

ALI WILLIAM CANAZA CAYO

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DA PRODUÇÃO DE LEITE E DE
CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE BOVINOS DA RAÇA
GIROLANDO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

**VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2013**

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

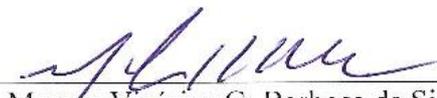
T	Canaza Cayo, Ali William, 1968-
C213a	Avaliação genética da produção de leite e de características reprodutivas de bovinos da raça girolando / Ali William Canaza Cayo. – Viçosa, MG, 2013.
2013	ix, 119 f. : il. ; 29 cm.
	Orientador: Paulo Sávio Lopes. Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa. Inclui bibliografia.
	1. Girolando (Bovino) - Genética. 2. Girolando (Bovino) - Reprodução. 3. Leite - Produção. 4. Lactação. 5. Análise de regressão. 6. Modelos matemáticos. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Zootecnia. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.
	CDD 22. ed. 636.20821

ALI WILLIAM CANAZA CAYO

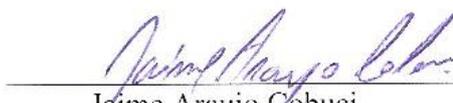
**AVALIAÇÃO GENÉTICA DA PRODUÇÃO DE LEITE E DE
CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE BOVINOS DA RAÇA
GIROLANDO**

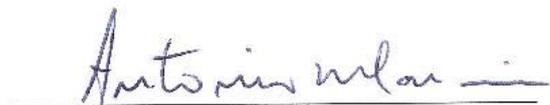
Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

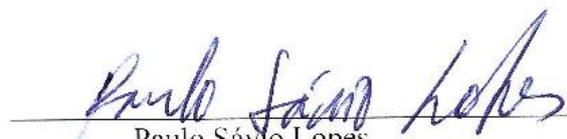
APROVADA: 14 de maio de 2013


Marcos Vinícius G. Barbosa da Silva
(Coorientador)


Fabyano Fonseca e Silva


Jaime Araujo Cobuci


Antonio Policarpo Souza Carneiro


Paulo Sávio Lopes
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização do curso de Doutorado.

Ao Programa de Estudantes-Convênio de Pós-Graduação (PEC-PG) da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

À Embrapa Gado de Leite e à Associação Brasileira dos Criadores de Girolando, pelo fornecimento de dados para a realização desta tese.

Ao meu orientador, Professor Paulo Sávio Lopes, pela orientação, pela amizade, paciência e atenção dedicadas e pelos ensinamentos.

Aos meus coorientadores, Doutor Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva, Professor Jaime Araújo Cobuci e Professor Robledo de Almeida Torres pelas valiosas contribuições para a conclusão deste trabalho.

Aos colegas de pós-graduação, pela amizade e por toda a ajuda.

SUMÁRIO

	Pág.
RESUMO.....	vi
ABSTRACT.....	viii
INTRODUÇÃO.....	1
REVISÃO DE LITERATURA.....	5
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	15
CAPÍTULO 1.....	19
ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DA RAÇA GIROLANDO.....	19
RESUMO.....	19
ABSTRACT.....	20
INTRODUÇÃO.....	21
MATERIAL E MÉTODOS.....	22
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	25
CONCLUSÕES.....	31
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	32
CAPÍTULO 2.....	34
EFEITO DA INCLUSÃO OU NÃO DE LACTAÇÕES CURTAS E DO GRUPO GENÉTICO DA VACA E/OU DA MÃE DA VACA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DA RAÇA GIROLANDO.....	34
RESUMO.....	34
ABSTRACT.....	35
INTRODUÇÃO.....	36
MATERIAL E MÉTODOS.....	37
RESULTADOS.....	40
DISCUSSÃO.....	43
CONCLUSÕES.....	46
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	48

CAPÍTULO 3	50
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE E CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM VACAS GIROLANDO DO BRASIL	50
RESUMO.....	50
ABSTRACT.....	51
INTRODUÇÃO.....	52
MATERIAL E MÉTODOS.....	53
RESULTADOS.....	55
DISCUSSÃO.....	58
CONCLUSÕES.....	64
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	65
CAPÍTULO 4	69
ESTIMATIVAS DE TENDÊNCIAS GENÉTICAS PARA A PRODUÇÃO DE LEITE E CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM BOVINOS GIROLANDO NO BRASIL	69
RESUMO.....	69
ABSTRACT.....	70
INTRODUÇÃO.....	71
MATERIAL E MÉTODOS.....	72
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	75
CONCLUSÕES.....	89
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	90
CAPÍTULO 5	92
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE E PERSISTÊNCIA DA LACTAÇÃO UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EM BOVINOS GIROLANDO	92
RESUMO.....	92
ABSTRACT.....	93
INTRODUÇÃO.....	94
MATERIAL E MÉTODOS.....	95

RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	101
CONCLUSÕES.....	114
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	116
CONCLUSÕES GERAIS.....	119

RESUMO

CANAZA CAYO, Ali William, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2013. **Avaliação genética da produção de leite e de características reprodutivas de bovinos da raça Girolando**. Orientador: Paulo Sávio Lopes. Coorientadores: Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva e Robledo de Almeida Torres.

Os objetivos do presente trabalho foram: *i*) avaliar a estrutura genética da população e a diversidade genética, *ii*) avaliar o efeito da inclusão ou não de lactações curtas e o efeito do grupo genéticos da vaca (GGV) e/ou da mãe (GGM) em modelos para avaliação genética da produção de leite (PL305) e características reprodutivas, *iii*) estimar herdabilidades e associações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre PL305 e as características reprodutivas, *iv*) estimar as tendências genéticas para PL305 e características reprodutivas, e *v*) estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle (PLDC) via modelo de regressão aleatória (MRA) e avaliar diferentes medidas de persistência da lactação em bovinos Girolando. As características reprodutivas estudadas foram: a idade ao primeiro parto (IPP), o primeiro intervalo de partos (PIDP) e a duração do período seco (DPS). Os coeficientes da estrutura da população e diversidade genética foram obtidos por meio do programa Endog, enquanto as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para todas as avaliações genéticas foram obtidas por meio do programa Wombat. O coeficiente de endogamia médio e o coeficiente de relação médio da população Girolando foram 0,11 e 0,13%, respectivamente. O tamanho efetivo da população considerando a geração completa traçada foi 188, estando acima do nível crítico. As estimativas de herdabilidade para PL305, IPP e PIDP oscilaram de 0,23 a 0,29, de 0,40 a 0,44 e de 0,13 a 0,14, respectivamente, sem inclusão de lactações curtas; e de 0,23 a 0,28, de 0,39 a 0,43 e de 0,13 a 0,14, respectivamente, com inclusão. Os modelos que incluíram os efeitos fixos GGV ou GGM tiveram maiores estimativas de herdabilidade para todas as características estudadas, do que os modelos que consideraram esses dois efeitos simultaneamente (GGV e GGM). As estimativas de herdabilidade foram semelhantes entre análises uni e bi-características, e oscilaram de 0,20 a 0,28, 0,00 a 0,08 e 0,07 a 0,14, para PL305, PIDP e DPS, respectivamente, enquanto que da IPP foi 0,20. As correlações genéticas entre PL305 com IPP (-0,49) ou DPS (-0,40 a -0,79) mostraram associação favorável. No entanto, verificou-se associação genética antagônica entre

PL305 e PIDP (0,59) na primeira parição, embora com baixa acurácia. As correlações fenotípicas e de ambiente entre PL305 com IPP ou DPS mostraram associação favorável (-0,25 a -0,42 e -0,14 a -0,44, respectivamente). A mudança genética anual para PL305 e IPP ao se combinar as quatro trajetórias de seleção foram de 7,40 kg leite/ano e -0,13 dias/ano, durante o período de 1979 a 2007. Os critérios de qualidade de ajuste utilizados indicaram o MRA empregando polinômios de Legendre das ordens 3 e 5 para os ajustes dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, como o melhor modelo que descreveu a variação dos efeitos aleatórios. As estimativas de herdabilidade e de correlações genéticas para PLDC ao longo da lactação, obtidas com o modelo selecionado, variaram de 0,18 a 0,23 e -0,03 a 1,00, respectivamente. Entre nove medidas de persistência de lactação a medida PS₇ apresentou maior estimativa de herdabilidade e menor correlação genética com a PL305. Conclui-se que a endogamia, nos rebanhos da raça Girolando, foi de pequena magnitude, indicando que as práticas de acasalamento foram adequadas durante o período avaliado; a inclusão dos registros de lactações curtas causa pouca variação nos componentes de variância e nas herdabilidades das características estudadas, e recomenda-se a utilização do modelo com efeito fixo de GGV e inclusão de registros provenientes de lactações curtas na avaliação genética para PL305, IPP e PIDP de bovinos da raça Girolando; observou-se associação genética antagônica entre PL305 e a PIDP, indicando que a ênfase da seleção para produção de leite, teria como resposta correlacionada, aumento do intervalo de partos, as amplas variações genéticas para produção de leite e características reprodutivas podem permitir ganhos genéticos moderados, contribuindo, ao longo prazo para melhoria da eficiência produtiva e reprodutiva dos rebanhos Girolando; os resultados de tendências genéticas mostraram que o programa de melhoramento genético da raça promoveu melhoria na produção de leite e redução na idade da vaca no primeiro parto, não tendo impacto sobre o primeiro intervalo de partos das vacas Girolando; o uso da medida de persistência (PS₇) proposta por Kistemaker (2003), de sob MRA empregando funções polinomiais de ordens 3 e 5 para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente seria a opção mais adequada para a avaliação da persistência de lactação de animais da raça Girolando.

ABSTRACT

CANAZA CAYO, Ali William, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2013.
Genetic evaluation of milk yield and reproductive traits in Girolando cattle.
Adviser: Paulo Sávio Lopes. Co-advisers: Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva and Robledo de Almeida Torres.

