.711	3
17	1.097	18	1.177	3	1.709	8	1.922	3
18	1.095	26	1.134	0	1.701	12	1.898	3
19	1.090	23	1.140	1	1.661	20	1.817	3
20	1.071	5	1.377	2	1.654	89	1.515	3

¹dAC: percentual de ganho ou perda na acurácia dos valores genéticos preditos ao se substituir o modelo tradicional pelo de regressão aleatória.

Ao se observar a tendência genética da população estudada ao longo dos anos (Figura 2), é possível notar a importância do PNMGL para o melhoramento genético da produção de leite acumulada na raça Gir Leiteiro. Até o ano 1985, o ganho genético para a P305 foi nulo. De 1985, ano em que foi iniciado o PNMGL com a distribuição de sêmen do primeiro grupo do teste de progênie, até 1993, o ganho genético médio anual foi de 4,7 kg. A partir de 1993, com a divulgação do resultado do primeiro grupo do teste de progênie, o ganho genético médio anual foi de 44,6 kg.

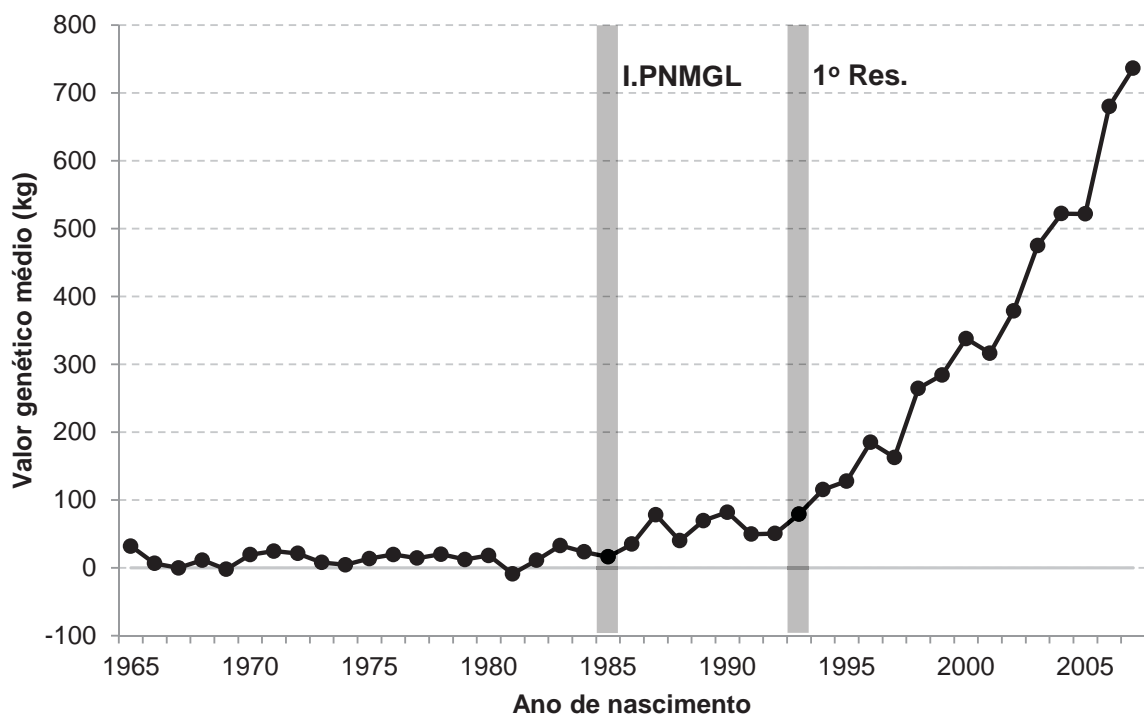


Figura 2. Médias dos valores genéticos preditos para a produção de leite acumulada até 305 dias de lactação de acordo com o ano de nascimento dos animais (I.PNMGL = início do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro; 1º Res. = divulgação do primeiro resultado do teste de progênie).

Tendência similar àquela para a P305 foi observada (Figura 3) para o primeiro coeficiente de regressão (b_0), o que era esperado, dada sua forte relação com a produção total na lactação. Por outro lado, têm ocorrido quedas no valor genético médio

dos animais (Figura 3) para o segundo coeficiente de regressão (b_1), o qual está relacionado à persistência (JAMROZIK et al., 2002; STRABEL et al., 2006).

