

**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Modelos de regressão aleatória para características de qualidade
de leite bovino**

Aline Zampar

Tese apresentada para obtenção do título de
Doutor em Ciências. Área de concentração: Ciência
Animal e Pastagens

**Piracicaba
2012**

**Aline Zampar
Zootecnista**

**Modelos de regressão aleatória para características de qualidade de leite
bovino**

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **PAULO FERNANDO MACHADO**
Coorientador:
Prof. Dr. **GERSON BARRETO MOURÃO**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor
em Ciências. Área de concentração: Ciência Animal
e Pastagens

**Piracicaba
2012**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - ESALQ/USP**

Zampar, Aline

Modelos de regressão aleatória para características de qualidade de leite bovino / Aline Zampar. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba, 2012.

51 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2012.

1. Análise de regressão 2. Componentes de variância 3. Gado holandês 4. Herdabilidade
5. Leite - Qualidade 6. Modelos matemáticos 7. Polinômios de Legendre 8. Vacas leiteiras
I. Título

CDD 636.234
Z26m

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

DEDICATÓRIA

“Eduquemos nossos filhos, esclareçamos sua inteligência, mas, antes de tudo, falemos aos seus corações, ensinemos a eles a despojarem-se das suas imperfeições. Lembremo-nos de que a sabedoria por excelência consiste em nos tornarmos melhores. Percebe-se, portanto, que a educação não se constitui em mero estabelecimento de informações, mas sim de se trabalhar as potencialidades interiores do ser, a fim de que floresçam.”

Licurgo

Aos meus pais, Euclydes e Menilce, pelo grande incentivo e apoio em mais essa jornada, por acreditarem que a educação é o maior legado que podem deixar aos filhos, pelo carinho, compreensão e confiança depositada.

OFEREÇO

Ao meu irmão, Claudinei, pela amizade, entusiasmo e palavras de incentivo em todos os momentos.

AGRADECIMENTOS

Ao Professor Dr. Paulo Fernando Machado, pela orientação, conselhos, críticas e sugestões e pela formação do espírito crítico.

À toda equipe da Clínica do Leite.

Ao Professor Dr. Gerson Barreto Mourão, pela co-orientação, estímulo, críticas e sugestões, amizade, conversas e confiança depositada.

À pesquisadora Dra. Lenira El Faro, à Prof a Dra. Ivanete Susin e à Prof a Dra. Rachel Santos Bueno pelas sugestões ao trabalho no Exame de Qualificação.

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, pela oportunidade. Aos professores dos Departamentos de Zootecnia e de Estatística, pelos ensinamentos e contribuições na realização desse trabalho.

Aos amigos do GMA (FZEA/USP), aos professores José Bento Sterman Ferraz, Joanir Pereira Eler, Júlio Cesar de Carvalho Balieiro, César Gonçalves de Lima e Rachel Santos Bueno pelas conversas, críticas e sugestões. À Elisângela C. Mattos pela disponibilidade e imensa ajuda na formatação do banco de dados. Ao Luis Gustavo Girardi Figueiredo pelas dicas e sugestões.

Aos demais amigos de graduação e pós-graduação da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos e da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”.

Aos amigos de pós-graduação da Clínica do Leite: Augusto, Beatriz, Fabio, Glauber, Juliana, Laerte, Rafael e Viviane. Foram horas de trabalho, discussões, mas de amizade e descontração também.

Aos alunos e amigos do Grupo de Melhoramento Animal da ESALQ, pelo trabalho em conjunto, amizade, conversas e "happy hours". À Laiza que muito me ajudou com o banco de dados.

Às minhas companheiras de casa: Letícia, Ligia, Renata Camila e Vanessa. Cada uma a sua maneira fez parte da minha vida e me ensinou alguma coisa.

Aos meus amigos e familiares, pela compreensão da ausência, pelo apoio mesmo que à distância, pelos braços abertos a cada retorno, pelas vibrações a cada conquista e palavras de incentivo sempre.

Ao Grupo Espírita Aprendizes do Evangelho, em especial à 36ª turma, com a qual convivi e tive a oportunidade de estabelecer laços de amizade. Esse apoio foi muito importante!

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo suporte financeiro concedido.

A todos aqueles que de alguma maneira fizeram parte de minha formação.

EPIGRAFE

“ O importante não é a maneira de se realizar os sonhos. O importante é a maneira de se conduzir a vida. Se você conduz a vida de maneira correta.....
...os sonhos virão até você.”

Randy Pausch

*“Não há virtude, rigorosamente falando, sem vitória sobre nós próprios,
e nada vale o que nada nos custa.”*

Chico Xavier

SUMÁRIO

RESUMO.....	11
ABSTRACT	13
1 INTRODUÇÃO	15
Referências.....	21
2 PARÂMETROS GENÉTICOS DE TEORES DE GORDURA E PROTEÍNA DO LEITE SOB MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	25
Resumo	25
Abstract.....	25
2.1 Introdução.....	25
2.2 Material e Métodos	27
2.3 Resultados e Discussão	29
2.4 Conclusões	35
Referências.....	35
3 COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA CONTAGEM DE CÉLULAS SOMÁTICAS DO LEITE DE VACAS DA RAÇA HOLANDESA SOB MODELOS REGRESSÃO ALEATÓRIA.....	39
Resumo	39
Abstract.....	39
3.1 Introdução.....	39
3.2 Material e Métodos	41
3.3 Resultados e discussão.....	44
3.4 Conclusão.....	48
Referências.....	48

RESUMO

Modelos de regressão aleatória para características de qualidade de leite bovino

O Brasil é um dos maiores produtores de leite do mundo, porém é necessário que se produza não só em quantidade, mas com qualidade adequada ao consumo e ao beneficiamento. Com a entrada em vigor da Instrução Normativa 51 (2002), a qualidade do leite nacional passou a ser monitorada, sendo exigido um padrão mínimo. Dentre os aspectos analisados, estão os teores de proteína e gordura e a contagem de células somáticas. Diante disso, o objetivo desse trabalho foi de estimar componentes de variância, coeficientes de herdabilidade e comparar modelos de diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, sob modelos de regressão aleatória, com a finalidade de prever o modelo mais adequado para descrever as mudanças nas variâncias associadas aos teores de proteína, gordura e à contagem de células somáticas de vacas holandesas de primeira lactação. Foi utilizado um banco de dados com 27.988 dados de teores de gordura e proteína e 27.883 de escore de células somáticas, referentes a 4.945 vacas e a matriz de parentesco continha 30.843 animais. Foram utilizados quatro modelos, com polinômios ortogonais de Legendre de ordens de 3 a 6 e variância residual homogênea. Os modelos que melhor se ajustaram para gordura foram o de 5ª e 6ª ordens, para proteína, o de 4ª ordem e para escore de células somáticas foram os de 4ª e 6ª ordens. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,07 a 0,56 para teor de gordura; de 0,13 a 0,66 para teor de proteína e de 0,08 a 0,50 para escore de células somáticas, nos diferentes modelos estudados. De acordo com os resultados, modelos de regressão aleatória são adequados para descrever variações no teor de gordura e proteína e no escore de células somáticas em função do estágio de lactação em que a vaca se encontra.

Palavras-chave: Componentes de variância; Herdabilidade; Polinômios de Legendre

ABSTRACT

Random regression models to quality traits of bovine milk

Brazil is one of the largest milk producers in the world, but it is necessary to produce not only in quantity but in quality suitable for consumption and processing. With the entry into force of the Federal Normative Instruction 51 (IN-51), the national quality of milk started to be monitored, with a required minimum standard. Among the aspects studied are the protein and fat contents and somatic cell count. Thus, the aim of this study was to estimate variance components, heritability coefficients and compare models with different orders of adjustment of Legendre polynomials, by random regression models in order to predict the most appropriate model to describe variances associated with changes in levels of protein, fat and somatic cell count of first lactation Holstein cows. We used a database with 27,988 data from fat and protein content and a database with 27,883 of somatic cell score, relative to 4,945 cows and the relationship matrix contained 30,843 animals. We used four models with orthogonal Legendre polynomials of orders 3-6 and homogeneous residual variance. The models that best adjusted for fat were of the 5th and 6th orders, for protein was of the 4th order and somatic cell score were of the 4th and 6th order. The heritabilities estimated ranged from 0.07 to 0.56 for fat, 0.13 to 0.66 for protein and 0.08 to 0.50 for somatic cell score in the different models studied. According to the results, random regression models are suitable to describe variations in fat and protein contents and somatic cell score according to the stage of lactation.

Keywords: Variance components; Heritability; Legendre polynomials

1 INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos maiores produtores de leite do mundo, apresentando ainda grande potencial de crescimento, visto a sua grande extensão territorial, permitindo a exploração de uma ampla variedade de recursos genéticos, em diversos tipos de ambiente. Porém, esse crescimento esbarra na baixa produtividade do rebanho nacional, que ainda está muito aquém do que poderia produzir. A média nacional por animal fica ao redor de 4kg de leite ao dia, o que em países tradicionalmente produtores de leite, essa média ultrapassa os 15kg. Tal fato reflete a utilização de animais e de sistemas de criação inadequados à produção de leite (LEDIC et al., 2002). Por se tratar de produto indispensável à saúde humana, o leite exerce importante função social.

Entretanto, devido à baixa produtividade, principalmente no período de entressafra, o país ainda recorre a importações de leite e produtos lácteos (PEREIRA, 1998; GOMES, 2001). Deste modo, melhorar a eficiência da bovinocultura leiteira brasileira é condição fundamental para aumentar a competitividade do setor no mercado e com isso, alavancar a capacidade de resposta econômica aos investimentos realizados, pois embora o cenário seja promissor (Tabela 1), os índices zootécnicos precisam ser melhorados, seguidos da necessidade de avaliação correta dos animais e o estabelecimento de critérios de seleção condizentes com a pecuária leiteira nacional.

Tabela 1 - Produção mundial de leite fluído, em mil toneladas

	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010
União Européia (27)	133.969	134.672	132.206	132.604	133.848	133.700	135.350
Estados Unidos	77.488	80.255	82.455	84.211	86.174	85.881	87.461
Índia	37.500	37.520	41.000	42.890	44.500	48.160	50.300
Rússia	32.000	32.000	31.100	32.200	32.500	32.600	31.900
Brasil	23.317	24.250	25.230	26.750	27.820	28.795	29.948
China	22.606	27.534	31.934	32.252	34.300	28.445	29.100
Nova Zelândia	15.000	14.500	15.200	15.640	15.141	17.397	17.173
Ucrânia	13.787	13.423	12.890	11.997	11.524	11.370	10.950
Austrália	10.377	10.429	10.395	9.870	9.500	9.326	9.327
México	9.874	10.164	10.391	10.657	10.907	10.866	11.033
Japão	8.329	8.285	8.137	8.007	7.982	9.910	7.721
Argentina	9.250	9.500	10.200	9.550	10.010	10.350	10.600
Canadá	7.905	7.806	8.041	8.212	8.270	8.280	8.350

Fonte: USDA (United States Department of Agriculture), adaptado de Milkpoint.

O aumento da produtividade pode ser obtido a partir da identificação e multiplicação dos melhores genótipos e da adequação das condições ambientais relacionadas ao processo produtivo. Desse modo, a seleção, uma das ferramentas do melhoramento genético animal, pode ser empregada para modificar a constituição genética de uma população, o que ocorre devido à alteração das frequências dos alelos que determinam a expressão das características de interesse, por meio de reprodução assistida com animais de desempenho superior comprovado.