The objectives of the present study were: i) to evaluate the genetic structure and diversity of the population; ii) to evaluate the effect of inclusion or non-inclusion of short-lactations and the effect of the cow (CBG) and/or dam (DBG) breed groups in models for genetic evaluation of 305-day milk yield (305MY) and reproductive traits; iii) to estimate heritability and genetic, phenotypic and environmental correlations between 305MY and the reproductive traits; iv) to estimate the genetic trends for 305MY and reproductive traits; and v) to estimate the (co)variance components and genetic parameters for test-day milk yield (TDMY) via random regression model (RRM) and evaluate different measures of lactation persistency in Girolando cattle. The reproductive traits studied were age at first calving (AFC), first calving interval (FCI) and length of the dry period (LDP). The coefficients of population structure and genetic diversity were obtained with software Endog, whereas the estimates of the (co)variance components and genetic parameters were obtained with the program Wombat. Inbreeding and average relatedness coefficients of the Girolando population were 0.11 and 0.13%, respectively. The estimate of effective population size considering the complete generations traced was 188, which is above the critical level. The heritability estimates for 305MY, AFC and FCI varied from 0.23 to 0.29, from 0.40 to 0.44 and from 0.13 to 0.14, respectively, without the inclusion of short lactations; and from 0.23 to 0.28, from 0.39 to 0.43 and from 0.13 to 0.14, respectively, when they were included. The models which included the fixed effects of CBG or DBG had higher heritability estimates for all traits studied than the models that considered both effects simultaneously (CBG and DBG). The heritability estimates were similar between the single- and bi-trait analyses, and varied from 0.20 to 0.28, 0.00 to 0.08 and 0.07 to 0.14, for 305MY, FCI and LDP, respectively, whereas for AFC it was 0.20. The genetic correlations between 305MY with AFC (-0.49) or LDP (-0.40 to -0.79) showed favorable association. However, antagonistic genetic association was verified between 305MY and FCI (0.59) at the first calving, although with low accuracy. The phenotype and environment correlations between

305MY and AFC or LDP showed favorable association (-0.25 to -0.42 and -0.14 to -0.44, respectively). The annual genetic change in 305MY and AFC when the four selection paths were combined were 7.40 kg milk/year and -0.13 days/year in the period from 1979 to 2007. The fit quality criteria adopted indicated the RRM with Legendre polynomials of orders 3 and 5 to model the additive genetic and permanent environment effects, respectively, as the best model to describe the variation of the random effects. The heritability and genetic correlation estimates for TDMY throughout the lactation, obtained with the chosen model, varied from 0.18 to 0.23 and -0.03 to 1.00, respectively. Among nine measures of lactation persistency, PS7 showed highest heritability estimate and lowest genetic correlation with 305MY. In conclusion, the inbreeding in the Girolando breed was of small magnitude, indicating that the mating practices were appropriate during the period assessed; the inclusion of short-lactation records causes little variation in the variance components and in the heritabilities of the studied traits, and it is recommended to use the model with fixed effect of CBG and inclusion of records from short-lactations in the genetic evaluation for 305MY, AFC and FCI of Girolando cattle; antagonistic genetic association between 305MY and AFC was observed, indicating that the emphasis of selection for milk yield would have increased calving interval as a correlated response, and a wide genetic variation for milk production and reproductive traits can allow for moderate genetic gains, thereby contributing, in the long term, to improvement in productive and reproductive efficiency in the Girolando herds; the results of genetic trends showed that the genetic improvement program of the breed promoted improvement in milk yield and reduction in the age of the cow at first calving, not having an impact on the first calving interval of Girolando cows; the use of the measure of persistency (PS₇) proposed by Kistemaker (2003) with RRM employing Legendre polynomial functions of the third and fifth orders for the additive genetic and permanent environmental effects, respectively, would be the most suitable option for the evaluation of lactation persistency in Girolando animals.

INTRODUÇÃO GERAL

A produção de gado de leite em países tropicais como o Brasil baseia-se principalmente no uso de animais mestiços *Bos taurus* × *Bos indicus*, sendo a raça Holandesa a mais usada na composição racial dos rebanhos. Entretanto, durante os últimos anos, a participação da raça Holandesa teve queda acentuada, enquanto a de outras raças, como a Gir Leiteiro, a Jersey e a Girolando, aumentou expressivamente nos rebanhos leiteiros do Brasil.

A raça Girolando é uma das raças leiteiras desenvolvidas no Brasil pelo cruzamento das raças Gir Leiteiro e Holandesa. Os cruzamentos começaram na década de 1940 com o intuito de produzir animais que aliassem a alta capacidade de produção de leite do gado Holandês e a rusticidade da raça Gir. Em 1989, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), juntamente com as Associações representativas, traçou as normas para formação do Girolando - Gado Leiteiro Tropical (5/8 Holandês + 3/8 Gir), transformando o gado Girolando em prioridade nos programas de produção leiteira nacionais.

Em 2012, a raça Girolando completou 23 anos de existência, e os resultados têm sido impressionantes. A venda de sêmen de animais dessa raça no Brasil chegou à marca de 501.199 doses comercializadas em 2012, com aumento de 22,72% em relação ao ano de 2011 (ASBIA, 2013). Além disso, entre os anos 2000 e 2011, houve incremento de 15,7% na produção de leite de vacas Girolando (Silva et al., 2012). Com a grande aceitação da raça no Brasil, 80% do leite produzido provêm de animais Girolando, que são capazes de manter bom nível de produção em diferentes sistemas de manejo e de condições climáticas (ABCG, 2012).

Embora este cenário pareça favorável para a bovinocultura do Brasil, a elevação nos custos de produção e alguns problemas associados à interação entre as características produtivas e reprodutivas e ao seu impacto nos programas de melhoramento genético têm desafiado a pecuária leiteira na busca por ganhos em produtividade. Além disso, as dificuldades operacionais, o custo relativamente alto do controle leiteiro e os poucos estudos desenvolvidos para a obtenção das estimativas de tendências genéticas no desempenho produtivo e reprodutivo ao longo das gerações são problemas adicionais que precisam ser abordados em estudos com a raça Girolando.

Nas últimas décadas, houve aumento expressivo do melhoramento genético em populações de gado leiteiro em diferentes regiões do país. Esse progresso deve-se à identificação e à consequente disponibilização de reprodutores superiores por meio da inseminação artificial. Em seguida, surgiram novas tecnologias reprodutivas, como transferência de embriões e fertilização *in vitro*, as quais permitiram o aumento das taxas reprodutivas com a diminuição do intervalo de gerações. No entanto, os retornos genéticos e econômicos dessas tecnologias continuam sujeitos à pressão de seleção imposta sobre os reprodutores e matrizes usados, repercutindo no desempenho reprodutivo desses animais.

A seleção é o principal fator contribuinte à perda de diversidade genética de uma população, pelo aumento da endogamia. O nível de endogamia, assim como seu efeito em características de produção e reprodução em bovinos leiteiros, tem sido objeto de estudos de muitos pesquisadores. Embora a população Girolando seja de recente formação, é necessário o monitoramento dos níveis de endogamia para o sucesso do programa de melhoramento.

Por outro lado, o melhoramento da produtividade do rebanho leiteiro é complicado, devido às relações antagônicas entre produção de leite e características reprodutivas, as quais, se ignoradas, podem resultar em baixa, tanto em produtividade como em respostas à seleção (Kadarmideen et al., 2003; Val et al., 2004; Sewalem et al., 2010). Em regiões tropicais e subtropicais, alguns estudos sobre esse fenômeno relatam que o antagonismo genético entre produção e fertilidade encontrada no gado Holandês persiste também em populações de gado mestiço (Silva et al., 1998; Wenceslau et al., 2000; Balieiro et al., 2003). Um aumento significativo da produtividade poderia, portanto, ser factível caso a atenção fosse voltada para os problemas de ineficiência reprodutiva.

Outra causa da baixa produtividade está associada às lactações curtas, próprias de rebanhos zebuínos, que elevam os custos indiretos, devido ao uso de animais improdutivos. Apesar dessas lactações comumente estarem associadas a vacas de raças zebuínas, têm sido observadas em vacas de grupos de cruzamento com a raça Holandesa no Brasil, daí a necessidade de se avaliar os efeitos dessas lactações sobre os parâmetros genéticos na raça Girolando.

Na raça Girolando, a avaliação genética das características produtivas baseia-se na comparação do desempenho dos animais, geralmente utilizando as produções acumuladas até 305 dias de lactação (PL305). No entanto, na determinação da PL305 não são consideradas as mudanças nos fatores ambientais que possam estar influenciando a produção em determinados períodos da lactação e pode haver projeção injustificada das lactações incompletas. Desse modo, é preciso adotar outras metodologias que suplantem essas dificuldades.

Metodologias que utilizam diretamente os registros de produção de leite no dia de controle (Modelos de Regressão Aleatória) têm sido propostas nos últimos anos e podem contornar os problemas de se utilizar a PL305. Nesses modelos, não são necessários os procedimentos de extensão ao longo da lactação e os efeitos ambientais temporais podem ser contabilizados (Ptak & Schaeffer, 1993). Uma vantagem adicional dessa metodologia é a possibilidade de se avaliar a persistência da lactação de cada animal, definida como a capacidade do animal em manter a produção de leite após o pico, de modo que vacas com menores declínios na curva de lactação têm alta persistência. A persistência da produção de leite é uma característica ainda muito pouco estudada na raça Girolando, o que tornam necessárias mais pesquisas para melhor compreensão de seu impacto nas avaliações genéticas da raça.