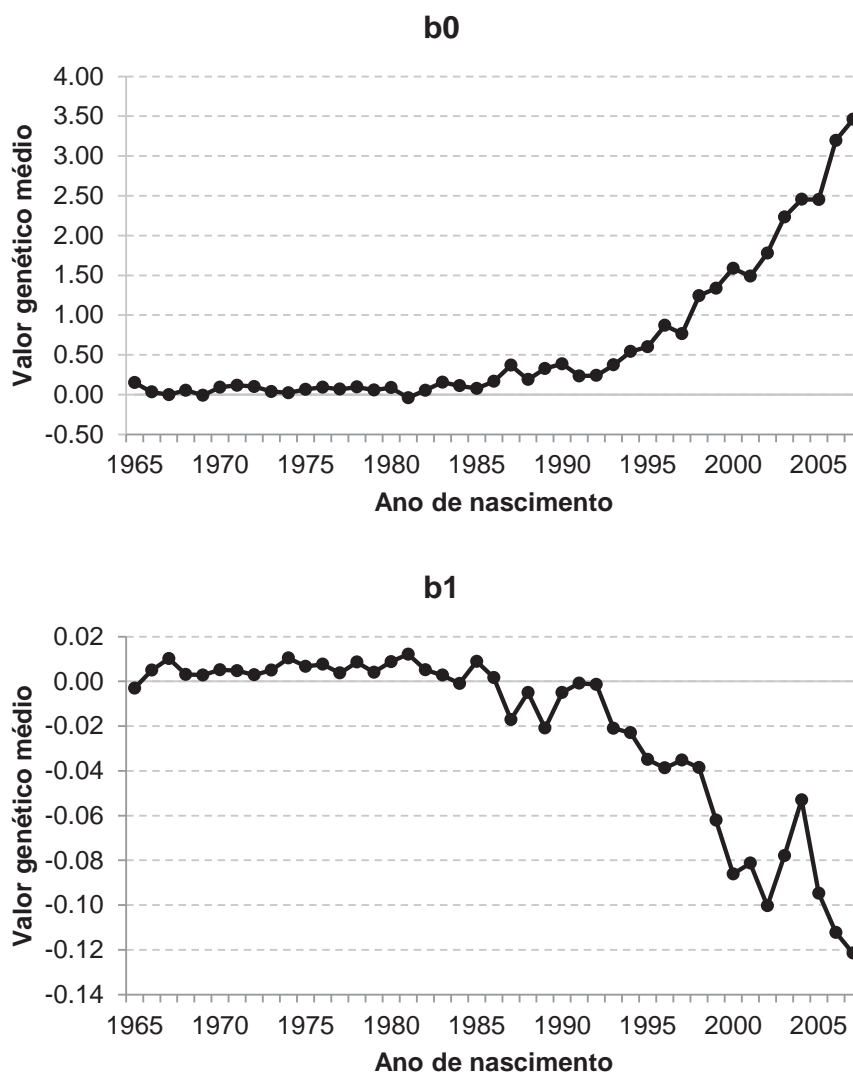


Figura 3. Médias dos valores genéticos preditos para os dois primeiros coeficientes do polinômio ortogonal de Legendre (b_0 e b_1 , respectivamente) de acordo com o ano de nascimento dos animais.

Touros com menores valores genéticos para b_1 (VG b_1) geram filhas com menor persistência, como pode, por exemplo, ser observado nas Figuras 4 e 5. Os touros A e B possuem VG305 similares (853 e 884 kg, respectivamente). Por outro lado, o VG b_1 para o touro A é positivo (0,83) enquanto que para o touro B este é negativo (-0,56) o

que resulta em diferentes padrões de VG ao longo da lactação (Figura 4). Apenas como um exemplo, considere uma curva de lactação padrão compatível com a média da população estudada (Figura 5). Somando-se a cada produção diária as respectivas DEP (diferença esperada na progênie) de cada um dos touros, têm-se as curvas médias estimadas das progênie dos touros A e B (Figura 5). Nota-se claramente o incremento no nível de produção proporcionado pelo uso de ambos os touros. Por outro lado, as filhas do touro A serão mais persistentes (curvas de lactação com formato mais achatado) quando comparadas às do touro B.