Além da quantidade de leite produzido, com a criação do “Programa Nacional de Melhoria da Qualidade de Leite” no Brasil, em 1996, algumas mudanças ocorreram no setor leiteiro, dentre elas o acompanhamento da qualidade do leite por meio de análises laboratoriais. Em julho de 2005, entrou em vigor a Instrução Normativa 51 (IN-51/2002), que diz respeito à qualidade do leite e preconiza que este deve ser analisado e estar de acordo com requisitos quanto a padrões mínimos de composição, contagem de células somáticas (CCS), contagem bacteriana total (CBT) e presença de resíduos de antibióticos (BRASIL, 2002). Isso levou os produtores a se preocupar mais com a qualidade do produto que sai da fazenda.

Os teores de gordura e proteína do leite, dessa maneira, devem atender a esses padrões mínimos estipulados. Isto porque sem a composição mínima, o rendimento industrial do leite fica comprometido, acarretando prejuízos na cadeia agroindustrial. O produtor pode ser penalizado pela indústria, se esta paga por qualidade do leite, se não atender aos padrões de fornecimento de matéria-prima. E a indústria, por sua vez, pode ter o rendimento afetado, principalmente no que diz respeito à produção de derivados, como os queijos.

Além disso, para suprir a demanda por produtos lácteos em quantidade e qualidade é necessário que as perdas na produção de leite causadas pela mastite sejam quantificadas, considerando as condições em que os rebanhos brasileiros são explorados (COLDEBELLA et al., 2003). A mastite é definida como uma inflamação da glândula mamária em resposta à invasão de microrganismos (SANTOS et al., 2003), considerada a principal doença geradora de custos na produção leiteira, associada a custos diretos devidos à baixa produtividade e aos custos com tratamentos e indiretos em função do menor valor do leite devido à alta contagem de células somáticas, com pagamento diferenciado praticado por alguns

laticínios (ODEGARD et al., 2003; SEWALEM et al., 2006). Portanto, a redução da incidência da mastite é importante por razões econômicas, ambientais e de bem-estar animal.

A contagem de células somáticas do leite de uma vaca é característica indicadora de maneira quantitativa do grau de infecção da glândula mamária (MACHADO et al., 2000), pois são as células somáticas, normalmente de defesa do organismo, que migram do sangue para o interior da glândula mamária com o objetivo de combater agentes agressores, podendo ser também células secretoras descamadas (MACHADO et al., 2000). Menores valores de contagem de células somáticas estão associados à menor incidência de mastite clínica, maiores porcentagens de gordura e de caseína. Conseqüentemente, levando ao maior rendimento na fabricação de produtos lácteos e aumento na vida de prateleira de tais produtos (BARBANO et al., 1991; KLEI et al., 1998; PEREIRA et al., 1999).

Diante deste contexto, está inserida a importância de se avaliar o rebanho, para que seja dada uma resposta ao criador e para que assim os animais possam ser selecionados com direcionamento correto para as características de interesse comercial ligadas à qualidade e produtividade. Este procedimento acaba por atender o interesse dos produtores em atingir com êxito às exigências feitas pelos laticínios, para que se forneça matéria-prima de qualidade e assim seja possível obter bom rendimento e qualidade dos produtos.

Em bovinos de leite, as características de produção de leite e qualidade podem ser mensuradas em um mesmo animal repetidas vezes ao longo de sua vida. Tradicionalmente, essas características eram analisadas ajustando-se para a lactação fechada, ou seja, ajustada para os 305 dias de lactação e o fenótipo era considerado a média da lactação. As lactações truncadas aos 305 dias surgiram a partir do manejo reprodutivo para que a vaca tenha um bezerro ao ano, produzindo leite por 305 dias e tendo 60 dias de secagem, completando assim os 365 dias do ano. Apesar de essa ser a maneira mais comumente utilizada, a proporção de vacas que tem sua lactação estendida além dos 305 dias tem crescido, e um grande número dessas vacas é de primeira lactação (BOHMANOVA et al., 2009).

A principal vantagem de modelar com muitos dados dentro de uma mesma lactação é a correção que ocorre para efeitos fixos, principalmente aqueles que são

afetados por mudanças ao longo do tempo, dentro de uma mesma lactação. Outra vantagem é que os dados não precisam ser estendidos, não sendo preciso a discussão sobre as maneiras de se prorrogar as lactações (SWALVE, 2000).

Como uma alternativa aos métodos mais comumente utilizados para a estimação de componentes de variância, mais recentemente têm sido utilizados os modelos de regressão aleatória (MRA), metodologia proposta inicialmente por Henderson Jr. (1982), os quais consideram as mudanças ocorridas ao longo da vida do animal e permitem a estimação dos componentes de variância e consequente estimação dos parâmetros genéticos em qualquer momento da lactação, além de identificar a fase em que há maior variabilidade genética. O uso dos MRA requer a escolha e utilização de uma função que descreva a ação dos efeitos fixos e aleatórios que atuam sobre as características estudadas. Os MRA apresentam algumas vantagens em relação a outros modelos frequentemente utilizados, pois não demandam um número mínimo de medidas por animal; consideram o parentesco entre os animais, o que não acontece com as funções que descrevem as curvas de lactação; não há necessidade da criação de classes, no caso, para dias em lactação; permitem a estimação dos componentes de covariância entre medidas, permitindo prever o valor genético dos animais em qualquer ponto do período de uma mesma lactação em que foram realizadas as mensurações (JAMROZIK; SHAEFFER, 1997; EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003).

Os modelos de regressão aleatória vêm sendo utilizados, no melhoramento animal de gado de leite, na estimação de parâmetros genéticos de diversas características (JAMROZIK et al., 1997; LÓPEZ-ROMERO et al., 2003; COSTA et al., 2005, 2008; COBUCCI et al., 2006; LIU et al., 2006; BIASUS et al., 2010, 2011). Eles têm sido utilizados para analisar dados de controle. Dessa maneira, cada lactação é considerada uma característica e cada constituinte, como proteína, gordura e contagem de células somáticas são características separadas dentro de cada lactação. Em dados em que há relação entre as variáveis e o tempo, ou idade, os MRA são potencialmente aplicáveis (SCHAEFFER, 2004). Há alguns anos, autores citaram como desvantagem o aumento no requerimento computacional para os MRA, porém, atualmente esse fato torna-se irrelevante visto que houve significativo avanço em tecnologias apropriadas para este fim.

Dentre as regressões aleatórias, os polinômios ortogonais de Legendre são as funções mais comumente utilizadas em estimativas de gado de leite (COSTA et al., 2005; COBUCI et al., 2006; LIU et al., 2006). As expressões utilizadas são as funções polinomiais de Legendre (Tabela 1.1), para $t \in [-1;1]$, padronizados pela equação 1:

$$t = \frac{2 * (del - t_{\min})}{(t_{\max} - t_{\min})} - 1 \quad (\text{eq. 1})$$

em que t_{\min} e t_{\max} são, respectivamente, o primeiro e 365° dia em lactação e del corresponde aos dias em lactação em que a vaca se encontra.

Tabela 1.1 – Funções polinomiais de Legendre

Ordem do polinômio	Expressões
1ª ordem	$x_0(t) = \sqrt{1/2}$
2ª ordem	$x_1(t) = \sqrt{3/2} \cdot t$
3ª ordem	$x_2(t) = 1/2 \cdot \sqrt{5/2} \cdot (3t^2 - 1)$
4ª ordem	$x_3(t) = 1/2 \cdot \sqrt{7/2} \cdot (5t^3 - 3t)$
5ª ordem	$x_4(t) = 1/8 \cdot \sqrt{9/2} \cdot (35t^4 - 30t^2 + 3)$
6ª ordem	$x_5(t) = 1/8 \cdot \sqrt{11/2} \cdot (63t^5 - 70t^3 + 15t)$

Embora possam ser usadas diferentes ordens para modelar os efeitos fixos e aleatórios, tem-se escolhido a mesma ordem para ambos (Schaeffer, 2000). No entanto, após utilizar-se das diferentes ordens e construir diferentes modelos, o teste de razão de verossimilhança deve ser utilizado para verificar qual modelo obteve melhor qualidade de ajuste (SWALVE, 2000).

Além disso, a variância residual não deve ser considerada homogênea de t_{\min} a t_{\max} (SCHAEFFER, 2004). Mudanças na variância residual podem ocorrer devido a trajetória dos dados fenotípicos. Portanto, deve-se verificar se há homogeneidade de variâncias na característica avaliada, caso contrário, deve-se subdividir o estágio de lactação em intervalos menores. Entretanto, em bovinos de leite, comumente as variâncias residuais são homogêneas, não sendo necessária a divisão do intervalo (ØDEGÅRD et al., 2003; COSTA et al., 2005, 2008; BIASSUS et al., 2011).

As características são modeladas por regressão aleatória utilizando o modelo

animal proposto por Meyer (1998) (eq.2):

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_b-1} \beta_m \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_a-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_R-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}) + \varepsilon_{ij} \quad (2)$$

em que y_{ij} = dado j do animal i ; F é o conjunto dos efeitos fixos, incluindo o grupo de contemporâneos; β_m é o coeficiente de regressão da característica a ser analisada de acordo com o estágio de lactação para a média da população; α_{im} e γ_{im} são os coeficientes de regressão aleatória para efeito aditivo direto e de ambiente permanente, para o animal i ; k_b , k_a e k_R são as ordens dos polinômios; t_{ij} corresponde aos dias em lactação j do animal i ; $\phi_m(t_{ij})$ é o $m^{\text{ésima}}$ função polinomial de Legendre para ser avaliada para t_{ij} ; ε_{ij} é o erro aleatório associado a cada dado j de cada animal i .

Em notação matricial, os MRA são da seguinte maneira (eq.3):

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}, \quad (eq.3)$$

em que \mathbf{y} é o vetor das observações; \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são as matrizes de incidência dos efeitos fixos, aleatórios e de ambiente permanente, respectivamente, associando os elementos de \mathbf{b} , \mathbf{a} e \mathbf{p} a \mathbf{y} ; \mathbf{b} é o vetor de efeitos fixos representado pelos GCs; \mathbf{a} e \mathbf{p} são vetores de soluções para efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente dos coeficientes da regressão aleatória, respectivamente; \mathbf{e} é o vetor de efeitos residuais inerentes a cada observação, NID $(0, \sigma^2)$. Também,

$$\text{Var} \begin{pmatrix} a \\ p \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A \otimes G & 0 & 0 \\ 0 & I \otimes P & 0 \\ 0 & 0 & R \end{pmatrix}$$

em que G é a matriz de variância e covariâncias dos coeficientes de regressão aleatória para efeitos genéticos aditivos de ordem $m_1 + 1$; P é a matriz de variância e covariâncias dos coeficientes de regressão aleatória para efeitos de ambiente permanente de ordem $m_2 + 1$ e R é a matriz diagonal de variâncias residuais, que pode variar dependendo de t . As equações de modelos mistos são apresentadas a seguir:

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & X'R^{-1}W \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + A^{-1} \otimes G^{-1} & Z'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z & W'R^{-1}W + I \otimes P^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

Para estimar os elementos de G, P e R, deve-se assumir normalidade das variáveis aleatórias.

Diante disso, o objetivo desse trabalho foi de estimar componentes de variância, coeficientes de herdabilidade e comparar modelos de diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, sob modelos de regressão aleatória, com a finalidade de predizer o modelo mais adequado para descrever as mudanças nas variâncias associadas aos teores de proteína e gordura e ao escore de células somáticas de vacas holandesas de primeira lactação.

Referências

BARBANO, D.M.; RASMUSSEN, R.R.; LYNCH, J.M. Influence of milk somatic cell count and milk age on cheese yield. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 74, p. 369–388, 1991.

BIASSUS, I.O.; COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; RORATO, P.R.N.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, L.L. Persistence in milk, fat and protein production of primiparous Holstein cows by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 39, n. 12, p. 2617-2624, 2010.