Os estudos de tendência genética em populações de bovinos leiteiros são importantes, pois possibilitam observar se os programas de seleção são efetivos ao longo do tempo (Euclides et al., 2000; Santana Júnior et al., 2010), no entanto, pouco tem sido estudado quanto às tendências genéticas de características produtivas e reprodutivas em bovinos Girolando. É necessário, portanto, analisar as tendências genéticas dessas características ao longo do tempo para avaliar o progresso genético alcançado nos últimos 23 anos de existência da raça Girolando e, assim, avaliar o resultado do programa de seleção adotado. É neste contexto que este trabalho foi realizado com os seguintes objetivos:

- 1) Avaliar a estrutura genética da população e a diversidade genética de bovinos Girolando.

- 2) Avaliar o efeito da inclusão de lactações curtas em modelos para avaliação genética da produção de leite e de características reprodutivas (idade ao primeiro parto e primeiro intervalo de partos) em bovinos Girolando.
- 3) Estimar herdabilidades e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais entre produção de leite e as características reprodutivas (idade ao primeiro parto, intervalo de partos e duração do período seco) em bovinos Girolando.
- 4) Estimar tendências genéticas para produção de leite e características reprodutivas (idade ao primeiro parto e primeiro intervalo de partos) em bovinos Girolando.
- 5) Estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle via modelo de regressão aleatória, e avaliar diferentes medidas de persistência da lactação em bovinos Girolando.

REVISÃO DE LITERATURA

A raça Girolando

A raça Girolando é uma raça leiteira desenvolvida no Brasil pelo cruzamento das raças Gir e Holandesa. Os cruzamentos foram iniciados na década de 40 com o intuito de se obterem animais que aliassem a alta capacidade de produção de leite do gado Holandês e a rusticidade da raça Gir.

Em 1989, a Associação Brasileira dos Criadores de Girolando obteve registro junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) e passou a conduzir o programa de formação da Raça Girolando - Gado Leiteiro Tropical (5/8 Holandês + 3/8 Gir), transformando-o em prioridade nos programas de produção leiteira nacionais. O teste de progênie da raça Girolando começou a ser realizado em 1997 em parceria da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG) com a Embrapa Gado de Leite. Em 2007, foi implantado o Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG), uma interação dos programas já existentes na associação.

Endogamia e estrutura genética da população

A endogamia é o acasalamento de indivíduos aparentados entre si por descendência e tem como consequência aumento na homozigose para alelos idênticos por descendência (IBD) na população. A proporção de genes IBD, geralmente designada como coeficiente de endogamia, ou F , pode ser calculada para determinada população por meio do conhecimento do *pedigree*. A população-base é composta de fundadores, animais cujos pais são assumidos como desconhecidos e, portanto, considerados independentes e não-endogâmicos (Falconer & Mackay, 1996). O F depende do tamanho efetivo da população e, quanto menor o tamanho da população em gerações anteriores, maior o número de ancestrais comuns e maior o coeficiente de endogamia (Breda et al., 2004).

Uma medida alternativa do F é a taxa de endogamia (ΔF), definida como o incremento do F por geração. Essa medida é importante nos programas de melhoramento, uma vez que mede quantas gerações uma população pode ser mantida antes de atingir o nível crítico de endogamia (Tullo, 2012), sendo estimada regredindo-se os coeficientes de endogamia individuais sobre o número equivalente

de gerações completas. A ΔF pode, então, ser utilizada para estimar o número ou tamanho efetivo da população (N_e).

A finalidade do N_e é estimar o número de animais que produziriam a taxa de endogamia observada na população caso estes fossem criados sob condições ideais na geração corrente. Características de uma população ideal incluem: igual variância em tamanho de família, grande número de reprodutores, acasalamento ao acaso, igual proporção entre os sexos, ausência de seleção, mutação ou migração, e gerações discretas (Falconer & Mackay, 1996). Desvios dessas condições ideais podem ser quantificados por meio do N_e na população. Embora o N_e considere a maioria dos processos genéticos descritos anteriormente, quando estimado a partir da média do ΔF , não inclui a perda de diversidade genética devida à deriva genética ou amostragem de pais selecionados.

O coeficiente de relação médio (AR) é outro indicador do grau de endogamia na população, o qual é definido como a probabilidade de um alelo qualquer tomado ao acaso na população pertencer a determinado indivíduo e pode ser utilizado como alternativa ao F, uma vez que leva em consideração a porcentagem do *pedigree* de um fundador (Gutierrez & Goyache, 2005).

O número efetivo de fundadores (f_e) e o número efetivo de ancestrais (f_a) são coeficientes importantes que permitem descrever a variabilidade genética de uma população. O primeiro representa o número de animais com igual contribuição, que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada, enquanto o segundo representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) necessários para se explicar a diversidade genética total da população estudada (Gutierrez & Goyache, 2005).

Estudos sobre diversidade genética e estrutura de população são amplamente relatados na literatura. No Brasil, Reis Filho et al. (2010), ao trabalharem com a raça Gir relataram valores de F médio e N_e de 2,82% e 35,41, respectivamente, e concluíram que esses valores deveriam ser considerados nas decisões de acasalamento, a fim de se reduzir a endogamia em gerações futuras. Peixoto et al. (2010) observaram valores de 0,9%, 1,1%, 98 e 101 para F, AR, N_e e f_a , respectivamente, na raça Guzerá e concluíram que, embora os valores médios de F e AR tenham sido baixos, os valores reduzidos do N_e e f_a estariam indicando risco de

aumento do F e da deriva genética e consequente perda de variabilidade. Paiva et al. (2007), por sua vez, em estudo com a raça Holandesa, relataram valores de 0,38% e 31,92 para F e N_e , respectivamente, concluindo que essas estimativas podem ser consideradas baixas e satisfatórias.

Lactações curtas

Em países de clima tropical, como o Brasil, a maior parte da produção de leite é obtida com a utilização de animais mestiços oriundos dos cruzamentos entre raças europeias e zebuínas, uma vez que, devido às condições próprias do clima tropical, não é possível obter o desempenho adequado das raças leiteiras de climas temperados. Animais mestiços são preferidos, por sua maior tolerância ao calor, baixa taxa metabólica, resistência a doenças e parasitas, entre outros fatores. No entanto, sua produtividade é tipicamente baixa se comparada à de animais de clima temperado. Uma das causas desta baixa produtividade está associada às lactações curtas, próprias de animais zebuínos e de seus cruzamentos. Apesar de estarem comumente associadas a vacas de raças zebuínas, lactações curtas têm sido relatadas em vacas de grupos de cruzamento com gado Holandês no Brasil. Essa diferença poderia estar associada a fatores genéticos e não-genéticos (Madalena, 1988; Mello et al., 1994).

As lactações curtas elevam os custos indiretos e, embora sua incidência seja reconhecida como um problema sério, não existem procedimentos adequados para se evitá-las. Os procedimentos usualmente utilizados são o ajuste da produção para a duração da lactação; a exclusão das lactações curtas e o uso de todas as observações sem ajuste para a duração da lactação (Madalena et al., 1988). Madalena et al. (1992), ao trabalharem com animais mestiços das raças Holandesa e Guzerá no Brasil, avaliaram estes três procedimentos de ajuste das lactações curtas e concluíram que: a remoção da variação na duração da lactação reduziu a diferença na produção de leite entre os grupos genéticos, a menos que a correlação entre produção de leite e duração da lactação seja baixa; o ajuste da produção de leite para a duração da lactação produzirá estimativas viesadas e reduzidas da diferença aditiva entre as raças quando estas diferirem na duração da lactação e produzirá estimativas viesadas e reduzidas da heterose quando houver heterose para a duração da lactação; estimativas viesadas similares são esperadas a partir da remoção das lactações curtas, e a magnitude deste viés dependerá da proporção de registros eliminados; uma

avaliação mais realística destes animais será obtida se não houver ajuste da produção ou composição do leite para a duração da lactação.

Vercesi-Filho et al. (2007) observaram alta correlação genética entre produção de leite e duração da lactação (0,93) em gado leiteiro mestiço no Brasil e isso indica que não se deve descartar lactações curtas, encerradas normalmente, das avaliações genéticas. Nas avaliações genéticas, no entanto, a omissão destas lactações curtas tem sido prática quase padrão na edição de registros de produção de leite por meio de fatores de ajuste, não sendo relatada muitas vezes a proporção de animais excluídos. A definição de "curta" é variável e aparentemente arbitrária, mas limites mínimos no intervalo de 120-210 dias têm sido usados em gado criado nas regiões tropicais da América Latina para quantificar a variação genética da produção de leite. No entanto, essa prática leva a parâmetros genéticos superestimados da produção de leite e da duração da lactação e diminui a acurácia dos procedimentos de seleção (Madalena et al., 1992; Vaccaro et al., 1999).

Facó et al. (2009) observaram que a eliminação das lactações curtas não promoveu redução na variabilidade genética e, sim, contribuiu para redução substancial da variância residual. Portanto, a eliminação das lactações curtas mostrou-se decisão correta por melhorar a qualidade das avaliações dos animais. Similares tendências foram relatadas por Mackinnon et al. (1996) em pesquisa com gado mestiço do Quênia incluindo ou não lactações curtas menores de 180 dias.