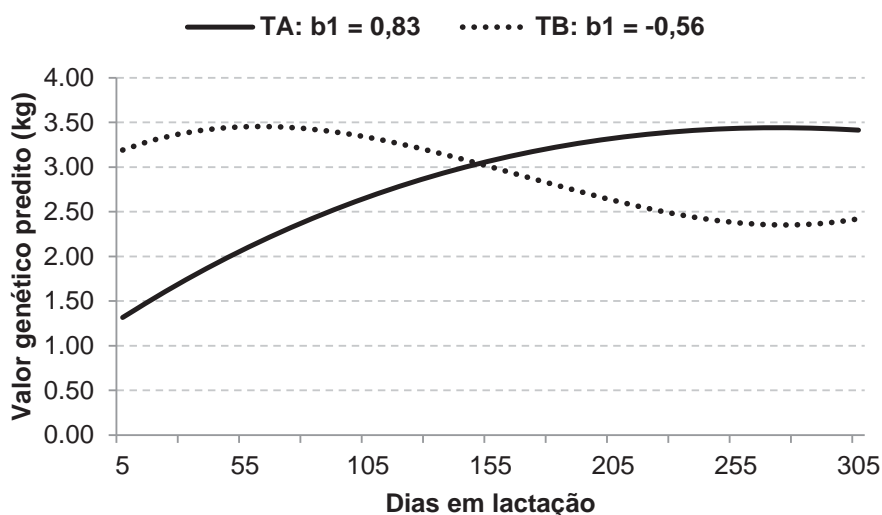


Figura 4. Valores genéticos preditos de acordo com o dia da lactação, para dois touros (TA e TB) com valores genéticos semelhantes para a produção acumulada na lactação e opostos para o segundo coeficiente do polinômio ortogonal de Legendre (b_1).

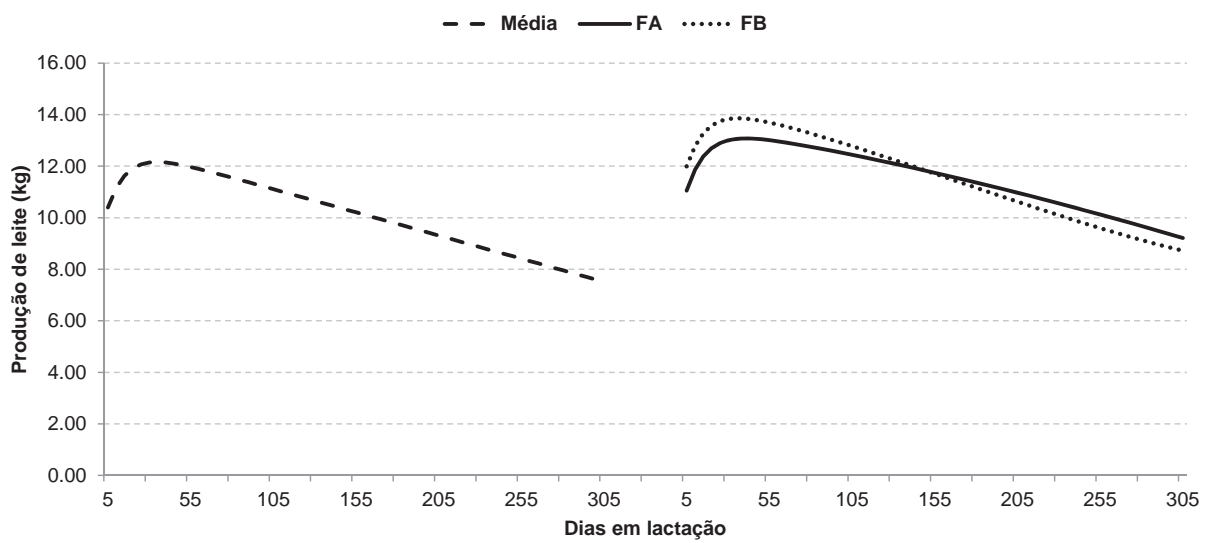


Figura 5. Curva média de lactação (Média) da raça Gir Leiteiro e curvas estimadas para as filhas de dois touros com valores genéticos semelhantes para a produção acumulada e positivo (FA) ou negativo (FB) para o segundo coeficiente do polinômio ortogonal de Legendre.