_____. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 40, n. 1, p. 85-94, 2011.

BOHMANOVA, J.; MIGLIOR, F., JAMROZIK, J. Use of test-day records beyond three hundred five days for estimation of three hundred five-day breeding values for production traits and somatic cell score of Canadian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 5314–5325, 2009.

BRASIL. Instrução Normativa n. 51, de 18 de setembro de 2002. Estabelece o regulamento fixar os requisitos mínimos que devem ser observados para a produção, a identidade e a qualidade do leite. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília, Seção 1, 8 p., 14 dez. 2006.

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

COSTA, C.N.; MELO, C.M.R. de; MACHADO, C.H.C.; FREITAS, A.F.; PACKER, I.U.; COBUCI, J.A. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 5, p. 1519-1530, 2005.

- COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; PACKER, I.U.; FREITAS, A.F.; TEIXEIRA, N.M.; COBUCCI, J.A. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, p. 602-608, 2008.
- COLDEBELLA, A.; MACHADO, P.F.; DEMÉTRIO, C.G.B.; RIBEIRO JÚNIOR, P.J.; CORASSIN, C.H.; MEYER, P.M.; CASSOLI, L.D. Contagem de células somáticas e produção de leite em vacas holandesas de alta produção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 12, p. 1451-1457, 2003 22
- GOMES, S.T. Restrições ao desenvolvimento da cadeia produtiva do leite no Brasil. In: VILELA, D.; BRESSAN, M.; CUNHA, A.S. **Cadeia de lácteos no Brasil: restrições ao seu desenvolvimento**. Juiz de Fora: EMBRAPA, 2001. cap. 1. p. 19-37.
- HENDERSON JR., C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, non homogeneous, and random regressions. **Biometrics**, Washington, v. 38, n. 2, p. 623-640, 1982.
- 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**, Champaign, v. 80, p. 1217–1226, 1997.
- KLEI, L.; YUN, J.; SAPRU, A.; LYNCH, J.; BARBANO, D.; SEARS, P.; GALTON, D. Effects of milk somatic cell count on cottage cheese yield and quality. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 81, p. 1205–1213, 1998.
- LEDIC, I.L.; TONHATI, H.; VERNEQUE, R.S.; LEDIC, I.L.; TONHATI, H.; VERNEQUE, R.S.; EL FARO, L.; MARTINEZ, M.L.; COSTA, C.N.; PEREIRA, J.C.C.; FERNANDES, L.O.; ALBUQUERQUE, L.G. Fenotípicos e ambientes para as produções de leite no dia de controle e em 305 dias de lactação de vacas da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia, Viçosa**, v. 31, n. 5, p. 1953-1963, 2002.
- LIU, Y.X.; ZHANG, J.; SCHAEFFER, L.R.; YANG, R.Q.; ZHANG, W.L. Short communication: optimal random regression models for milk production in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 89, p. 2233-2235, 2006.
- LÓPEZ-ROMERO, P.; CARABAÑO, M.J. Comparing alternative random regression models to analyze first lactation daily milk yield data in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 82, p. 81-96, 2003.
- MACHADO, P.F.; PEREIRA, A.R.; SARRIES, G.A. Composição do leite de tanques de rebanhos brasileiros distribuídos segundo sua contagem de células somáticas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, n. 6, p. 1883-1886, 2000.
- MACHADO, P.F.; PEREIRA, A.R.; PRADA E SILVA, L.F.; SARRIES, G.A. Células somáticas no leite em rebanhos brasileiros. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, n. 2, p. 359-361, abr./jun. 2000.
- MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random

regression model. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 30, p. 221-240, 1998.

ØDEGÅRD, J.; JENSEN, J.; KLEMETSDAL, G.; MADSEN, P.; HERINGSTAD, B. Genetic analysis of somatic cell score in Norwegian cattle using random regression test-day models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, p. 4103–4114, 2003.

PEREIRA, A.R.; PRADA E SILVA; L.F.; MOLON, L.K.; MACHADO, P.F.; BARANCELLI, G. Efeito do nível de células somáticas sobre os constituintes do leite. I. Gordura e proteína. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, São Paulo, v. 36, n. 3, 1999. Disponível em: 23 <http://www.revistasusp.sibi.usp.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1413-95961999000300003&lng=pt&nrm=iso>. Acesso em: 10 out. 2011.

PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção de leite**. Belo Horizonte: FEP – MVZ, 1998. 171 p.

SANTOS, M.V.; MA, Y.; BARBANO, D.M. Effect of somatic cell count on proteolysis and lipolysis in pasteurized fluid milk during shelf-life storage. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, p. 2491–2503, 2003.

SCHAEFFER, L.R. **Random regression models**. 2000. Disponível em: <<http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABModels/NOTES/RRM14a.pdf>>. Acesso em: 07 out. 2011.

_____. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 86, p. 35–45, 2004.

SEWALEM, A.; MIGLIOR, F.; KISTEMAKER, G.J.; VAN DOORMAAL, B.J. Analysis of the relationship between somatic cell score and functional longevity in Canadian dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 89, p. 3609–3614, 2006.

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

2 PARÂMETROS GENÉTICOS DE TEORES DE GORDURA E PROTEÍNA DO LEITE SOB MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Resumo

Com o aumento do número de análises de leite durante a lactação em função da busca por melhoria na qualidade do produto, muitos dados estão disponíveis. Com isso, o objetivo do presente estudo foi de implementar e comparar modelos com diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre sob modelos de regressão aleatória e identificar o modelo mais adequado para descrever as mudanças nas variâncias associadas aos teores de gordura e proteína do leite de vacas holandesas de primeira lactação. Foi utilizado um banco de dados com 27.988 informações, pertencentes a 4.945 vacas. O arquivo de pedigree usado foi composto por 30.843 animais. Foram utilizados quatro modelos, com polinômios ortogonais de Legendre de ordens de 3 a 6 e variância residual homogênea. Os modelos que melhor se ajustaram para gordura foram os de 5^a e 6^a ordens e para proteína, o de 4^a ordem, na escala de Legendre. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,07 a 0,56 para teor de gordura e de 0,13 a 0,66 para teor de proteína, nos modelos que melhor se ajustaram.

Palavras-chave: componentes de variância; Herdabilidade; Polinômios ortogonais

Abstract

With the increasing of the number of milk samples during lactation due to the improvement of product quality, many data are available. Thus, the aim of this study was to implement and to compare models with different orders of adjustment by Legendre polynomials in random regression models and predict the most appropriate model to describe the variance associated with changes in fat and protein content of milk from primiparous Holstein cows. We used a dataset with 27,988 information belonging to 4,945 cows. The pedigree file used was composed of 30,843 animals. We used four models with orthogonal Legendre polynomials of orders 3-6 and homogeneous residual variance. The models that best adjusted for fat content were the 5th and 6th order and for protein content were the 4th in the scale of Legendre. The heritability estimates ranged from 0.07 to 0.56 for fat and from 0.13 to 0.66 for protein content in the different models studied.

Keywords: variance components, heritability, orthogonal polynomials

2.1 Introdução

Tradicionalmente, os parâmetros genéticos para características produtivas em bovinocultura de leite são estimados em função da produção de leite e seus

componentes, com lactação ajustada para os 305 dias. Com a busca por melhoria e maior controle do leite produzido, passaram a ser feitos mais controles durante a lactação. Adicionalmente, com a entrada em vigor da Instrução Normativa 51 (BRASIL, 2002), passou a ser exigida pelo menos uma análise mensal do leite, para averiguação da qualidade do mesmo com relação aos padrões mínimos de composição, dando origem então, a maior quantidade de informação dos componentes do leite ao longo da lactação.

Com a disponibilidade de dados durante toda a lactação da vaca, tem sido sugerida então a utilização de modelos de regressão aleatória (MRA), metodologia esta proposta inicialmente por Henderson Jr. (1982). O uso dos MRA requer a escolha e utilização de uma função que descreva a ação dos efeitos fixos e aleatórios que atuam sobre as características estudadas, dentre estas funções, os polinômios ortogonais de Legendre têm sido eleitos (LIU et al., 2006). Meyer e Hill (1997) mostraram haver equivalência entre as funções de covariância e os modelos de regressão aleatória.

Geralmente, as características biológicas como o crescimento, produção de leite, ou outra medida no mesmo indivíduo em vários tempos ou idades são consideradas medidas longitudinais. Potencialmente há muitas medidas por animal e geralmente essas medidas são altamente correlacionadas. Em alguns casos são consideradas medidas repetidas da mesma característica, mas em outros, com mais frequência, são consideradas características distintas (MEYER; HILL, 1997).

A curva de lactação para um indivíduo é vista como um conjunto de duas regressões sobre os dias em lactação (DEL). Regressões fixas para todas as vacas que pertencem a uma mesma subclasse descrevem uma forma geral para o conjunto de vacas, e as regressões aleatórias descrevem os desvios genéticos das regressões fixas, as quais permitem a cada vaca ter uma curva de lactação com formato diferente em um nível genético (JAMROZIK et al., 1997).

Diante do exposto, o objetivo do presente trabalho foi comparar modelos com diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, sob modelos de regressão aleatória, com variância residual homogênea ou heterogênea com a finalidade de predizer o modelo mais adequado para descrever as mudanças nas variâncias associadas aos teores de gordura e proteína do leite de vacas holandesas de primeira lactação.

2.2 Material e Métodos

Os dados utilizados neste estudo foram obtidos junto à Clínica do Leite, laboratório pertencente ao Departamento de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo (LZT-ESALQ/USP). A análise de consistência dos dados foi realizada utilizando-se os softwares Microsoft Visual FoxPro[®], versão 9.0 e *Statistical Analysis System* (SAS), versão 9.1.

No presente estudo, foram consideradas adequadas as lactações com mais de 100 dias e animais com idade ao primeiro parto a partir de 24 meses e máximo de 50 meses. Os grupos de contemporâneos foram compostos pela concatenação dos fatores rebanho, ano de parto e mês de análise e continha 920 grupos. Foram mantidos no banco de dados somente os grupos de contemporâneos com no mínimo cinco animais. Para as análises, utilizou-se um arquivo de pedigree que continha identificação de animal, pai e mãe, totalizando 30.843 animais na matriz de parentesco.

O banco de dados após análise de consistência ficou constituído de 27.988 informações de teores de proteína e gordura, referente es a 4.945 vacas de primeira lactação, pertencentes a 36 rebanhos e com medidas entre os anos de 1998 a 2009. Informações da estatística descritiva das variáveis e covariáveis utilizadas no presente estudo estão dispostas na Tabela 1.

Tabela 1 – Variáveis e covariáveis utilizadas na estimativa dos parâmetros genéticos para primeiras lactações

Fatores	Nº observações	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
Gordura (%)	27.988	3,35	0,62	2,06	5,99
Proteína (%)	27.988	3,02	0,30	2,06	5,36
Idade da vaca (dias)	27.988	1017	166	720	1500
Del (dias)	27.988	150	83	5	305

Del: dias em lactação; idade da vaca: idade da vaca na análise

As análises para obtenção de componentes de variância foram realizadas por meio de Modelos de Regressão Aleatória (MRA), sob modelo animal, com o uso do software WOMBAT (MEYER, 2006). As funções de covariância foram estimadas para os componentes genéticos aditivos e de ambiente permanente, modeladas por meio de polinômios ortogonais na escala de Legendre. No modelo utilizado foram considerados efeitos fixos o grupo contemporâneo e a idade da vaca na data de

análise da amostra de leite. Em modelos de regressão aleatória são considerados efeitos fixos as regressões sobre o tempo, no caso, estágio de lactação, o que gera uma curva média de lactação, ou a trajetória média da população (fixa). Assim, as curvas aleatórias para cada indivíduo são estimadas como desvios desta trajetória média (SCHAEFFER, 2000).