Correlação genética entre produção de leite e características reprodutivas

Correlações genéticas de baixa a moderada entre produção de leite e características reprodutivas têm sido relatadas, porém em direção desfavorável, confirmando relação antagônica entre elas (Castillo-Juarez et al., 2000; Ojango & Pollott, 2001; Pryce et al., 2002; Makgahlela et al., 2007; Sewalem et al., 2010). Por exemplo, Ojango & Pollot (2001), em estudo com bovinos da raça Holandesa do Quênia, relataram correlação genética entre produção de leite e idade ao primeiro parto de 0,54, e isso implica que novilhas mais precoces ao primeiro parto apresentam menor produção médio de leite ao longo das três primeiras lactações. Pryce et al. (2002) e Makgahlela et al. (2007), em estudo com bovinos da raça Holandesa do Reino Unido e da África do Sul, respectivamente, observaram correlações genéticas entre produção de leite e intervalo de parto de 0,67 e 0,52,

respectivamente. Esses resultados indicam que vacas de alto mérito genético para produção de leite têm pior desempenho reprodutivo (maiores intervalos de parto). Além disso, estimativas de correlações genéticas entre produção de leite ajustada para 305 dias de lactação e idade adulta e a taxa de concepção ao primeiro serviço oscilaram de -0,3 a -0,4 (Castillo-Juarez et al., 2000). No entanto, Ruiz-Sánchez et al. (2007) registraram correlações genéticas e fenotípicas entre idade ao primeiro parto e produção de leite ajustada para 305 dias e idade adulta de -0,52 e -0,13, respectivamente, em rebanhos com alto nível de manejo, e de -0,31 e -0,06, respectivamente, em rebanhos com baixo nível de manejo na raça Holandesa dos Estados Unidos.

Relação genética antagônica entre produção de leite e intervalo de parto foi também observada em rebanhos leiteiros do Brasil (Silva et al., 1998; Balieiro et al., 2003). Wenceslau et al. (2000), em trabalho com vacas da raça Gir Leiteiro, relataram correlações genéticas e fenotípicas de 0,49 e 0,18, respectivamente, entre produção de leite até 305 dias de lactação e idade ao primeiro parto, o que indica certa ação gênica comum para idade à primeira parição e produção de leite, sendo esta associação genética antagônica, já que a seleção para as características de produção teriam, como resposta correlacionada, aumento da idade ao primeiro parto. No entanto, estimativas de correlações genéticas favoráveis entre produção de leite e idade ao primeiro parto e intervalo de partos foram também relatadas para rebanhos do Brasil (Silva et al., 2001a; Val et al., 2004; Brcko et al., 2010).

As conclusões dos estudos sobre a relação genética entre produção de leite e as características reprodutivas revelam estimativas diversas, e nem sempre coincidentes, porém na maioria confirma-se um antagonismo entre essas características.

Apesar de a contribuição genética aditiva para as características reprodutivas ser bastante pequena, a relação genética antagônica entre elas e a produção de leite pode levar, a longo prazo, à deterioração do desempenho reprodutivo nos rebanhos leiteiros (Nebel & McGilliard, 1993). De fato, espera-se deterioração da fertilidade ao longo do tempo com o aumento da produção se não forem desenvolvidas adequadas técnicas para melhorar a aptidão reprodutiva (Freeman & Lindberg, 1993). Uma alternativa para reduzir esta deterioração do desempenho reprodutivo seria incluir características reprodutivas nos índices de seleção em programas de melhoramento de gado de leite.

Tendências genéticas

Os melhoristas têm interesse em avaliar o progresso genético anual atingido por determinada característica economicamente importante após aplicar seleção dentro de um programa de melhoramento genético, pois precisam verificar periodicamente a eficiência da seleção praticada, ou seja, se está ocorrendo o progresso genético esperado, para que, caso contrário, sejam tomadas as providências necessárias para que isso aconteça. Esse monitoramento pode ser feito por meio do cálculo de tendências genéticas da população ao longo do tempo, visando não só verificar o progresso genético alcançado, mas também realizar os ajustes necessários (Euclides et al., 2000).

As estimativas de tendências genéticas relatadas para bovinos leiteiros utilizando as quatro vias de seleção [touro pais de touros (SB), vacas mães de touros (DB), touros pais de vacas (SC) e vacas mães de vacas (DC)] são escassas e os valores encontrados têm muita variação. Assim, Ferreira et al. (2006) estimaram tendências genéticas considerando quatro trajetórias de seleção na raça Holandesa. Esses autores obtiveram maior valor de ganho genético anual de 57,7kg/ano para a trajetória SB no período de 1986 a 1991, no entanto, para a trajetória DB, os valores foram negativos e para DC passou de negativo de 1970 a 1985 para 16,9kg/ano de 1986 a 1999. Quando as trajetórias de seleção foram combinadas, o ganho genético anual estimado no período 1970 a 1999 foi 6,71 kg, correspondendo a 0,1% da média.

Durães et al. (2001) avaliaram estimativas de tendência genética para a produção de leite e gordura em rebanhos da raça Holandesa e reportaram estimativas de ganho genético para produção de leite e gordura, de 18,4 e 0,6 kg/ano, respectivamente. A média de produção de leite e gordura aumentou anualmente, variando de 5083 a 6876 kg e de 172,6 a 228,5 kg, respectivamente. Os autores concluíram que, em virtude da baixa tendência genética tanto para leite quanto para gordura observada, deduz-se que os aumentos das médias de produção ocorreram principalmente pela melhoria de manejo e alimentação dos animais.

Boligon et al. (2005) relataram estimativas de tendência genética para produção de leite, produção de gordura e porcentagem de gordura da raça Holandesa no estado do Rio Grande do Sul entre 1984 e 1998. As tendências genéticas estimadas foram de

9,51 kg/ano, 0,11 kg/ano e -0,07%/ano, para produção de leite, produção de gordura e porcentagem de gordura, respectivamente. Os autores concluíram que apesar de positivos, os ganhos genéticos estimados para produção de leite e gordura foram baixos e podem ser aumentados pela implementação de programas de melhoramento genético eficientes que estimulem o produtor a promover aumentos nestas duas características, além daquelas relacionadas à qualidade do leite.

Na raça Gir leiteiro foi observada tendência genética para idade ao primeiro parto de -0,018 mês/ano, além de um ganho acumulado de -0,3 mês ao longo de 17 anos nesta característica. Os autores concluíram que não houve progresso genético para idade ao primeiro parto na raça ao longo dos anos estudados (Santana Júnior et al., 2010).

Silva et al. (2001a) verificaram estimativas de tendências genéticas em vacas do ecótipo Mantiqueira para idade ao primeiro parto, intervalo de parto e período de serviço e descreveram, para touros, estimativas de -0,002 mês/ano, -0,16 dia/ano e -0,17 dia/ano, respectivamente; e, para vacas, de 0,005 mês/ano, -0,13 dia/ano e -0,14 dia/ano, respectivamente. Os autores concluíram que, tanto para touros quanto para vacas, ocorreram pequenos ganhos genéticos ao longo dos anos. Como a seleção é praticada com intuito de aumentar a produção de leite, a idade ao primeiro parto permaneceu inalterada e pequenas mudanças ocorreram no intervalo de parto e período de serviço.

Em outro estudo, os mesmos autores relataram estimativas de tendências genéticas para produção de leite, produção de gordura, duração da lactação e período seco em vacas do ecótipo Mantiqueira avaliadas em três períodos (1952-1976, 1977-1997, 1952-1997) e considerando as quatro trajetórias de seleção. As estimativas para produção de leite, produção de gordura, duração da lactação e período seco durante o primeiro período foram, respectivamente, de 17,18 kg e 17,40 kg, 0,01 e 0,12 kg; 0,74 e 0,62 mês; -1,56 e -1,13 dia, nas trajetórias touros pais de touros e touros pais de vacas. Esses autores concluíram que as tendências genéticas obtidas para produção de gordura, duração da lactação e período de seco foram inexpressivas, o que sugere que a seleção tenha sido direcionada somente para produção de leite (Silva et al., 2001b).

Araujo et al. (2003), em pesquisa com registros de produção da raça Pardo-Suíça, observaram estimativas de tendência genética para as produções de leite e gordura ajustadas à idade adulta e 305 dias de lactação de 33,01 e 1,98 kg/ano, respectivamente, para reprodutores; e de 20,54 e 0,93 kg/ano, respectivamente, para vacas. Os autores concluíram que maiores ganhos genéticos anuais podem ser alcançados para a raça no Brasil, dando-se maior ênfase à utilização de reprodutores provados em programa de avaliação genética nacional.

Modelos de regressão aleatória

As características produtivas em bovinos leiteiros têm sido analisadas tradicionalmente considerando-se a produção acumulada até 305 dias (PL305). Para o cálculo da PL305 são usados fórmulas ou fatores de extensão e a acurácia desses cálculos depende da qualidade desses fatores e da qualidade e quantidade de controles leiteiros disponíveis durante a lactação (Ptak & Schaeffer, 1993). No entanto, o principal problema de se utilizarem fatores de extensão médios é que assume-se que não há variabilidade na forma da curva de lactação dos animais, ocasionando superestimação ou subestimação de suas produções; e a consequência disso é a eliminação de alguma variação genética existente para produção de leite.

Alternativamente, metodologias que utilizam diretamente os registros de produção de leite no dia de controle (Modelos de Regressão Aleatória, MRA) têm sido propostas nos últimos anos e podem contornar os problemas de se utilizar a PL305. O uso das produções no dia do controle possibilita ajuste mais preciso dos efeitos genéticos e ambientais presentes em determinado dia do controle (Ptak & Schaeffer, 1993; Jamrozik et al., 1997). Por serem mais flexíveis em relação à PL305, os MRA deverão ser utilizados em avaliações genéticas futuras. Países como Canadá, Estônia, Finlândia, Suécia e Alemanha já utilizam os MRA em avaliações genéticas de bovinos de leite. Inúmeras vantagens do uso do MRA podem ser destacadas: evitar problemas de extensão e projeções das lactações incompletas e eliminar completamente os fatores de extensão; maximizar a quantidade de informação associada a cada animal, incrementar as acurácias das predições; levar em conta o efeito de ambiente temporário de cada produção no dia do controle individual; e estimar parâmetros genéticos para a persistência da lactação, permitindo modificar geneticamente a curva de lactação (Ptak & Schaeffer, 1993; Jakobsen et al., 2002). A principal desvantagem desses modelos é o aumento do custo

computacional à medida que se aumenta o número de efeitos aleatórios a serem estimados. Contudo, com o avanço da ciência da computação, nos últimos anos, esta desvantagem torna-se irrelevante.