As tendências genéticas para os diferentes dias da lactação indicam que têm ocorrido maiores ganhos genéticos para a produção na metade inicial da lactação quando comparada à final (Figura 6). Este resultado é consistente com a queda no VGb1 observada ao longo dos anos e era esperado, visto que as herdabilidades estimadas foram superiores na metade inicial da lactação e que a seleção tem sido realizada com base nos VG305, equivalentes à atribuição de pesos iguais para os valores genéticos entre os dias 5 e 305. É possível constatar que maiores ganhos genéticos tem sido obtidos para a região ao redor dos 100 dias de lactação. Portanto, em longo prazo, é possível que o momento em que ocorre o pico de produção (atualmente por volta de 30 dias) seja alterado.

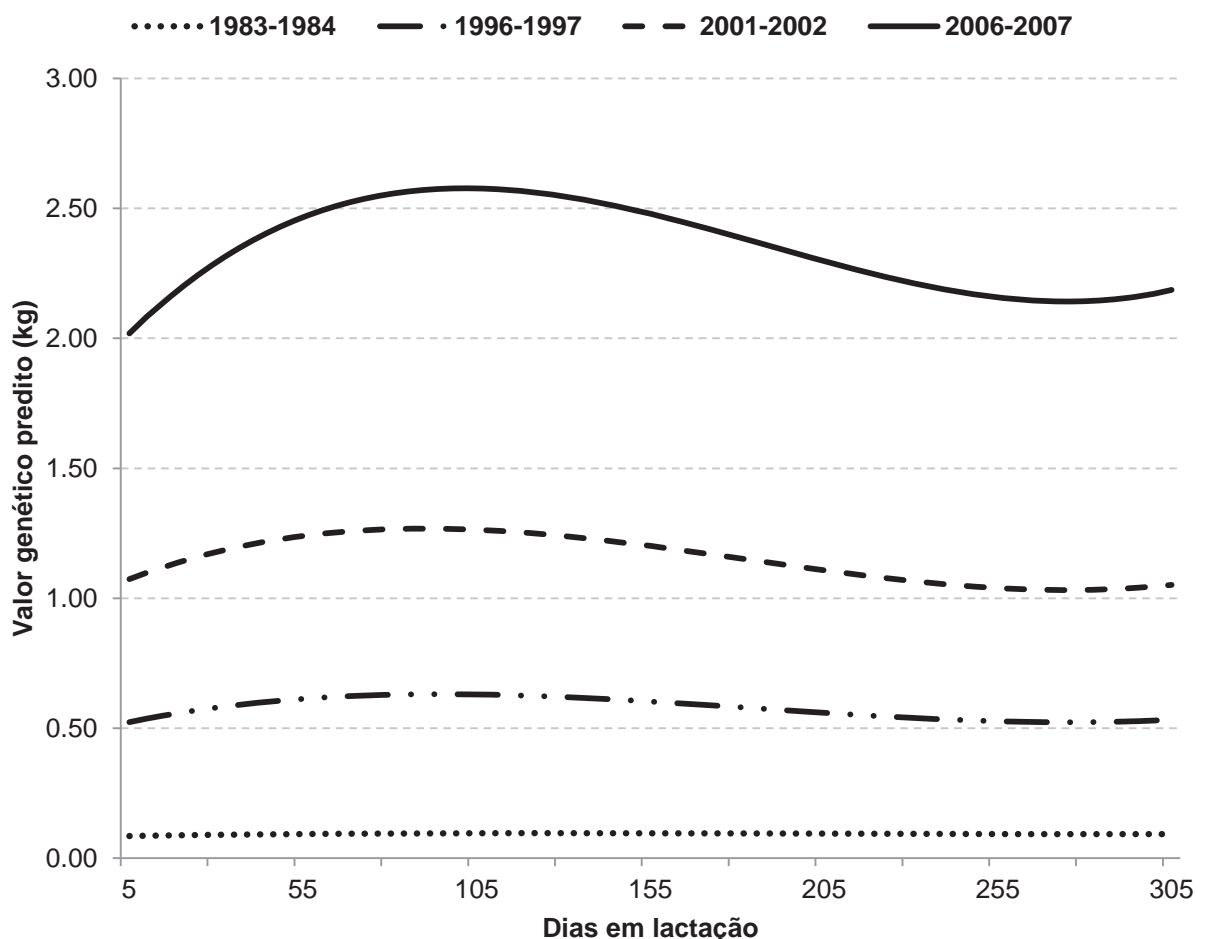


Figura 6. Médias dos valores genéticos preditos de acordo com o dia da lactação e com o ano de nascimento dos animais.

Acredita-se que vacas com menores produções no início da lactação e maior persistência estariam sujeitas a menor estresse fisiológico, minimizando a incidência de problemas reprodutivos e de doenças metabólicas (SÖLKNER & FUCHS, 1987; JAKOBSEN et al., 2003; MUIR et al., 2004; HARDER et al., 2006). Outro benefício atribuído às vacas de maior persistência seria a menor necessidade de alimentos concentrados durante o período de lactação para a produção de determinada quantidade de leite (SÖLKNER & FUCHS, 1987).

Para a raça Gir Leiteiro, cuja grande virtude é o bom desempenho em sistemas de produção baseados em pastagens, a característica persistência poderia ser ainda mais importante, dado o limite nutricional à produção de leite máxima dos animais. De acordo com SANTOS et al. (2007) tal limite se situa em aproximadamente 14 ou 30 kg de leite/dia, para vacas mantidas em sistemas baseados exclusivamente em gramíneas tropicais ou sob suplementação concentrada em pastagens tropicais manejadas intensivamente, respectivamente. Níveis de produção superiores a estes são possíveis, mas demandariam a retirada dos animais do pasto e a utilização de um sistema de confinamento, ao menos durante determinado estágio da lactação, o que acarretaria aumento nos custos de produção. Assim, para que a produção de leite acumulada na lactação possa ser incrementada sem a necessidade da retirada dos animais do pasto, seria necessário o incremento da persistência.