Os teores de gordura e proteína foram modelados por regressão aleatória utilizando o modelo animal proposto por Meyer (1998) (eq.1):

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_b-1} \beta_m \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_a-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_r-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}) + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

em que y_{ij} = dado j do animal i ; F é o conjunto dos efeitos fixos, incluindo o grupo de contemporâneos e idade da vaca; β_m é o coeficiente de regressão dos teores de proteína e gordura de acordo com o estágio de lactação para a média da população; α_{im} e γ_{im} são os coeficientes de regressão aleatória para efeito genético aditivo direto e de ambiente permanente, para o animal i ; k_b , k_a e k_r são as ordens dos polinômios; t_{ij} corresponde à idade j do animal i ; $\phi_m(t_{ij})$ é o $m^{\text{ésima}}$ função polinomial de Legendre para ser avaliada para t_{ij} ; ε_{ij} é o erro aleatório associado a cada dado j de cada animal i .

O estágio de lactação (t) foi padronizado de acordo com a equação (eq. 2):

$$t = \frac{2 * (del - t_{\min})}{(t_{\max} - t_{\min})} - 1 \quad (2)$$

em que del = dias em lactação e t_{\min} e t_{\max} são os dias mínimos e máximos de lactação, respectivamente, variando de 5 a 305 dias.

As regressões aleatórias foram modeladas por polinômios ortogonais de Legendre, variando à ordem de ajuste de terceira à sexta ($k = 3, 4, 5$ e 6) para teor de gordura e para teor de proteína, tanto para o componente genético aditivo quanto para o de ambiente permanente. A variância residual foi considerada, inicialmente, heterogênea, dividindo-se a lactação em seis períodos. Como não foi verificada heterogeneidade de variâncias para os teores de gordura e proteína nesses intervalos, optou-se então por considerar a homogeneidade de variâncias em todos os modelos, de acordo com a literatura, a qual assume que dados de gado de leite assumem homogeneidade de variância (COSTA et al. 2005, 2008; BIASSUS et al., 2011).

O modelo geral utilizado foi $\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}$, em que \mathbf{y} é o vetor das observações; \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são as matrizes de incidência dos efeitos fixos, aleatórios genético aditivos e de ambiente permanente, respectivamente, associando os elementos de \mathbf{b} , \mathbf{a} e \mathbf{p} a \mathbf{y} ; \mathbf{b} é o vetor de efeitos fixos representado pelos GCs; \mathbf{a} e \mathbf{p} são vetores de soluções para efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente dos coeficientes da regressão aleatória, respectivamente; \mathbf{e} é o vetor de efeitos residuais inerentes a cada observação, NID $(0, \sigma^2)$.

Foram testados modelos com ordens de ajuste diferentes para efeito genético aditivo e de ambiente permanente, sendo que estes foram inferiores no ajuste quando comparados com os modelos que utilizaram as mesmas ordens. Os modelos foram denominados Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6, de acordo com a ordem dos polinômios de Legendre usados para modelar as curvas de teores de componentes (efeitos genético e de ambiente permanente) (Tabela 2). Para idade da vaca, foi utilizado o efeito quadrático.

Os critérios usados para a determinação do melhor modelo foram: o teste de razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* – LRT), o Critério de Informação de Akaike (AIC), o Critério Bayesiano de Informação de Schwarz e a máxima verossimilhança restrita $(-2\log(L))$. O teste de razão de verossimilhança somente deve ser aplicado quando os modelos estão próximos, ou seja, quando o modelo com o maior número de parâmetros é derivado de um modelo com menor parametrização pela adição de pelo menos um parâmetro. Este teste determina o quanto os parâmetros adicionais melhoram o modelo. A hipótese a ser testada é que os dois modelos são equivalentes (H_0). A estatística do teste de razão de verossimilhança segue distribuição de Qui-quadrado em que os graus de liberdade são dados pela diferença no número de parâmetros dos modelos. A hipótese é rejeitada se o valor do teste for maior que o valor crítico do nível de significância (THOLON; QUEIROZ, 2011).

2.3 Resultados e Discussão

Os modelos utilizados, de acordo com a escala de Legendre e os critérios de ajuste podem ser visualizados na Tabela 2. A ordem dos modelos foi escolhida para evitar superparametrização e logo, foram realizadas as análises para estimação dos

parâmetros genéticos, com a utilização de estrutura de variância residual homogênea.

Comparando-se os modelos, constatou-se diminuição gradativa no $-2\log(L)$ e AIC, para o teor de gordura, quando utilizados os polinômios ortogonais de Legendre de grau 3 até 6, sendo que para BIC, houve diminuição até o quinto grau, aumentando da 5^a para a 6^a ordem do polinômio. Para o teor de proteína, os três critérios de determinação do melhor modelo sugerem que o modelo mais adequado é o de 4^a ordem. Observa-se que a diferença no $-2\log(L)$ entre os modelos, dois a dois, foi significativa ($P < 0,05$) pelo LRT (Tabela 2). De acordo com os critérios utilizados para avaliar a qualidade de ajuste, os modelos que consideraram heterogeneidade de variâncias residuais mostrou-se inadequado em comparação àqueles com homogeneidade, e, portanto, não foram expostos neste estudo.

Tabela 2 – Modelos, números de parâmetros e critérios de seleção de modelos com diferentes ordens de ajuste na escala de Legendre, para efeito genético aditivo e de ambiente permanente

Modelo	Nº parâmetros	$-2\log(L)$	AIC	BIC	GL	LRT
Teor de gordura						
Leg3	13	-5462,0	-5436,0	-5330,3	-	-
Leg4	21	-6039,1	-5997,1	-5826,4	8	-577,1
Leg5	31	-6205,9	-6143,9	-5891,9	10	-166,8
Leg6	43	-6283,5	-6197,5	-5847,8	12	-77,6
Teor de proteína						
Leg3	13	-53016,5	-52990,5	-52884,8	-	-
Leg4	21	-53985,9	-53943,9	-53773,2	8	-969,4
Leg5	31	-52665,5	-52603,5	-52351,4	10	1320,5
Leg6	43	-52478,5	-52392,5	-52042,8	12	187,0

* Valores de LRT significativos a 5% de probabilidade (teste de Qui-quadrado). Valores em negrito correspondem à ordem do modelo que melhor se ajustou. GL = graus de liberdade

Os modelos que melhor se ajustaram para o teor de gordura foram os polinômios ortogonais de 5^a e 6^a ordens da escala de Legendre, tanto para os efeitos fixos como aleatórios (Tabela 2). Esses resultados corroboram os encontrados por Biassus et al. (2010), os quais conseguiram melhores ajustes com modelos utilizando a 6^a ordem dos polinômios de Legendre, ou seja, modelos com maior número de parâmetros.

Para o teor de proteína, o melhor ajuste foi obtido com o 4º grau na escala de Legendre (Tabela 2). Todos os critérios de ajuste para proteína sugerem que o de 4º grau foi o que teve melhor desempenho.

Estudos com teores de gordura e proteína no leite ainda são escassos. Porém vale ressaltar que modelos de regressão aleatória utilizando-se os polinômios ortogonais de Legendre de 4ª, 5ª e 6ª ordem têm sido comumente selecionados pelos testes de comparação de modelos em estudo com produção de leite (BIASSUS et al., 2010; COSTA et al., 2005; COBUCCI et al., 2006; LIU et al., 2006).

As variâncias estimadas nos modelos Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6 para teor de gordura variaram de 0,05 a 0,35; de 0,02 a 0,23; de 0,02 a 0,42 e de 0,03 a 0,60, respectivamente, para variância genética aditiva; de 0,04 a 0,16; de 0,08 a 0,23; de 0,07 a 0,23 e de 0,07 a 0,30, respectivamente, para variância de ambiente permanente e de 0,30 a 0,59; de 0,28 a 0,62; de 0,28 a 0,83 e de 0,28 a 1,06, respectivamente para variância fenotípica. As variâncias residuais para os modelos em questão foram, respectivamente de 0,19; 0,17; 0,17 e 0,16 (Figura 1).

Para teor de proteína, as variâncias genéticas aditivas estimadas, respectivamente para os modelos Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6 foram de 0,01 a 0,09; de 0,007 a 0,095; de 0,04 a 0,14 e de 0,007 a 0,087. Para variância de ambiente permanente, respectivamente, de 0,015 a 0,022; de 0,02 a 0,036; de 0,013 a 0,12 e de 0,029 a 0,30. As variâncias fenotípicas variaram de 0,0,05 a 0,13; de 0,05 a 0,15; de 0,042 a 0,29 e de 0,05 a 0,41, respectivamente. As estimativas das variâncias residuais dos modelos analisados foram de 0,022; 0,019; 0,018 e 0,017 (Figura 2).

As variâncias residuais apresentaram decréscimo constante com o aumento da ordem do modelo, assim como ocorre para produção de gordura e proteína (COSTA et al., 2008; BIASSUS et al., 2011), e se mostraram homogêneas para as duas características no decorrer da lactação.

De modo geral, para as duas características, as estimativas de variância genética aditiva e de ambiente permanente apresentaram trajetória semelhante nos quatro modelos estudados, similar ao estudo realizado por Biassus et al.(2011), para produção de gordura e proteína. Verifica-se que para teor de gordura, ocorreu diminuição da variabilidade genética após o início da lactação. Para teor de proteína, esse fato fica mais evidente nos modelos Leg5 e Leg6. Isto tem sido observado em outros estudos com população de vacas holandesas (JAMROZIK et al., 1997, COSTA et al., 2008; BIASSUS et al., 2011). Esses resultados estão de acordo com o

reportado por Lopez-Romero & Carabaño (2003), que citam o início e final da lactação como fases em que ocorre a maior diferença entre componentes de variância entre diferentes modelos.

As estimativas de variância genética aditiva, de ambiente permanente e fenotípica para o teor de gordura foram maiores no início da lactação, com exceção do modelo Leg3, em que no final da lactação as estimativas das variâncias foram pouco superiores às iniciais (Figura 1). Foi observado um acentuado decréscimo das estimativas até próximo os 50 dias de lactação, permanecendo reduzidos até próximo aos 280 dias de lactação, quando voltam a aumentar.