Persistência da produção de leite

Existem diferentes definições da persistência da lactação na literatura, no entanto, ainda não há consenso entre pesquisadores sobre uma definição única. Uma delas define a persistência como a capacidade da vaca em manter o nível de produção de leite após atingir o pico de lactação e está relacionada à redução dos custos de produção (Freitas et al., 2010).

Uma maneira de produzir leite a custos menores é melhorando o nível de persistência na lactação das vacas. Podem ser obtidos ganhos econômicos adicionais por meio do diferencial na produção de leite e vida útil desses animais (Cobuci et al., 2003).

Em alguns estudos observaram-se que as estimativas da herdabilidade e das correlações têm relação ou são dependentes da equação utilizada no cálculo da medida da persistência, e isso sugere que algumas medidas de persistência podem ser melhores que outras, por expressarem biologicamente determinadas mudanças na produção de leite durante o período de lactação das vacas (Dorneles et al., 2009; Freitas et al., 2010).

Dorneles et al. (2009) relataram estimativas de parâmetros genéticos via MRA com polinômios de quarta ordem para três diferentes medidas de persistência e para PL305 de lactação de vacas da raça Holandesa. As estimativas de herdabilidade oscilaram de 0,05 a 0,19 para as medidas de persistência, e foram de 0,25 para a PL305, sugerindo a possibilidade de ganho genético por meio da seleção para uma das medidas de persistência e para PL305; enquanto as correlações genéticas entre as três medidas de persistência e PL305, variaram de -0,05 a 0,07, indicando que persistência e produção são características determinadas por grupos de genes diferentes.

Strabel & Jamrozik (2006), em estudo utilizando registros de produção de leite no dia do controle de vacas Holandesa da Polônia, avaliaram três medidas de persistência sob MRA com polinômios de Legendre. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,07 a 0,18 nas três medidas de persistência.

Biassus et al. (2010) relataram estimativas de parâmetros genéticos para seis medidas de persistência e produção de leite, de gordura e de proteína de vacas da raça Holandesa criadas em rebanhos do estado de Minas Gerais. Os autores utilizaram MRA ajustados com polinômios de Legendre de diferentes ordens (3 a 6). As estimativas de herdabilidade variaram de 0,04 a 0,32; 0,00 a 0,23; e 0,00 a 0,27, para produção de leite, gordura e proteína, respectivamente; enquanto as correlações genéticas entre persistência e produções de leite, de gordura e de proteína em 305 dias variaram de -0,38 a 0,54; -0,39 a 0,97; e -0,78 a 0,67, respectivamente. Os autores concluíram que o uso da medida de persistência proposta por Jakobsen et al. (2002) sob MRA com polinômios de Legendre de ordem 5 a 6 é uma boa alternativa para avaliações genéticas futuras de persistência para produção e composição do leite.

Em recente estudo, Freitas et al. (2010) descreveram estimativas de parâmetros genéticos para seis medidas de persistência da lactação de vacas da raça Guzerá. Os autores utilizaram funções de Ali e Schaeffer e polinômios de Legendre e registraram estimativas de herdabilidade que variaram de 0,20 a 0,42 e de 0,20 a 0,39, respectivamente, enquanto as correlações genéticas entre as medidas de persistência variaram de -0,04 a -0,99 e -0,08 a -0,99, respectivamente. Os autores concluíram que a medida de persistência PS_2 proposta por Jakobsen et al. (2002) é a que mais se adequou à seleção de animais mais persistentes, resultando, contudo, em baixo ganho genético na produção total de leite. Assim, percebeu-se que a persistência de produção de leite apresenta herdabilidade baixa a moderada e as correlações entre medidas de persistência são muito divergentes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Araújo CVA, Torres RA, Rennó FP, Pereira JC, et al. (2003). Tendência Genética para Características Produtivas em Bovinos da Raça Pardo-Suíça. *Rev. Bras. Zootec.* 32(6): 1872–1877.
- Associação Brasileira de Inseminação Artificial - ASBIA (2013). Relatório Anual de importação, exportação e comercialização de sêmen 2012. Disponível em: <<http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/index2012.pdf>> Acesso em: 12 abr. 2013.
- Associação Brasileira de Criadores de Girolando - ABCG (2012). Girolando - A raça mais versátil do mundo tropical. Disponível em: <<http://www.girolando.com.br/site/ogirolando/performance.php>> Acesso em: 12 mai. 2012.
- Balieiro ES, Pereira JCC, Verneque RS, Balieiro JCC, et al. (2003). Estimativas de herdabilidade e correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente entre algumas características reprodutivas e produção de leite na raça Gir. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 55(1): 85–91.
- Biassus IO, Cobuci JA, Costa CN, Rorato PRN, et al. (2010). Persistence in milk, fat and protein production of primiparous Holstein cows by random regression models. *Rev. Bras. Zootec.* 39(12): 2617–2624.
- Boligon AA, Rorato PRN, Ferreira GBB, Weber T, et al. (2005). Herdabilidade e Tendência Genética para as Produções de Leite e de Gordura em Rebanhos da Raça Holandesa no Estado do Rio Grande do Sul. *Rev. Bras. Zootec.* 34(5): 1512–1518.
- Breda FC, Euclides RF, Pereira RAT, Torres RA, et al. (2004). Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. *Rev. Bras. Zootec.* 33(6): 2017–2025.
- Brcko CC, Araújo CV, Araújo SI, Rennó FP, et al. (2010). Estimação de parâmetros genéticos da produção leiteira e idade ao primeiro parto de vacas Pardo-Suíças por meio de inferência bayesiana. *Rev. Ciênc. Agrár.* 53(1): 59–63.
- Castillo-Juarez H, Oltenacu PA, Blake RW, McCulloch CE, et al. (2000). Effect of herd environment on the genetic and phenotypic relationships among milk yield, conception rate, and somatic cell score in Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 83(4): 807–814.
- Cobuci JA, Euclides RF, Pereira CS, Torres RA, et al. (2003). Persistência na lactação - uma revisão. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 11(3): 163–173.
- Dorneles, CKP, Rorato PRN, Cobuci JA, Lopes JS, et al. (2009). Persistência na lactação para vacas da raça Holandesa criadas no Estado do Rio Grande do Sul via modelos de regressão aleatória. *Ciênc. rural.* 39(5): 1485–1491.

- Durães MC, Freitas AF, Valente J, Teixeira NM, et al. (2001). Tendência Genética para a Produção de Leite e de Gordura em Rebanhos da Raça Holandesa no Estado de Minas Gerais. *Rev. Bras. Zootec.* 30(1): 66–70.
- Euclides K, Silva LOC, Alves RGO e Figueredo GR (2000). Tendência genética na raça Gir. *Pesq. Agropec. Bras.* 35(4): 787–791.
- Facó O, Martins Filho R, Lobo RNB, Azevedo DMMR, et al. (2009). Efeito da redução da variação da duração de lactação na avaliação genética de bovinos leiteiros mestiços. *Rev. Ciên. Agron.* 40(2): 287–292.
- Falconer DS e Mackay TFC (1996). Introduction to quantitative genetics. 4th ed. London: Longman Group, 1996. 464p.
- Ferreira WJ, Teixeira NM, Torres RA e Barra RB (2006). Estimação de tendência genética para produção de leite na raça Holandesa no estado de Minas Gerais. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 58(4): 599–606.
- Freeman AE e Lindberg GL (1993). Challenges to dairy cattle management: Genetic considerations. *J. Dairy Sci.* 76(10): 3143–3159.
- Freitas AF, Wilcox CJ e Costa CN (1998). Breed group effects on milk production of Brazilian crossbred dairy cows. *J. Dairy Sci.* 81(8): 2306–2311.
- Freitas LS, Silva MA, Verneque RS, Valente BD, et al. (2010). Avaliação da persistência na lactação da raça Guzera, utilizando modelos de regressão aleatória. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 62(2): 401–408.
- Gutiérrez JP e Goyache F (2005). A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122(3): 172–176.
- Jakobsen JH, Madsen P, Jensen J, Pedersen J, et al. (2002). Genetic Parameters for Milk Production and Persistency for Danish Holsteins Estimated in Random Regression Models using REML. *J. Dairy Sci.* 85(6): 1607–1616.
- Jamrozik J, Kistemaker GJ, Dekkers JCM e Schaeffer LR (1997). Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. *J. Dairy Sci.* 80(10): 2550–2556.
- Kadarmideen HN, Thompson R, Coffey MP e Kossaibatid MA (2003). Genetic parameters and evaluations from single- and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. *Livest. Prod. Sci.* 81(2-3): 183–195.
- Kistemaker GJ (2003) Comparison of persistency definitions in random regression test day models. *Interbull Bulletin*, 30: 96–98.
- López-Romero P e Carabaño MJ (2000). Evaluación de modelos alternativos para el análisis de datos de producción de leche a lactación. *Itea.* 96(A): 318–336.
- Madalena FE (1988). A note on the effect of variation on lactation length on the efficiency of tropical cattle selection for milk yield. *Theor. Appl. Genet.* 76(6): 830–834.