Estudos realizados por TOGASHI & LIN (2006, 2007) demonstraram que os três principais autovetores da matriz de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético aditivo, podem ser utilizados na construção de um índice de seleção para maximizar a produção de leite na lactação e a persistência. Entretanto, estudos seriam necessários para a definição de ponderadores econômicos para estas características.

CONCLUSÕES

Foram observados ganhos em acurácia e diferenças na classificação dos animais utilizando-se o modelo de regressão aleatória em detrimento do modelo tradicionalmente empregado nas avaliações genéticas da raça Gir Leiteiro.

Adicionalmente, dada a maior adequação estatística do modelo de regressão aleatória e também a facilidade de obtenção de uma medida de persistência por este método, recomenda-se o modelo aqui utilizado para as avaliações genéticas para características produtivas na raça.

REFERÊNCIAS

- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU – ABCZ. **Sumário de Touros – Aptidão Leiteira – Gir e Gir Mocho**. [2011] Disponível em: <<http://www.pmgz.org.br/?gadoleite>> Acesso em: 15/08/2011.
- BOLIGON, A.A.; BALDI, F.; MERCADANTE, M.E.Z. Breeding value accuracy estimates for growth traits using random regression and multi-trait models in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.10, n.2, p.1227-1236, 2011.
- HARDER, B.; BENNEWITZ, J.; HINRICHS et al. Genetic parameters for health traits and their relationship to different persistency traits in German Holstein dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.3202-3212, 2006.
- HERRERA, L.G.G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. et al . Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.9, p.1584-1594, 2008.
- INTERBULL. [2011]. <<http://www-interbull.slu.se/eval/framesida-prod.htm>>. Acesso em: 11/08/2011.
- JAKOBSEN, J.H.; REKAYA, R.; JENSEN, J et al. Bayesian estimates of covariance components between lactation curve parameters and disease liability in Danish Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v.86, p.3000-3007, 2003.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.1217-1226, 1997.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. & WEIGEL, K.A. Estimates of genetic parameters for single- and multiple-country test-day models. **Journal of Dairy Science**, v.85, p.3131-3141, 2002.