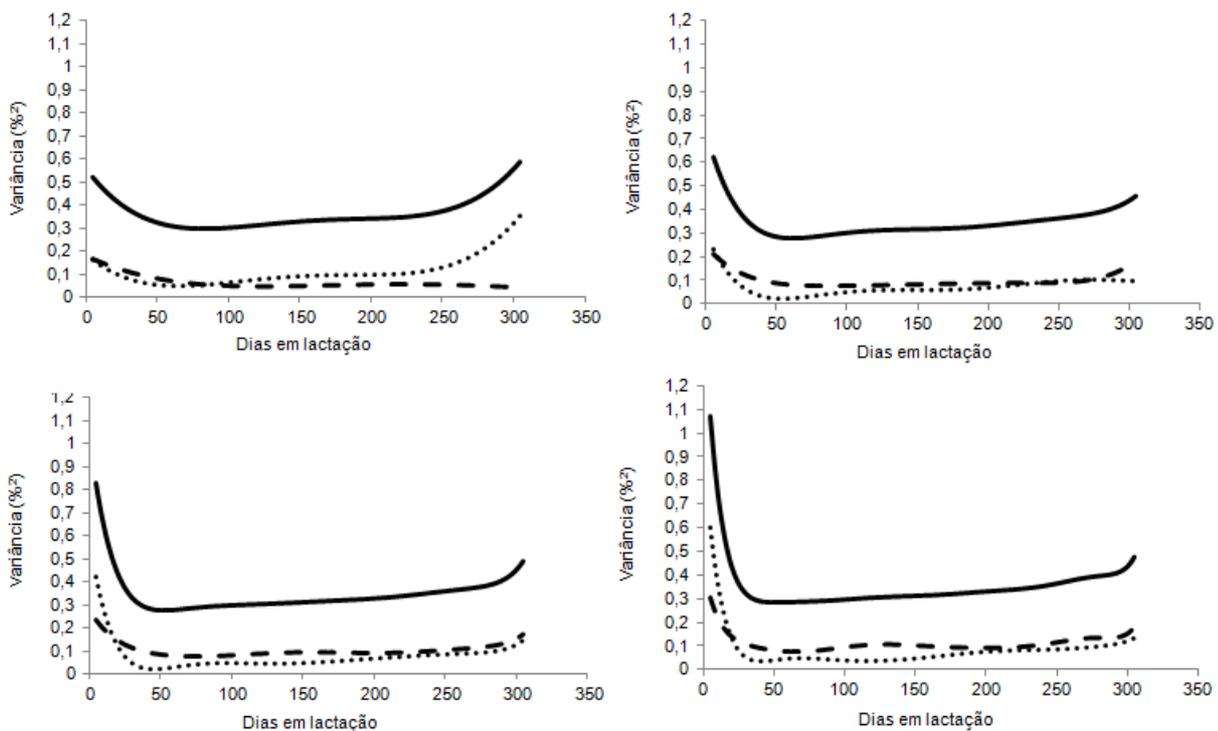


Figura 1- Estimativas das variâncias genéticas aditivas (···), de ambiente permanente (- - -) e fenotípica (—) para o teor de gordura do leite de vacas holandesas de primeira lactação, em função do estágio de lactação, para os quatro modelos estudados

Semelhante ao observado em relação às estimativas para teor de gordura, as estimativas de componentes de variância para teor de proteína permaneceram praticamente constantes ao longo da lactação, após os primeiros 50 dias em lactação (Figura 2). Os componentes de variância genética aditiva e fenotípica apresentam valores maiores no início e final da lactação, e está de acordo com estudos de outros autores (LOPEZ-ROMERO; CARABAÑO, 2003).

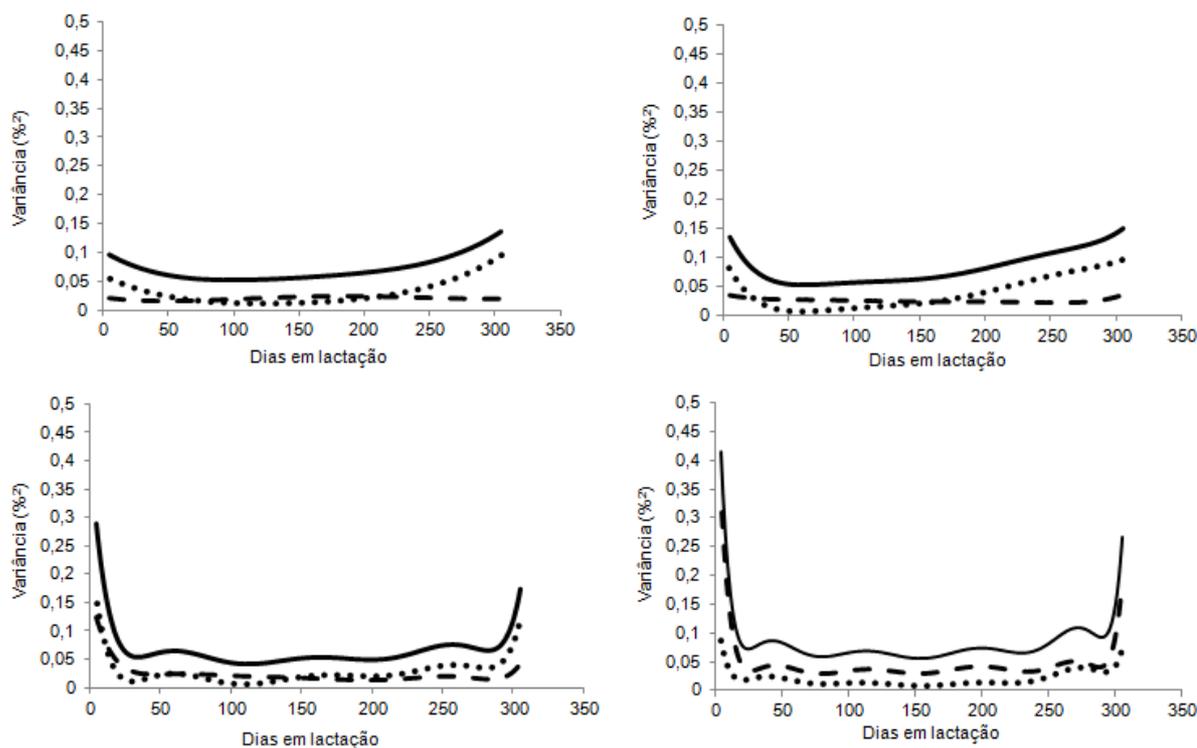


Figura 2 - Estimativas das variâncias genéticas aditiva (***), de ambiente permanente (---) e fenotípica (—) para o teor de proteína do leite de vacas holandesas de primeira lactação, em função do estágio de lactação, para os quatro modelos estudados

As estimativas de herdabilidade variaram de 0,16 a 0,60; de 0,07 a 0,37; de 0,07 a 0,51 e de 0,11 a 0,56, para Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6, respectivamente, para teor de gordura (Figura 3). Para teor de proteína, as estimativas de herdabilidade variaram de 0,20 a 0,70; de 0,13 a 0,66; de 0,10 a 0,65 e de 0,12 a 0,37, respectivamente, para os modelos Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6 (Figura 4). Esses resultados possuem de baixa a alta herdabilidade, sugerindo que o uso dos mesmos em seleção genética pode ocasionar ganhos genéticos desejáveis na população, quando utilizados nos estágios em que as estimativas são maiores, o que significa que nesses estágios há maior influência de fatores genéticos. As estimativas encontradas no presente estudo diferem das encontradas por Paula et al. (2008) que estimaram em rebanho holandês do Estado do Paraná herdabilidades de 0,60 e 0,58, respectivamente, para os teores de gordura e proteína, com análises utilizando-se abordagens Bayesianas e com lactação fechada aos 305 dias.

As herdabilidades estimadas pelos modelos estudados apresentaram a mesma tendência descrita para as estimativas das variâncias genéticas (Figuras 3 e 4), ou seja, no caso do teor de gordura, estimou herdabilidades altas no início da

lactação, as quais decresceram até próximo ao 50º dia de lactação e voltaram a aumentar gradativamente até o final de lactação.

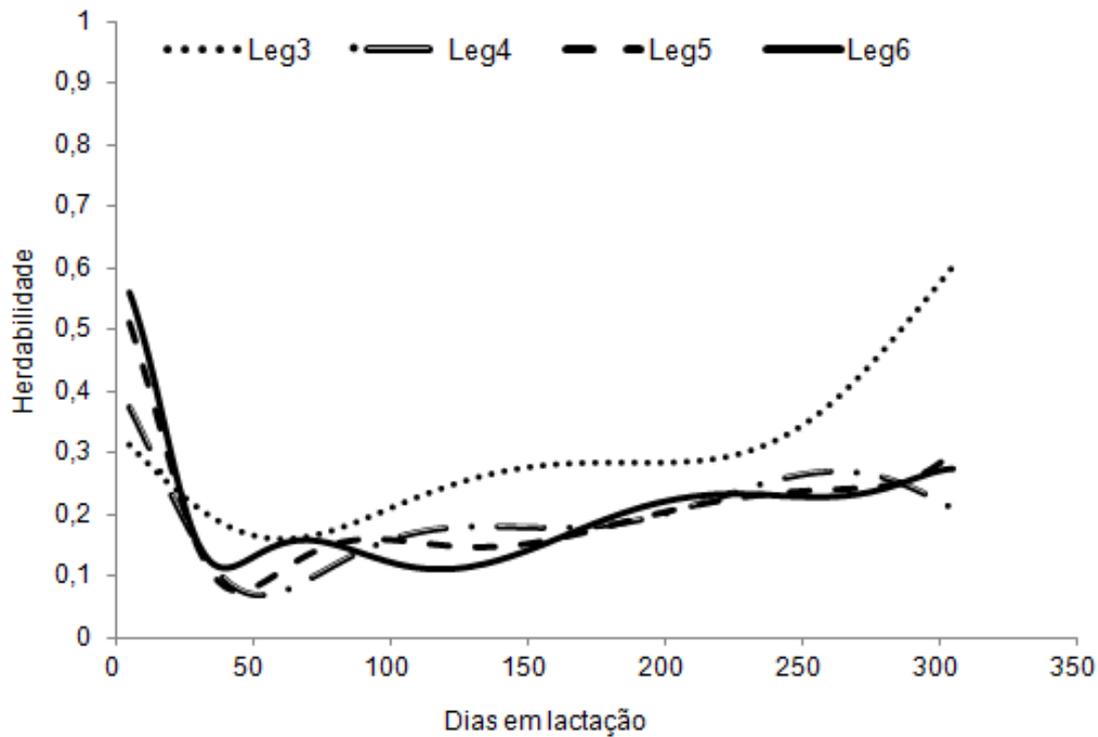


Figura 3 - Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para teor de gordura, em vacas holandesas de primeira lactação, nos quatro modelos estudados

Para teor de proteína, de forma semelhante, as estimativas de variância genéticas foram seguidas pelas das herdabilidades. O modelo Leg4, o que melhor se ajustou, apresentou estimativas variando de 0,13 a 0,66 (Figura 4). As estimativas de herdabilidade entre os modelos apresentaram variações, principalmente quando comparado o modelo Leg3 com os demais, em que fica nítida a diferença das estimativas nos extremos da lactação.

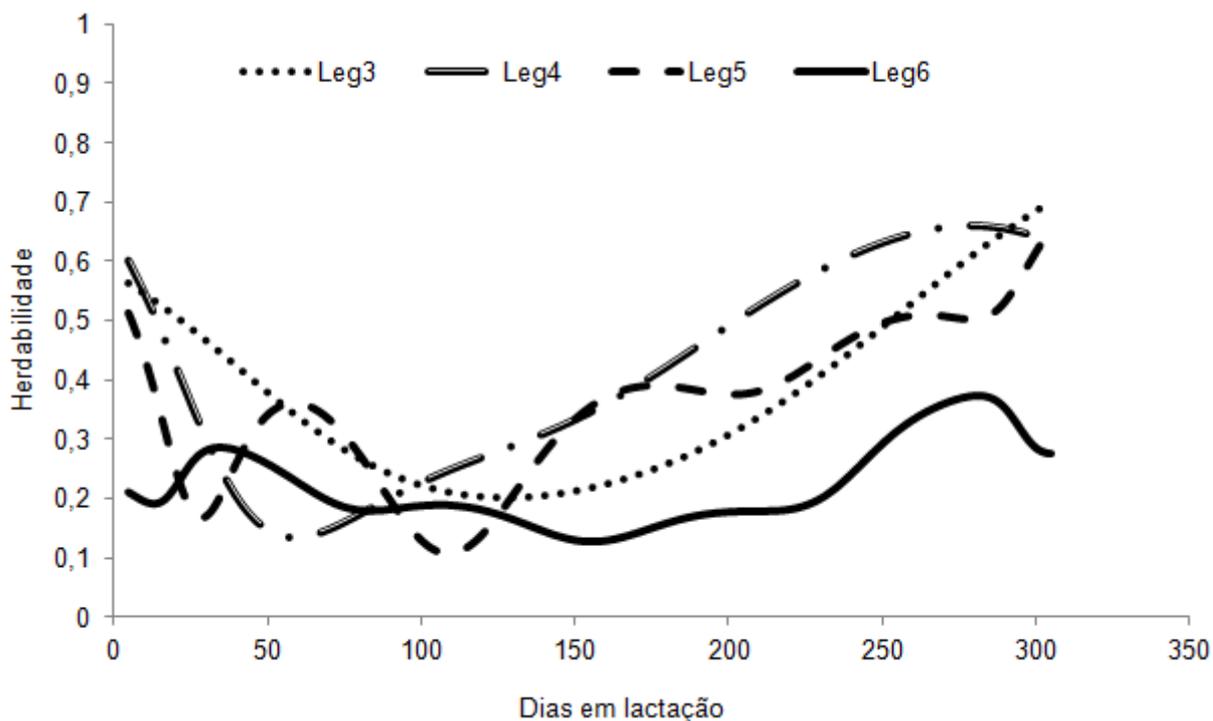


Figura 4 - Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para teor de proteína, em vacas holandesas de primeira lactação, nos quatro modelos estudados

2.4 Conclusões

Modelos de regressão aleatória são adequados para descrever variações no teor de gordura e proteína de vacas holandesas de primeira lactação em função do estágio de lactação em que a vaca se encontra. Dentre os modelos estudados, os polinômios ortogonais de Legendre de 5ª e 6ª ordens foram os que melhor se adequaram aos teores de gordura e o de 4ª ordem para teor de proteína.