- Madalena FE, Lemos AM e Teodoro RL (1992). Consequences of removing the variation in lactation length on the evaluation of dairy cattle breeds and crosses. *Rev. Bras. Genet.* 15(3): 585–593.
- Mello AA, Penna VM, Madalena FE e Pereira CS (1994). Efeito da eliminação de lactações curtas e do ajuste pela duração da lactação na herdabilidade da produção de leite em um rebanho Gir. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 2(2): 117–123.
- Mackinnon MJ, Thorpe W e Baker RL (1996). Sources of genetic variation for milk production in a crossbred herd in the tropics. *Anim. Sci.* 62(1): 5–16.
- Makgahlela ML, Banga CB, Norris D, Dzama K, et al. (2007). Genetic correlations between female fertility and production traits in South African Holstein cattle. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 37(3): 180–188.
- Nebel RL e McGilliard ML (1993). Interactions of high milk yield and reproductive performance in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 76(10): 3257–3268.
- Ojango JM e Pollott GE (2001). Genetics of milk yield and fertility traits in Holstein-Friesian cattle on large-scale Kenyan farms. *J. Anim. Sci.* 79(7): 1742–1750.
- Paiva ALC, Freitas MS, Yamaki M, Teixeira RB, et al. (2007). Avaliação da endogamia na raça Holandesa no Brasil. 2007. In: ZOOTEC 2007 - congresso brasileiro de zootecnia, 17; congresso internacional de zootecnia, 9; reunião nacional de ensino de zootecnia, 13, Londrina. Anais. Londrina: UEL/ABZ, 1 CD.
- Peixoto MGCD, Poggian CF, Verneque RS, Egito AA, et al. (2010). Genetic basis and inbreeding in the Brazilian Guzerat (*Bos indicus*) subpopulation selected for milk production. *Livest. Sci.* 131(2-3): 168–174.
- Pryce JE, Coffey MP, Brotherstone SH e Woolliams JA (2002). Genetic Relationships Between Calving Interval and Body Condition Score Conditional on Milk Yield. *J. Dairy Sci.* 85(6): 1590–1595.
- Ptak E e Schaeffer LR (1993). Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. *Livest. Prod. Sci.* 34(1): 23–34.
- Reis Filho JC, Lopes PS, Verneque RS, Torres RA, et al. (2010). Population structure of Brazilian Gyr dairy cattle. *Rev. Bras. Zootec.* 39(12): 2640–2645.
- Ruiz-Sánchez R, Blake RW, Castro-Gámez HMA, Sánchez F, et al. (2007). Changes in the association between milk yield and age at first calving in Holstein cows with herd environment level for milk yield. *J. Dairy Sci.* 90(10): 4830–4834.
- Santana Júnior ML, Lopes PS, Verneque RS, Pereira RJ, et al. (2010). Parâmetros genéticos de características reprodutivas de touros e vacas Gir Leiteiro. *Rev. Bras. Zootec.* 39(8): 1717–1722.
- Sewalem A, Kistemaker GJ e Miglior F (2010). Relationship between female fertility and production traits in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 93(9): 4427–4434.

- Silva MVGB, Bergmann JAG, Martinez ML, Pereira CS, et al. (1998). Associação Genética, Fenotípica e de Ambiente entre Medidas de Eficiência Reprodutiva e Produção de Leite na Raça Holandesa. *Rev. Bras. Zootec.* 27(6): 1115–1122.
- Silva MVGB, Cobuci JA, Ferreira WJ, Guaragna GP, et al. (2001a). Respostas Correlacionadas em Características Reprodutivas no Programa de Melhoramento do Ecótipo Mantiqueira para Produção de leite. *Rev. Bras. Zootec.* 30(4): 1228–1235.
- Silva MVGB, Ferreira WJ, Cobuci JA, Guaragna GP, et al. (2001b). Estimativas de Tendência Genética para Características Produtivas em um Rebanho do Ecótipo Mantiqueira. *Rev. Bras. Zootec.* 30(5): 1466–1475.
- Silva MVGB, Paiva LC, Cembranelli MAR, Martins MF, et al. (2012). Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando – Sumário de Touros – Resultado do Teste de Progênie - Julho/2012, Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2012. 52 p. (Embrapa Gado de Leite, Documentos, 154).
- Strabel T e Jamrozik J (2006). Alternative measures of lactation persistency from random regression models with Legendre polynomials, Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 2006 pp. 01-33.
- Tullo E (2012). Selection methodology for a dairy breed in a tropical environment. PhD dissertation, Università Degli Studi di Milano, Italy, 81p.
- Vaccaro L, Velázquez E, Pérez A e Mejías H (1999). Lactation length in Venezuelan dual-purpose cows. *J. Anim. Breed. Genet.* 116(6): 509–517.
- Val JE, Freitas MAR, Oliveira HN, Cardoso VL, et al. (2004). Indicadores de desempenho em rebanho da raça Holandesa: curvas de crescimento e altura, características reprodutivas, produtivas e parâmetros genéticos. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 56(1): 86–93.
- Vercesi Filho AE, Madalena FE, Albuquerque LG, Freitas AF, et al. (2007). Parâmetros genéticos entre características de leite, de peso e a idade ao primeiro parto em gado mestiço leiteiro (*Bos taurus* × *Bos indicus*). *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 59(4): 983–990.
- Wenceslau AA, Lopes PS, Teodoro RL, Verneque RS, et al. (2000). Estimação de Parâmetros Genéticos de Medidas de Conformação, Produção de Leite e Idade ao Primeiro Parto em Vacas da Raça Gir Leiteiro. *Rev. Bras. Zootec.* 29(1): 153–158.

CAPÍTULO 1

ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DA RAÇA GIROLANDO

Resumo - O objetivo neste estudo foi avaliar a estrutura genética da população e a diversidade genética de bovinos da raça Girolando no Brasil. Analisou-se o arquivo de *pedigree* de 26.969 animais, composto de 3.031 machos e 23.938 fêmeas. O nível de conteúdo de informação do *pedigree* na geração atual foi 61%, mostrando ser de qualidade razoável. O coeficiente de endogamia médio e o coeficiente de relação médio da população Girolando foram 0,11 e 0,13%, respectivamente. O tamanho efetivo da população, considerando a geração completa traçada, foi 188, acima do nível crítico. Do total de 9.457 ancestrais que contribuíram para a população de referência, 457 explicaram 50% da variabilidade genética da população. O número efetivo de fundadores foi 551 e o de ancestrais 393. O intervalo médio de geração foi de 5,26 anos, sendo ligeiramente maior nas trilhas gaméticas mãe-filho e pai-filha. A partir dos coeficientes estimados, pode-se concluir que a endogamia nos rebanhos da raça Girolando foi de pequena magnitude e que as práticas de acasalamento foram adequadas durante o período avaliado. No entanto, é importante continuar com o monitoramento desses coeficientes a fim de prevenir perda da diversidade genética.

Palavras chave: coeficiente de endogamia, diversidade genética, Girolando, tamanho efetivo populacional

CHAPTER 1

POPULATION STRUCTURE AND GENETIC DIVERSITY OF THE GIROLANDO BREED

Abstract - The aim of this study was to evaluate the population structure and genetic diversity of Girolando cattle in Brazil. The pedigree file contained 26,969 individuals, from which 3,031 were males and 23,938 were females. The average level of completeness of the pedigree in the current generation was of reasonable quality (61%). Inbreeding and average relatedness coefficients were low: 0.11 and 0.13%, respectively. Estimates of effective population size considering the full generations traced was 188, which is above the critical level range. The number of ancestors that contributed to the reference population was 9,457 animals, from which 457 explained 50% of the genetic variability of the population. The effective number of founders and the effective number of ancestors in this population were, respectively, 551 and 393. The average generation interval was 5.26 years, slightly higher in genetic pathways dam-son and sire-daughter. The inbreeding in the Girolando breed was of small magnitude, indicating that the current practices of mating were adequate during the study period. However, it is important to continue monitoring these coefficients in order to prevent loss of genetic diversity.

Key words: inbreeding, effective population size, Girolando genetic diversity

INTRODUÇÃO

Por volta das décadas de 1940 e 1950, produtores de gado de leite começaram os cruzamentos entre animais das raças Gir e Holandesa com o intuito de se obterem animais que aliassem a alta capacidade de produção de leite do gado Holandês e a rusticidade da raça Gir.

Em 1989, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), juntamente com as Associações representativas, traçou as normas para formação do Girolando - Gado Leiteiro Tropical ($5/8$ Holandês + $3/8$ Gir), transformando-o em prioridade nos programas de melhoramento genético de gado leiteiro. Em 1996, com a oficialização da raça Girolando pelo MAPA, a Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG) foi encarregada de executar, desenvolver e acompanhar o Registro Genealógico e as Provas Zootécnicas da raça, passando, então, a coletar e avaliar dados de características de produção, reprodução, conformação e manejo (Silva et al., 2010).

Atualmente, o Brasil produz aproximadamente 25 bilhões de litros de leite fluido, sendo o 6º produtor mundial, com o terceiro maior rebanho de vacas leiteiras do mundo, composto de cerca de 15 milhões de cabeças, em sua maioria da raça Girolando, com seus diversos grupos genéticos ou puro-sintéticos $5/8$, responsáveis por mais de 80% do leite produzido no Brasil (ABCG, 2011).

Durante os últimos anos, a intensidade de seleção, principal fator contribuinte do aumento de endogamia, tem sido intensificada na raça Girolando, que, aliada ao uso de novas tecnologias reprodutivas (inseminação artificial, transferência de embriões e fecundação *in vitro*), tem resultado em menor proporção de animais selecionados para serem progenitores da próxima geração. Isso tem acelerado o progresso genético na raça, mas também pode estar reduzindo a diversidade genética pelo aumento da endogamia.

O nível de endogamia, assim como seu efeito em características de produção e de reprodução em bovinos leiteiros, tem sido objeto de estudos de muitos pesquisadores. González-Recio et al. (2007) verificaram que houve depressão endogâmica na população mundial da raça Holandesa, assim como Sørensen et al. (2005) constataram perda significativa na diversidade genética da raça. No Brasil, durante os últimos anos, têm sido publicados numerosos artigos sobre estudos de

endogamia em bovinos de corte (Faria et al., 2010; Malhado et al., 2010) e bovinos leiteiros (Peixoto et al., 2010; Reis Filho et al., 2010). No entanto, ainda não foram publicados estudos de endogamia na raça Girolando.