- KISTEMAKER, G. **The comparison of random regression test-day models and a 305-day model for evaluation of milk yield in dairy cattle**. 1997. Ph.D. Thesis. University of Guelph, Guelph, Canadá.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. **Journal of Zhejiang University SCIENCE B**, v.8,p.815-821, 2007.
- MUIR, B.L.; FATEHI J.; SCHAEFFER, L.R. Genetic relationships between persistency and reproductive performance in first-lactation Canadian Holstein. **Journal of Dairy Science**, v.87, p.3029-3037, 2004.
- PEREIRA, R.J.; LOPES, P.S.; VERNEQUE, R.S. et al. Funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir leiteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.11, p.1303-1311, 2010a.
- PEREIRA, R.J.; EL FARO, L.; PEIXOTO, M.G.C.D. et al. Random Regression Models for Test-day Milk and Fat Yields in Brazilian Gyr Cattle. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 9., 2010, Leipzig, Germany. **Proceedings...** Germany, 2010. CD-ROM.
- PEREIRA, R.J.; BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L. et al. Random regression models using Legendre polynomials or linear Splines for test-day milk yield of Dairy Gyr (*Bos indicus*) cattle. **Journal of Dairy Science** (Submetido), 2012.
- REKAYA, R.; CARABAÑO, M.J.; TORO, M.A. Use of test-day yield for the genetic evaluation of production traits in Holstein–Friesian cattle. **Livestock Production Science**, v.57, p.203-217, 1999.
- ROSO, V.M.; SCHENKEL, F.S. AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006. p.26. (Communication, 27).
- SANTOS, F.A.P.; MARTINEZ, J.C.; GRECO, L.F. et al. Suplementação de vacas sob pastejo: considerações técnicas e econômicas visando maior rentabilidade. In: CARVALHO, M.P.; SANTOS, M.V. (Org.). **O Brasil e a nova era do mercado de leite - Compreender para competir**. Uberlândia, MG: Imprensa Gráfica Rio Pedrense, 2007, p.249-300.

- SANTOS, D.J.A. **Diferentes abordagens para modelar a produção de leite de bovinos da raça Guzerá**. 2011. 141f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias / Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.
- SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G.J. et al. Experience with a test-day model. **Journal of Dairy Science**, v.83, n.5, p.1135-1144, 2000.
- SOLKNER, J. & FUCHS, W. A comparison of different measures of persistency with special respect to variation of Test-day milk yields. **Livestock Production Science**, v.16, p.305-319, 1987.
- STRABEL, T. & JAMROZIK, J. Genetic Analysis of Milk Production Traits of Polish Black and White Cattle Using Large-Scale Random Regression Test-Day Models. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.3152-3163, 2006.
- TOGASHI, K.; LIN, C.Y. Selection for milk production and persistency using eigenvectors of the random regression coefficient matrix. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.4866-4873, 2006.
- TOGASHI, K.; LIN, C.Y. Genetic modification of the lactation curve by bending the eigenvectors of the additive genetic random regression coefficient matrix. **Journal of Dairy Science**. v.90, p.5753-5758, 2007.
- VERNEQUE, R.S.; PANETTO, J.C.C.; BRUNELI, F.A.T. et al. **Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro – Sumário Brasileiro de Touros – Resultado do Teste de Progênie – Maio 2011**. Juiz de Fora: EMBRAPA Gado de Leite. 58p. , 2011 (Documentos, 145).
- VISSCHER, P.M.; GODDARD, M.E. Genetic parameters for milk yield, survival, workability and type traits for Australian dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.78, n.1, p.205-220, 1995.