A identificação de animais com maior teor de gordura no leite é mais eficiente no início da lactação e para proteína, no início e final da mesma, período em que a expressão da variância aditiva e as herdabilidades indicam que a seleção resultaria em ganhos mais efetivos.

Referências

BIASSUS, I.O.; COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; RORATO, P.R.N.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, L.L. Persistence in milk, fat and protein production of primiparous Holstein cows by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.39, p.2617-2624, 2010.

_____. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.40, p.85-94, 2011.

BRASIL. Instrução Normativa n. 51, de 18 de setembro de 2002. Estabelece o regulamento fixar os requisitos mínimos que devem ser observados para a produção, a identidade e a qualidade do leite. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília, Seção 1, 8 p., 14 dez. 2006.

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

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

COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; PACKER, I.U.; FREITAS, A.F.; TEIXEIRA, N.M.; COBUCI, J.A. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.37, p.602-608, 2008.

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

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**, Champaign, v.80, p.1217–1226, 1997.

LIU, Y.X.; ZHANG, J.; SCHAEFFER L.R.; YANG, R.Q.; ZHANG, W.L. Short communication: Optimal random regression models for Milk production in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.89, p.2233-2235, 2006.

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

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

_____. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML, J. Zhejiang Uni. SCIENCE B 8: 815–821. [doi:10.1631/jzus.2007.B0815]

_____. WOMBAT: digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS GENETICS APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006. **Proceedings...** (Communication, 27–14).

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

PAULA, M.C.; MARTINS, E.N.; SILVA, L.O.C.; Oliveira, C.A.L.; Valotto, A.A.; Gasparino, E. Estimativas de parâmetros genéticos para produção e composição do leite de vacas da raça Holandesa no estado do Paraná. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.37, p.824-828, 2008.

SCHAEFFER, L.R. [2000]. Random regression models. Disponível em: <<http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABModels/NOTES/RRM14a.pdf>> Acesso em 07 out. 2011.

THOLON, P.; QUEIROZ, S. A. Estimation of (co)variance components and genetic parameters for weights of red-winged tinamou using random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.40, p.781-787, 2011.

3 COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA CONTAGEM DE CÉLULAS SOMÁTICAS DO LEITE DE VACAS DA RAÇA HOLANDESA SOB MODELOS REGRESSÃO ALEATÓRIA

Resumo

A mastite é a doença que mais gera custos na produção leiteira, por prejudicar a qualidade do leite em função da alta contagem de células somáticas, ocasionar gastos com tratamento e reduzir a produtividade. Diante do problema, o objetivo do estudo foi estimar componentes de variância e comparar modelos de regressão aleatória com diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre e prever o modelo mais adequado para descrever as mudanças nas variâncias associadas à contagem de células somáticas de vacas holandesas de primeira lactação. Os modelos de 4ª e 6ª ordens foram os que obtiveram melhor qualidade de ajuste, em relação aos outros três modelos testados. As estimativas de herdabilidade foram de maior magnitude no terço inicial da lactação, variando de 0,25; 0,36; 0,42 e 0,51 para Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6, respectivamente.

Palavras-chave: Escore de células somáticas; Herdabilidade; Polinômios de Legendre

Abstract

Mastitis is the most costly disease in dairy production, because it impairs the milk quality due to high somatic cell count, it generates costs with treatment and reduces productivity. Faced with the problem, the aim of the study was to estimate variance components and compare random regression models with different orders of adjustment by Legendre polynomials and to predict the most appropriate model to describe changes in the variance associated with somatic cell count of first lactation Holstein cows. The 4th and 6th orders models were the two that had better goodness of fit. The heritability estimated were greater in early lactation, ranging from 0.25, 0.36, 0.42 and 0.51 for Leg3, Leg4, and Leg5 Leg6, respectively.

Keywords: Somatic cell score; Heritability; Legendre polynomials

3.1 Introdução

A mastite é definida como uma inflamação da glândula mamária em resposta à invasão de microrganismos (SANTOS et al., 2003), e é considerada a principal doença geradora de custos na produção leiteira, associada a custos diretos devidos à baixa produtividade e aos custos com tratamentos, e indiretos, em função do menor valor do leite devido à alta contagem de células somáticas (HERINGSTAD et al., 2000; ODEGARD et al., 2003; SEWALEM et al., 2006).

Portanto, a redução da incidência da mastite é importante por razões econômicas, ambientais e de bem-estar animal.

Menores valores de contagem de células somáticas estão associados à menor incidência de mastite clínica, maiores porcentagens de gordura e de caseína. Conseqüentemente, levando ao maior rendimento na fabricação de produtos lácteos e aumento na vida de prateleira de tais produtos (BARBANO et al., 1991; KLEI et al., 1998; PEREIRA et al., 1999).

Com isso, ressalta-se a importância da seleção de animais menos susceptíveis a doenças, como é o caso da mastite. Apesar de o ganho genético ser cumulativo e ocorrer em longo prazo, os ganhos obtidos em cada geração serão mantidos na população (SHOOK, 1989). Nesse contexto, a contagem de células somáticas (CCS) é utilizada como preditora de presença de mastite no rebanho, porém a média de CCS na lactação não condiz com o que realmente acontece ao longo da lactação. Ressalta-se ainda que uma vaca pode não apresentar mastite clínica, mas com o aumento da CCS, pode apresentar mastite subclínica e com isso disseminar os patógenos para outros animais (WINDIG et al., 2010).

Os modelos de regressão aleatória (MRA) neste sentido vêm auxiliar na forma com que os dados são analisados, não sendo necessário que se estime para os 305 dias de lactação dados de animais que foram retirados do rebanho ou que ainda não tiveram a lactação encerrada (JENSEN, 2001). Além disso, são utilizadas para modelar os desvios em torno da trajetória fenotípica, em que o padrão de variação pode ser diferente ao longo do tempo, o que caracteriza e torna-se aplicável os MRA (KIRKPATRICK et al., 1990; SCHAEFFER, 2004).

Várias funções podem ser usadas para modelar as regressões aleatórias (BOHMANOVA et al., 2008), dentre as quais os polinômios ortogonais têm destaque, uma vez que estes reduzem a correlação entre os coeficientes estimados. Dentre os polinômios, os de Legendre têm sido mais frequentemente utilizados em análises com dados de bovino de leite (LIU et al., 2006). A ordem dos polinômios não precisa ser igual para efeito genético aditivo e de ambiente permanente, mas comumente são escolhidos, muitas vezes por facilitar o processo computacional (SCHAEFFER, 2004).

Dessa forma, objetivou-se com o presente trabalho estimar os componentes de variância e comparar modelos com diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, sob modelos de regressão aleatória, com a

finalidade de predizer o modelo mais adequado para descrever as mudanças nas variâncias associadas à contagem de células somáticas de vacas holandesas de primeira lactação.

3.2 Material e Métodos

Os dados foram obtidos junto à Clínica do Leite, laboratório pertencente ao Departamento de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo (LZT-ESALQ/USP). A análise de consistência dos dados foi realizada utilizando-se os softwares Microsoft Visual FoxPro[®], versão 9.0 e *Statistical Analysis System (SAS)*, versão 9.1.

Após a edição dos dados, foram mantidas informações de vacas primíparas, com parições de 1998 a 2009, com pelo menos 100 dias de lactação e com idade ao primeiro parto igual ou superior a 24 meses. Os grupos de contemporâneos foram compostos pelos fatores rebanho, ano de parto e mês de análise do leite e totalizou 920 níveis. Permaneceram no banco de dados somente os grupos de contemporâneos com no mínimo cinco animais. Em todas as análises, utilizou-se um arquivo de pedigree que continha identificação de animal, pai e mãe, totalizando 30.843 animais na matriz de parentesco. A contagem de células somáticas nas amostras de leite analisadas variou de 1000 a 9.900.000 células/ml.

Como a contagem de células somáticas não apresenta normalidade dos dados, o escore de células somáticas (ECS) foi calculado de acordo com a expressão: $ECS = \log_2(CCS/100) + 3$, para então se obter as propriedades necessárias à utilização de métodos estatísticos convencionais (Aka & Shook, 1980; Shook & Schutz, 1994).

Após editado o banco de dados, permaneceram 27.883 dados de ECS, referentes a 4.945 vacas holandesas de primeira lactação. Informações da estatística descritiva das variáveis e covariáveis utilizadas no presente estudo estão dispostas na Tabela 1.

Tabela 1 – Variáveis e covariáveis utilizadas na estimativa dos parâmetros genéticos para primeiras lactações de vacas holandesas

Fatores	Nº observações	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
ECS	27.883	2,85	2,33	-3,64	9,63
Idade da vaca (dias)	27.883	1017,42	166	720	1500
Del (dias)	27.883	150,51	83,51	5	305

Del: dias em lactação; idade da vaca: idade da vaca na análise.

A dispersão da média dos escores de células somáticas em cada dia de lactação encontra-se na Figura 1. Verifica-se a presença de médias de ECS variando de 1,86 a 4,15, no 57º e no 7º dia, respectivamente. Observa-se que nos primeiros dias o ECS apresenta-se de maior magnitude, mas após esse período, o mesmo decresce até por volta dos 50 dias de lactação, tem um pequeno incremento e fica no intervalo entre os escores 2 e 4.