Este estudo foi realizado com os objetivos de avaliar a estrutura genética da população, particularmente os níveis e as tendências de endogamia, e analisar a diversidade genética de bovinos da raça Girolando do Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados de *pedigree* utilizados foram provenientes do Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Leite e fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG), sob coordenação da Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG). O arquivo de *pedigree* incluiu 26.969 animais da raça Girolando (23.938 fêmeas e 3.031 machos) nascidos entre 1979 e 2008. Desses animais, 10.586 possuíam um ou ambos os pais desconhecidos e 16.383 formaram a população de referência, com ambos os pais conhecidos. O número de animais sem data de nascimento foi 14.530 e maior no período de 1979 a 1987.

As informações de *pedigree* na população Girolando foram avaliadas considerando os seguintes indicadores: i) as gerações de ancestrais conhecidos por geração e o índice de conteúdo de informação do *pedigree*, proposto por MacCluer et al. (1983) como medida global da integridade do *pedigree*, ii) o número de gerações completas traçadas, iii) o número máximo de gerações traçadas; e iv) o número equivalente de gerações completas.

O índice de conteúdo de informação do *pedigree* (PCI), proposto por MacCluer et al. (1983), é uma medida da qualidade do *pedigree* expresso num intervalo de 0 a 1 e calculado para cada animal da seguinte forma:

$$PCI_{\text{animal}} = \frac{2C_{\text{pai}}C_{\text{mãe}}}{C_{\text{pai}} + C_{\text{mãe}}}$$

em que C_{pai} e $C_{\text{mãe}}$ são as contribuições das linhas paternas e maternas, respectivamente. Essas contribuições são calculadas como:

$$C = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i$$

em que a_i é a proporção de ancestrais presentes na geração i e d é o número total de gerações que foram levadas em consideração. Neste estudo, foram consideradas 11 gerações de ancestrais ($d = 11$) e a descrição da abrangência de cada ancestral no *pedigree* foi feita até a quinta geração.

O número de gerações completas (g) traçadas refere-se à geração mais distante em que todos os ancestrais sejam conhecidos, ou seja, que separa a progênie da mais distante geração em que 2^g ancestrais do indivíduo são conhecidos. O número máximo de gerações traçadas é o número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto. O número equivalente de gerações completas, por sua vez, é obtido pelo somatório dos termos $(1/2)^n$ de todos os ancestrais conhecidos, em que n é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido (Gutierrez & Goyache, 2005).

O coeficiente de endogamia (F) foi estimado de acordo com a metodologia de Meuwissen & Luo (1992), que descreve a probabilidade de que um indivíduo carregue dois alelos idênticos por descendência. O incremento de endogamia (ΔF), calculado para cada geração, foi obtido utilizando-se a fórmula descrita por Falconer & Mackay (1996):

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

em que: F_t é o F médio estimado na atual geração; e F_{t-1} , na geração anterior.

O coeficiente de relação médio (AR) de cada animal no *pedigree* foi também calculado. Esse coeficiente é definido como a probabilidade de um alelo qualquer tomado ao acaso na população pertencer a determinado indivíduo (Gutierrez & Goyache, 2005). O AR pode ser interpretado como a representação do animal no *pedigree* completo, independentemente do conhecimento de seu próprio *pedigree*. Para a obtenção dos AR , utilizou-se um algoritmo para obter o vetor c' , em que cada elemento corresponde ao AR do respectivo animal, definido como:

$$c' = (1/n)I'A$$

em que: A é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright (NRM), de tamanho $n \times n$, e I' é um vetor de uns, de ordem $1 \times n$, em que n é o

número de animais (Gutiérrez & Goyache, 2005). A NRM neste estudo incluiu 26.969 animais (23.938 fêmeas e 3.031 machos).

O tamanho efetivo da população (N_e) foi obtido seguindo a proposta de Gutiérrez & Goyache (2005), com baseado no cálculo de coeficientes de regressão (b) do F individual sobre: i) o número de gerações completas traçadas, ii) o número máximo de gerações traçadas, e iii) o número equivalente de gerações completas. Ao considerar o coeficiente de regressão correspondente ao incremento de endogamia entre duas gerações ($F_n - F_{n-1} = b$), tem-se:

$$N_e = \frac{1}{2b}$$

O número efetivo de fundadores (f_e) foi outro coeficiente utilizado para descrever a variabilidade genética da população e é definido como o número de fundadores com contribuições balanceadas que se poderia esperar para produzir a mesma diversidade genética como na população em estudo (Lacy, 1989). O número efetivo de fundadores foi calculado como:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

em que: q_k é a probabilidade de o gene ser originado do fundador k, ou a contribuição marginal do fundador k, ou alternativamente, q_k é o AR do fundador k, e f é o número total de fundadores.

O número efetivo de ancestrais (f_a) complementa as informações fornecidas pelo f_e , contabilizando as perdas de variabilidade genética produzida pelo uso desbalanceado de indivíduos na reprodução. O f_a foi calculado pela fórmula:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2}$$

em que: q_j é a contribuição marginal de um ancestral j (não necessariamente fundador), ou seja, a contribuição genética do ancestral que não é explicada por um ancestral escolhido anteriormente (Boichard et al., 1997). A soma das contribuições marginais de todos os ancestrais é igual a 1. Esses coeficientes (f_e e f_a) permitem levar em conta a perda de variabilidade genética produzida pelo efeito gargalo (f_e/f_a).

Foram calculados também o intervalo de gerações, dado pela média de idade dos pais ao nascimento de sua prole mantida para reprodução e a média de idade dos pais ao nascimento de sua prole utilizada ou não para reprodução (Gutierrez & Goyache, 2005). Esses valores foram calculados para as quatro trajetórias de seleção (touro pais de touros, touros pais de vacas, vacas mães de touros e vacas mães de vacas), considerando-se apenas animais nascidos a partir de 1979 e cujas datas de nascimento foram conhecidas conjuntamente com a de seus pais.

O arquivo de *pedigree* já recodificado foi utilizado para análise dos coeficientes da estrutura da população e diversidade genética, executada pelo programa ENDOG v. 4.8 (Gutierrez & Goyache, 2005). Para o cálculo da média anual de endogamia, foram usados os coeficientes de endogamia dos animais com data de nascimento conhecida.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na primeira geração de ancestrais da população, aproximadamente 38,9% dos animais tiveram ambos os pais desconhecidos, ou seja, a integridade do *pedigree* foi de 61,1% (Figura 1). A porcentagem de avôs e bisavôs de origem paterna foi maior que a daqueles de origem materna, porém houve tendência de a quantidade de informação do *pedigree* dos ancestrais reduzir com o passar das gerações. Na segunda geração de ancestrais, a integridade foi de 32,65% e, nas gerações subsequentes, diminuiu progressivamente para 19,41; 11,00; 5,13; 2,05; 0,69; 0,18 e 0,04%.

O nível de conteúdo de informação do *pedigree* neste estudo, em número de ancestrais conhecidos (61% na atual geração), foi superior aos relatados na literatura. Albuquerque (2010), ao estudar a estrutura populacional de um rebanho da raça Pardo Suíça, no Brasil, observou valores de integridade de *pedigree* iguais a 53,13% (pais) e 50,81% (mães). No Canadá, Stachowicz et al. (2011) relataram valores superiores a 90% para a raça Holandesa.

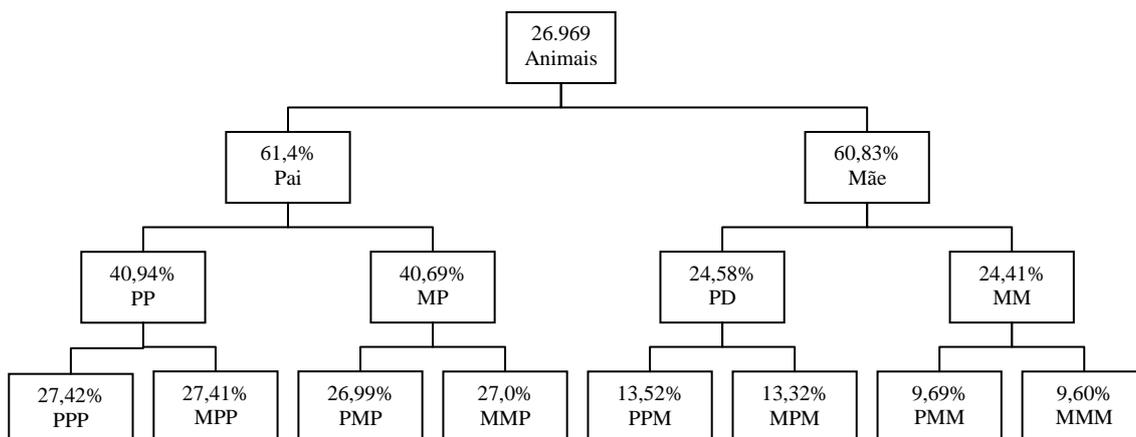


Figura 1. Nível de conteúdo de informação do *pedigree* na população Girolando.

PP é o pai do pai (avô paterno); MP, a mãe do pai (avó paterna); PM, o pai da mãe (avô materno); MM, a mãe da mãe (avó materna); PPP, o pai do PP (bisavô paterno); MPP, a mãe do PP (bisavó paterna); PMP, o pai da MP (bisavô paterno); MMP, a mãe da MP (bisavó paterna); PPM, o pai do PM (bisavô materno); MPM, a mãe do PM (bisavó materna); PMM, o pai da MM (bisavô materno); e MMM, a mãe da MM (bisavó materna).

O PCI médio na população completa de 11 gerações foi igual a 0,12, cujo valor é inferior aos relatados para a raça Holandesa (Sørensen et al., 2005; González-Recio et al., 2007; Stachowicz et al., 2011), os quais são superiores a 0,9. Essas diferenças podem ser atribuídas às quantidades de informação utilizadas nos cálculos, ao número de gerações consideradas e ao tempo da fundação da raça. Tendo em vista a recente formação da raça Girolando (23 anos), o valor encontrado neste estudo pode ser considerado de qualidade razoável, uma vez que o número de gerações completas e o número equivalente de gerações como proporção do número máximo de gerações traçadas foram 27,87 e 45,99%, respectivamente.