CAPÍTULO 6 – CONSIDERAÇÕES FINAIS

Nos trópicos, a atividade leiteira é conduzida principalmente sob sistemas de produção que utilizam o pasto como principal fonte nutricional para os animais, possibilitando produção de leite a um custo inferior ao obtido nos sistemas de confinamento, predominantes em países de clima temperado. Nos sistemas de produção a pasto, onde estão mais expostos às variações climáticas e aos endo e ecto parasitas, os animais de raças de origem europeia apresentam problemas de adaptação, os quais refletem no desempenho produtivo, reprodutivo e na sanidade. Nesses sistemas, os cruzamentos entre raças taurinas e zebuínas parecem ser as melhores opções genéticas. Dentre as raças zebuínas selecionadas para a produção de leite, a raça Gir Leiteiro é, sem dúvida alguma, a mais utilizada nos cruzamentos, tanto que estima-se sua presença em mais de 80% dos rebanhos leiteiros no Brasil, seja como raça pura ou, principalmente, em cruzamentos. Devido às características desejáveis e também ao marketing que vem sendo realizado pelas associações nos últimos anos, a raça Gir Leiteiro têm despertado interesse de outros países localizados na faixa tropical do planeta, com exportação de sêmen e animais para África e as Américas Central e do Sul e ainda, mais recentemente, há interesse até mesmo da Índia, seu país de origem. Portanto, a raça é importante para o país economicamente e para o mundo como opção genética.

Há alguns anos, a produção no dia do controle (PDC) tem sido utilizada como critério de seleção para a melhoria de características produtivas (leite, gordura, proteína...) em substituição à produção acumulada até 305 dias de lactação (P305) em todos os grandes programas de melhoramento genético ao redor do mundo. Tal alteração foi realizada a partir da constatação de uma série de vantagens associadas ao uso das PDC nas avaliações genéticas. No Brasil, os programas de melhoramento genético de zebuínos leiteiros utilizam como critério de seleção a P305, estimada a partir dos controles leiteiros realizados ao longo da lactação.

Da busca por melhorias no processo de avaliação genética surgiu a necessidade da realização de pesquisas com o objetivo de desenvolver um modelo adequado para o uso da PDC como critério de seleção na raça Gir Leiteiro. Considerando-se os resultados de alguns poucos estudos anteriores, esta pesquisa

foi conduzida com tal objetivo. Foram então avaliados três métodos para o uso das PDC: modelo multicaracterísticas padrão, modelo de posto reduzido e fatorial, modelo de regressão aleatória. Dentre todas as opções avaliadas, o modelo de regressão aleatória mostrou-se o mais parcimonioso e prático de ser implementado.

Ao serem comparados o modelo de regressão aleatória e aquele tradicionalmente empregado nas avaliações genéticas da raça, foram observadas diferenças significativas na classificação dos animais. Adicionalmente, foram observados ganhos em acurácia dos valores genéticos preditos para a grande maioria dos animais quando utilizado o modelo de regressão aleatória.

A somatotropina bovina (bST) em conjunto com o tratamento preferencial vem sendo aplicada à parte dos animais em diversos rebanhos. Estas informações, juntamente com aquelas sobre o regime alimentar sob o qual os animais estão, têm sido coletadas a cada controle leiteiro realizado nos rebanhos. A bST é administrada a partir de diferentes estádios da lactação e também durante variados períodos de tempo, de acordo com a decisão do criador. De forma semelhante, o regime alimentar é alterado ao longo da lactação ou das estações do ano. O efeito da gestação sobre a produção de leite varia de acordo com o estágio de desenvolvimento do feto. Adicionalmente, existem diferenças entre animais e entre lactações de um mesmo animal no que diz respeito ao período parto-concepção. Todos estes fatores ambientais influenciam a produção de leite. Sob o modelo atualmente empregado nas avaliações genéticas, não há um maneira prática de considerar estes efeitos. Por outro lado, o uso de um modelo de regressão aleatória permitirá considerarem-se todos estes efeitos e também o momento e intensidade em que ocorrem durante as lactações dos animais.

Assim, dada sua maior adequação estatística, a facilidade de obtenção de uma medida de persistência, e que não há custo algum para sua implementação, recomenda-se o modelo de regressão aleatória aqui utilizado (CAPÍTULO 5) para o início das avaliações genéticas para características produtivas na raça Gir Leiteiro.

Recomenda-se também o uso das informações das demais lactações nas avaliações genéticas tendo em vista a obtenção de parâmetros genéticos (incluindo aqui os valores genéticos preditos) mais acurados. Neste sentido, seria igualmente importante que a diretoria técnica da associação de criadores promovesse reuniões

técnico-científicas no sentido de conscientizar os criadores da necessidade de aferição dos teores de gordura e proteína de forma mais generalizada.