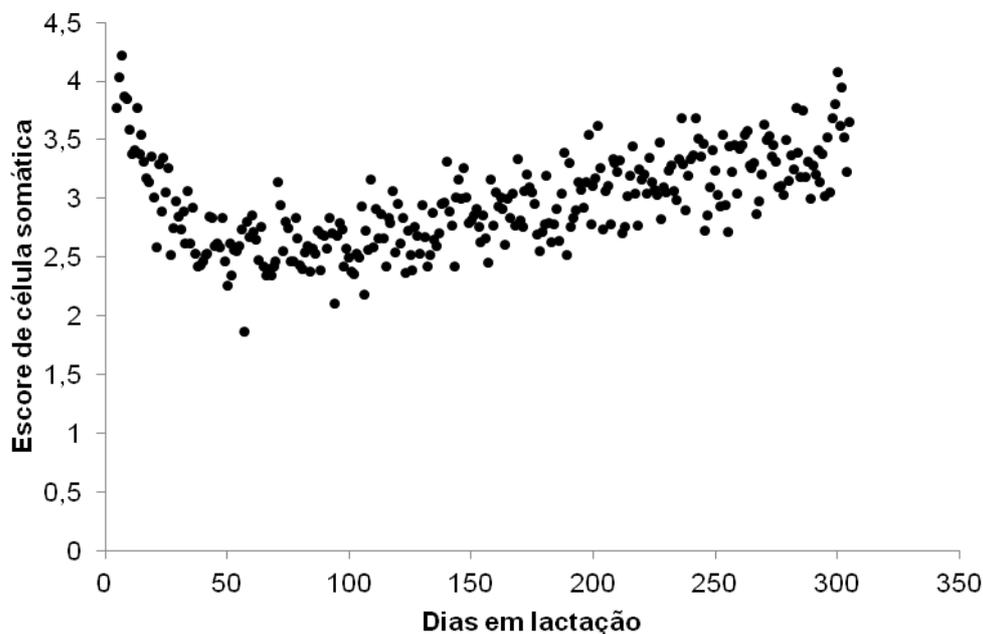


Figura 1- Dispersão das médias dos Escores de células somáticas para cada dia de lactação

Os componentes de variância foram obtidos por meio de Modelos de Regressão Aleatória (MRA), sob modelo animal, utilizando-se o software WOMBAT (MEYER, 2007). As funções de covariância foram estimadas para os componentes genéticos aditivos e de ambiente permanente, utilizando-se polinômios ortogonais na escala de Legendre. No modelo utilizado, o grupo contemporâneo e a idade da vaca na data de análise da amostra de leite foram considerados efeitos fixos. Em modelos de regressão aleatória são considerados efeitos fixos as regressões sobre o tempo, no caso, estágio de lactação, o que gera uma curva média de lactação, ou a trajetória média da população (fixa), sendo as curvas aleatórias para cada indivíduo estimadas como desvios desta trajetória média (SCHAEFFER, 2000).

O escore de célula somática foi modelado por regressão aleatória utilizando o modelo animal proposto por Meyer (1998) (eq.1):

$$Y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_b-1} \beta_m \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_A-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_R-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}) + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

em que Y_{ij} = dado j do animal i ; F é o conjunto dos efeitos fixos, incluindo o grupo de contemporâneos; β_m é o coeficiente de regressão do ECS de acordo com o estágio de lactação para a média da população; α_{im} e γ_{im} são os coeficientes de regressão aleatória para efeito aditivo direto e de ambiente permanente, para o animal i ; k_b , k_A e k_R são as ordens dos polinômios; t_{ij} corresponde à idade j do animal i ; $\phi_m(t_{ij})$ é o $m^{\text{ésima}}$ função polinomial de Legendre para ser avaliada para t_{ij} ; ε_{ij} é o erro aleatório associado a cada dado j de cada animal i .

Os dias em lactação foram padronizados, para utilização nos polinômios ortogonais de Legendre, com valores variando de -1 a 1 (KIRKPATRICK et al., 1990).

As regressões aleatórias foram modeladas por polinômios ortogonais de Legendre, variando a ordem de ajuste de terceira à sexta ($k = 3, 4, 5$ e 6), tanto para o componente genético aditivo quanto para o de ambiente permanente. A variância residual foi considerada, inicialmente, heterogênea, dividindo-se a lactação em seis períodos. Como não foi verificada heterogeneidade de variâncias nesses intervalos, optou-se então por considerar a homogeneidade de variâncias em todos os modelos, como sugerido em outros trabalhos (ØDEGÅRD et al., 2003; COSTA et al. 2005; COSTA et al., 2008; BIASSUS et al., 2011).

O modelo geral utilizado foi $\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}$, em que \mathbf{y} é o vetor das observações; \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são as matrizes de incidência dos efeitos fixos, aleatórios e de ambiente permanente, associando os elementos de \mathbf{b} , \mathbf{a} e \mathbf{p} a \mathbf{y} ; \mathbf{b} é o vetor de efeitos fixos representado pelos GCs; \mathbf{a} e \mathbf{p} são vetores de soluções para efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente dos coeficientes da regressão aleatória, respectivamente; \mathbf{e} é o vetor de efeito residual, NID $(0, \sigma^2)$.

Além dos modelos expostos no presente trabalho, foram testados também modelos com ordens de ajuste diferentes para efeito genético aditivo e de ambiente permanente, porém tais modelos mostraram menor capacidade de ajuste quando comparados aos modelos que utilizaram as mesmas ordens, o que foi também sugerido por Schaeffer (2004) e López-Romero et al. (2004), que afirmam que apenas funções de mesma ordem para os dois componentes oferecem igual oportunidade de variação .

Os modelos foram denominados Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6, de acordo com a ordem dos polinômios de Legendre utilizados para modelar as curvas de ECS (efeitos genético e de ambiente permanente (Tabela 2). Os polinômios ortogonais de Legendre foram escolhidos por apresentarem melhores propriedades de convergência que modelos com funções paramétricas de curvas de lactação (POOL et al., 2000).

Para a determinação do melhor modelo foram utilizados o Teste de razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* – LRT), Critério de Informação de Akaike (AIC), Critério Bayesiano de Informação de Schwarz e a máxima verossimilhança restrita ($-2\log(L)$). A hipótese testada é de que os dois modelos são equivalentes (H_0). A hipótese é rejeitada se o valor do teste for maior que o valor crítico do nível de significância (THOLON; QUEIROZ, 2011).

3.3 Resultados e discussão

Os modelos na escala de Legendre, o número de parâmetros e os critérios de ajuste podem ser visualizados na Tabela 2. A ordem dos modelos foi escolhida para evitar superparametrização. A estrutura de variância residual homogênea foi empregada para a estimação dos componentes de variância e consequente estimação dos parâmetros genéticos, uma vez que o efeito de ambiente permanente parece absorver a heterogeneidade dos resíduos (ØDEGÅRD et al., 2003).

Quando são comparados os modelos propostos no estudo, fica evidente a redução gradativa do Leg3 ao Leg6, nos os critérios $-2\log(L)$ e AIC e para o BIC, tem pequena redução de Leg3 para Leg4 e após a magnitude tem uma pequena elevação. Observa-se que a diferença na máxima verossimilhança restrita entre os modelos, dois a dois, foi significativa ($P < 0,05$) pelo LRT (Tabela 2).

Os modelos que melhor se ajustaram para o escore de células somáticas foram os de 4^a e 6^a ordens da escala de Legendre, tanto para os efeitos genéticos aditivos como de ambiente permanente (Tabela 2). Esses resultados diferem dos encontrados por Ødegård et al. (2003), os quais mencionam o modelo de segunda ordem para variância genética e de terceira para efeito de ambiente permanente. Chang et al. (2004) sugerem que o polinômio de quarta ordem é o que melhor se adequa, corroborando os resultados do presente estudo, porém estes autores trabalharam com dados de mastite clínica.

Tabela 2 – Modelos, números de parâmetros e critérios de seleção de modelos com diferentes ordens de ajuste na escala de Legendre, para efeito genético aditivo e de ambiente permanente de escore de células somáticas em vacas holandesas de primeira lactação

Modelo	Nº parâmetros	-2log(L)	AIC	BIC	GL	LRT
Leg3	13	58323,36	58349,36	58456	-	-
Leg4	21	58120,84	58162,84	58335,12	8	-202,52
Leg5	31	58020,06	58082,06	58336,38	10	-100,78
Leg6	43	57963,44	58049,44	58402,2	12	-56,62

* Valores de LRT significativos a 5% de probabilidade (teste de Qui-quadrado). Valores em negrito correspondem à ordem do modelo que melhor se ajustou. *GL = graus de liberdade, calculado pela diferença do número de parâmetros dos modelos, dois a dois, subsequentes

As variâncias genéticas aditivas, de ambiente permanente e fenotípicas estimadas (Figura 2) possuem maior magnitude no início da lactação, fato sugerido por alguns autores como sendo devido a pouca informação no começo da lactação, logo após o parto (JAMROZIK et al., 1997; BOHMANOVA et al., 2008). Pouco antes dos 50 dias de lactação, as variâncias decrescem e praticamente se estabilizam até o término da lactação.

As variâncias estimadas nos modelos Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6 para ECS variaram de 0,37 a 1,10; de 0,31 a 1,79; de 0,33 a 2,38 e de 0,35 a 3,23, respectivamente, para variância genética aditiva; de 1,24 a 1,94; de 1,24 a 2,06; de 1,22 a 2,06 e de 1,23 a 2,14, respectivamente, para variância de ambiente permanente. As variâncias residuais homogêneas estimadas para os modelos foram, respectivamente, de 1,90; 1,80; 1,74 e 1,68 (Figura 2).

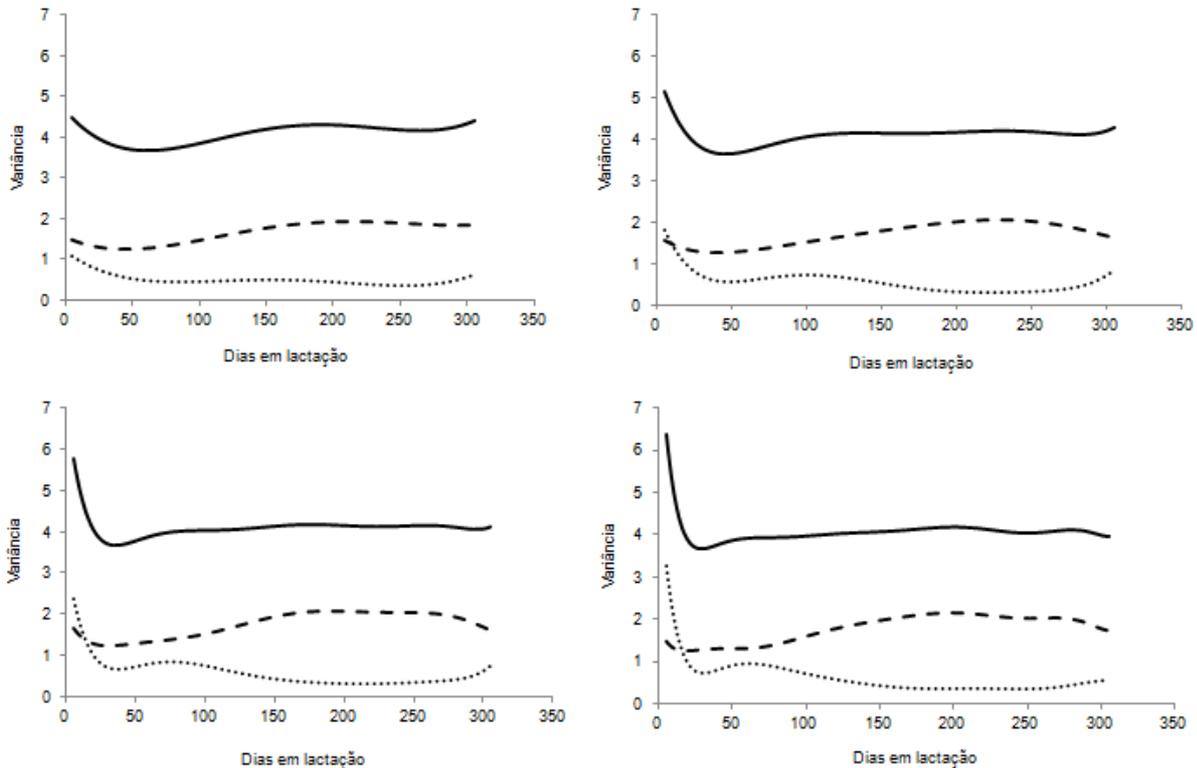


Figura 2- Estimativas das variâncias genéticas aditivas (***), de ambiente permanente (- -) e fenotípica (—) para o escore de células somáticas do leite de vacas holandesas de primeira lactação, em função do estágio de lactação, para os quatro modelos estudados

As herdabilidades para ECS foram de maior magnitude no início da lactação, para todos os modelos, variando de 0,24; 0,34; 0,41 e 0,50 para Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6, respectivamente (Figura 3). Esses resultados contrastam com os encontrados por Ødegård et al. (2003) e Mrode & Swanson (2003), os quais citam o começo da lactação como fase em que são estimados os menores coeficientes de herdabilidade. Por outro lado, as herdabilidades encontradas no final da lactação no presente estudo corroboram os encontrados por estes mesmos autores, variando de 0,14 a 0,18. Bohmanova et al. (2008) estudaram vários modelos e concluíram que para ECS, os polinômios ortogonais de Legendre de quarta ordem foram os que melhor se adequaram, resultando em herdabilidades de 0,21. Resultados obtidos com medidas repetidas, como o caso da regressão aleatória, proporcionam coeficientes de herdabilidade levemente superiores quando comparados a outros modelos. Os primeiros dias de lactação são os mais importantes de se coletar dados, em função da maior ocorrência de casos de mastite, principalmente em vacas primíparas, provenientes em sua maioria de variação genética (HERINGSTAD et al., 2003; HINRICHS et al., 2005, 2011).

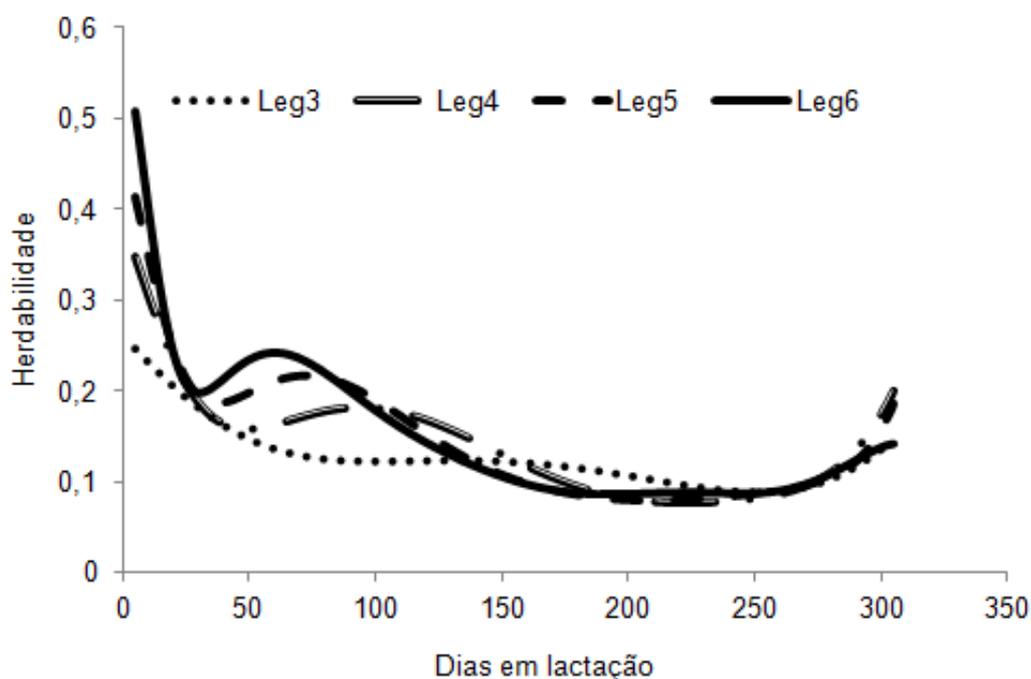


Figura 3 - Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para escore de células somáticas, em vacas holandesas de primeira lactação, nos modelos Leg3(---), Leg4(—•), Leg5(—) e Leg6(•••••).

Além disso, sabe-se que a correlação genética entre as diferentes medidas de um mesmo animal durante uma mesma lactação e entre lactações são altas (ØDEGÅRD et al.; 2003). Este fato sugere que um animal com alta incidência de contagem de células somáticas ao início da primeira lactação, possivelmente será um animal com altas contagens durante toda a lactação e nas lactações subseqüentes. Isso pode ajudar na tomada de decisão do produtor, que sabendo dessa correlação e tendo conhecimento da alta variância genética no início da lactação, pode selecionar melhor os animais que permanecerão no rebanho.

Outra ferramenta que pode auxiliar o produtor é a solução para os efeitos fixos, grupo de contemporâneos (GC), que no caso de CCS é formado por rebanho, ano de parto e mês de análise do leite. A soma desses efeitos pode oferecer estimativas do nível de contagem de células somáticas do rebanho e com isso auxiliar a reconhecer problemas de manejo na propriedade. Altas contagens de células somáticas podem revelar problemas contínuos na saúde do úbere e, níveis flutuantes, inconsistência nos cuidados de higiene. Além disso, os animais são padronizados, uma vez que os MRA corrigem os resultados para a fase da lactação, parto e idade da vaca na idade da análise, e para os efeitos genéticos, implicando,

portanto, que as diferenças entre as soluções dos rebanhos (GCs) são devidas às diferenças de práticas de manejo (KOIVULA et al., 2007).

3.4 Conclusão

Dentre os modelos de regressão aleatória estudados, utilizando-se os polinômios ortogonais de Legendre, os de 4^a e 6^a ordens, tanto para os efeitos fixos como aleatórios, foram os que melhor se ajustaram ao escore de células somáticas. A utilização de modelos de regressão aleatória se mostrou adequada à característica estudada, uma vez que ressalta a modificação da variância aditiva ao longo da lactação.

A identificação de animais mais resistentes à mastite é mais eficiente no início da lactação, período em que a expressão da variância genética aditiva e as herdabilidades indicam que a seleção resultaria em ganhos mais efetivos.

Referências

AKA, A.; SHOOK, G.E. An optimum transformation for somatic cell concentration in milk. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 63, p. 487-490, 1980.

BARBANO, D.M.; RASMUSSEN, R.R.; LYNCH, J.M. Influence of milk somatic cell count and milk age on cheese yield. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 74, p. 369–388, 1991.

BIASSUS, I.O.; COBUCCI, J.A.; COSTA, C.N.; RORATO, P.R.N.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, L.L. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 40, p. 85-94, 2011.

BOHMANOVA, J.; MIGLIOR, F.; JAMROZIK, J.; MISZTAL, I.; SULLIVAN, P. G. 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**, Champaign, v. 91, p. 3627–3638, 2008.

CHANG, Y.M.; GIANOLA, D.; HERINGSTAD, B.; KLEMETSDAL, G. Longitudinal analysis of clinical mastitis at different stages of lactation in Norwegian cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 88, p. 251–261, 2004.

COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; MACHADO, C.H.C.; FREITAS, A.F.; PACKER, I.U.; COBUCCI, J.A. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com modelos de repetibilidade e

regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, p. 1519-1530, 2005.

COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; PACKER, I.U.; FREITAS, A.F.; TEIXEIRA, N.M.; COBUCI, J.A. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, p. 602-608, 2008.

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

HERINGSTAD, B.; KLEMETSDAL, G.; RUANE, J. Selection for mastitis resistance in dairy cattle: a review with focus on the situation in the Nordic countries. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 64, p. 95–106, 2000.

HERINGSTAD, B.; CHANG, Y.M.; GIANOLA, D.; KLEMETSDAL, G. Genetic analysis of longitudinal trajectory of clinical mastitis in first-lactation Norwegian cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, p. 2676–2683, 2003.

HINRICHS, D.; STAMER, E.; JUNGE, W.; KALM, E. Genetic analyses of mastitis data using animal threshold models and genetic correlation with production traits. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 88, p. 2260–2268, 2005.

HINRICHS, D.; BENNEWITZ, J.; STAMER, E.; JUNGE, W.; KALM, E.; THALLER, G. Genetic analysis of mastitis data with different models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, p. 471–478, 2011.

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**, Champaign, v. 80, p. 1217–1226, 1997.

JENSEN, J. Genetic evaluation of dairy cattle using test day models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 84, p. 2803–2812, 2001.

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

KLEI, L.; YUN, J.; SAPRU, A.; LYNCH, J.; BARBANO, D.; SEARS, P.; GALTON, D. Effects of milk somatic cell count on cottage cheese yield and quality. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 81, p. 1205–1213, 1998.

KOIVULA, M.; NOUSIAINEN, J.I.; NOUSIAINEN, J.; MÄNTYSAARI, E.A. Use of herd solutions from a random regression test-day model for diagnostic dairy herd management. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 2563–2568, 2007

LIU, Y.X.; ZHANG, J.; SCHAEFFER, L.R.; YANG, R.Q.; ZHANG, W.L. Short communication: optimal random regression models for milk production in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 89, p. 2233-2235, 2006.

LÓPEZ-ROMERO, P.; REKAYA, R.; CARABANO, M.J. Bayesian comparison of test-day models under different assumptions of heterogeneity for the residual variance: the change point technique versus arbitrary intervals. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 121, p. 14–25, 2004.

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

_____. WOMBAT: a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML, J. Zhejiang Uni. **SCIENCE B** 8: 815–821, 2007. [doi:10.1631/jzus.2007.B0815].

_____. WOMBAT: digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: **WORLD CONGRESS GENETICS APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION**, 8., 2006. **Proceedings...** (Communication, 27–14).

MRODE, R.A.; SWANSON, G.J.T. Estimation of genetic parameters for somatic cell count in the first three lactations using random regression. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 79, p. 239–247, 2003.

ØDEGÅRD, J.; JENSEN, J.; KLEMETSDAL, G.; MADSEN, P.; HERINGSTAD, B. Genetic analysis of somatic cell score in Norwegian cattle using random regression test-day models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, p. 4103–4114, 2003.

PEREIRA, A.R.; PRADA E SILVA; L.F.; MOLON, L.K.; MACHADO, P.F.; BARANCELLI, G. Efeito do nível de células somáticas sobre os constituintes do leite. I. Gordura e proteína. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, São Paulo, v. 36, n. 3, 1999. Disponível em: <http://www.revistasusp.sibi.usp.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1413-95961999000300003&lng=pt&nrm=iso>. Acesso em: 10 out. 2011.

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

SANTOS, M.V.; MA, Y.; BARBANO, D.M. Effect of somatic cell count on proteolysis and lipolysis in pasteurized fluid milk during shelf-life storage. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, p. 2491–2503, 2003.

SCHAEFFER, L.R. **Random regression models**. 2000. Disponível em: <<http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABModels/NOTES/RRM14a.pdf>>. Acesso em: 07 out. 2011.

_____. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 86, p. 35–45, 2004.

SEWALEM, A.; MIGLIOR, F.; KISTEMAKER, G.J.; VAN DOORMAAL, B.J. Analysis of the relationship between somatic cell score and functional longevity in Canadian dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 89, p. 3609–3614, 2006.

SHOOK, G.E. Selection for disease resistance. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 72, p. 1349–1362, 1989.

SHOOK, G.E.; SCHUTZ, M.M. Selection on somatic cell score to improve resistance to mastitis in the United States. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 77, p. 648-658, 1994.

THOLON, P.; QUEIROZ, S.A. Estimation of (co)variance components and genetic parameters for weights of red-winged tinamou using random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 40, n. 4, p. 781-787, 2011.

WINDIG, J.J.; OUWELTJES, W.; TEN NAPEL, J.; DE JONG, G.; VEERKAMP, R.F.; HAAS, Y. de. Combining somatic cell count traits for optimal selection against mastitis. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 93, p. 1690–1701, 2010.