O arquivo de *pedigree* incluiu registros de 26.969 animais, tendo um F médio igual a 0,11% (Tabela 1). Do total de animais analisados, 818 (3,03%) eram endogâmicos, com valor médio de F de 3,69%. Dentre os animais endogâmicos, o F médio dos pais foi inferior ao das mães, porém superior ao das vacas (animais sem progênie). O número de animais endogâmicos foi maior na categoria das vacas. O F médio da população completa da raça Girolando foi menor que os relatados no Brasil por Paiva (2006), para a raça Holandesa, Peixoto et al. (2010), para a raça Guzerá Leiteiro, e Reis Filho et al. (2010), para a raça Gir Leiteiro. Em outros países, resultados superiores também foram obtidos nas raças Holandesa e Jersey, por

Sørensen et al. (2005) e González-Recio et al. (2007), respectivamente. O menor valor médio de F encontrado na população Girolando pode ser atribuído ao seu moderado PCI (61%) e também ao patrimônio genético da raça proporcionado pelos animais com distintas composições de Gir e Holandês que continuamente têm sido cadastrados em registro aberto pela ABCG. Esses resultados indicam que o grau de parentesco entre os animais da raça Girolando no Brasil é menor devido ao baixo valor do F médio (0,11%), o qual se encontra abaixo do valor máximo permissível de 6,25% mencionado por Frank (1997), citado por Silva et al. (2001), e corroborado por Mc Parland et al. (2007), que relataram declínios significativos na produção de leite quando o F médio ultrapassa 6,25%. Neste estudo, as proporções de animais com coeficientes de endogamia acima de 6,25% na população completa e na população endogâmica foram 0,43 e 14,3%, respectivamente.

Tabela 1. Níveis de endogamia na população da raça Girolando

	População			Total
	Mães	Pais	Vacas [†]	
Número de animais	13.911	3031	10.027	26969
Número de animais endogâmicos	253	184	381	818
% de animais endogâmicos	1,82	6,07	3,80	3,03
F médio da população (%)	0,10	0,28	0,08	0,11
F médio dos animais endogâmicos (%)	5,59	4,60	1,99	3,69
Coefficiente de relação médio (%)	0,07	0,18	0,21	0,13

[†]animais sem progênie.

O coeficiente de relação médio (AR) na população completa foi 0,13%, ligeiramente maior nas vacas e nos pais e menor nas mães (Tabela 1). O valor médio do AR foi menor que os observados por Peixoto et al. (2010) na raça Guzerá Leiteiro (1,1%), Reis Filho et al. (2010) na raça Gir Leiteiro (2,1%) e Albuquerque (2010) na raça Pardo-Suíça (1,39%). Esse menor valor de AR observado na população Girolando pode ser atribuído ao fato de os criadores terem evitado o acasalamento de animais aparentados no período analisado.

As tendências dos valores médios de F em animais com data de nascimento (endogâmicos ou não) e em animais apenas endogâmicos foi similar ao longo dos anos, porém com magnitudes distintas (Figura 2). Os maiores níveis de endogamia foram atingidos no ano de 1993, flutuando de 0,04% (em 1996) a 0,39% (em 1993) para todos os animais e de 0,78% (em 1996) a 14,58% (em 1993) na população endogâmica. A partir de 1998, o coeficiente F dos animais endogâmicos apresentou

tendeu a redução ao longo do tempo, numa taxa de 0,37% ao ano ($R^2 = 70\%$). Isso pode ser explicado pelo fato de os animais recentemente registrados terem sido provenientes de acasalamentos de pais pouco aparentados, o que coincide com o início do teste de progênie de touros, em 1997, na raça Girolando. Desse modo, a introdução de grande número de animais, principalmente das raças Holandesa e Gir, pode ter contribuído na redução da endogamia nos últimos anos.

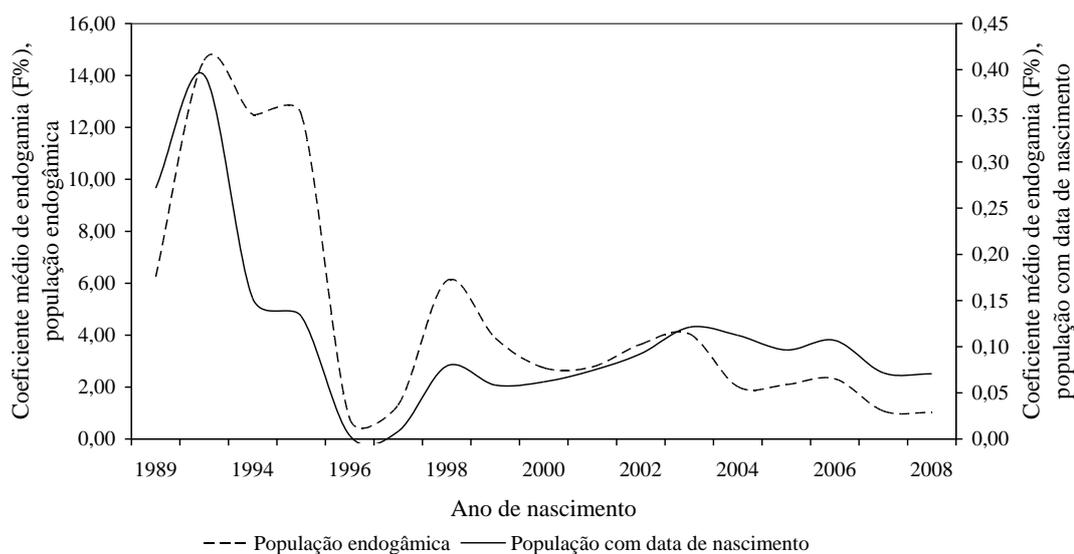


Figura 2. Tendência da endogamia por ano de nascimento na população da raça Girolando com data de nascimento ($n = 12.439$) e na população endogâmica ($n = 440$) durante o período 1989 a 2008.

O ΔF na população Girolando apresentou tendência positiva ao longo do tempo avaliado, 1979 a 2008 (Figura 3), comportamento que pode estar associado ao uso intensivo de reprodutores avaliados pelo teste de progênie da raça, à implementação de avaliação genética via BLUP, à adoção de inseminação artificial e à importação de sêmen de touros da raça Holandesa. No entanto, o aumento médio anual da endogamia foi de apenas 0,0075% ($R^2 = 0,81$), bem abaixo dos níveis críticos sugeridos por Nicholas (1989), de 0,5% por ano como valores aceitáveis em programas de melhoramento. As médias de ΔF por tipo de geração considerada (Tabela 2) foram menores que o nível crítico recomendado pela FAO (FAO, 1998) e por Bijma (2000), que sugerem evitar ΔF acima de 1% por geração. Os baixos valores dos coeficientes F e ΔF indicam que as atuais práticas de acasalamento de animais nas fazendas, com fins de se evitar a endogamia, estão adequadas.

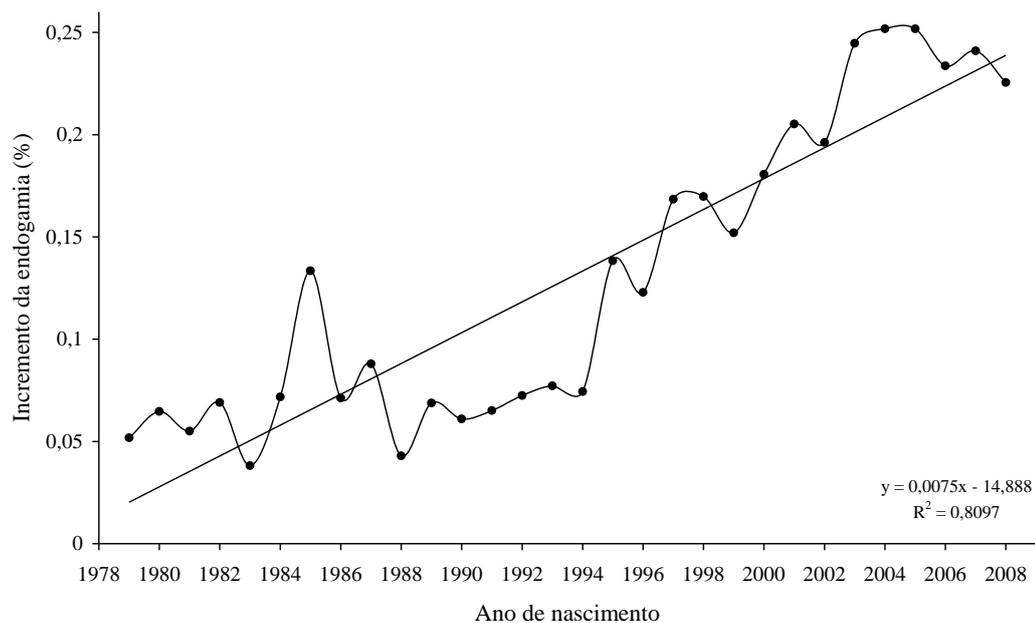


Figura 3. Média do incremento de endogamia (ΔF) por ano de nascimento (1979-2008).

Os valores de N_e foram 188,17; 1571,94 e 369,33 nas gerações completas, gerações máximas e gerações equivalentes, respectivamente (Tabela 2). Segundo a FAO (1998), o nível crítico do N_e é de 50 animais, enquanto Meuwissen (1999) recomendou valores mínimos de 50 a 100 considerando a mutação e deriva genética. Todavia, Goddard & Smith (1990) sugeriram valores mínimos de 40 animais por geração para maximizar o ganho genético em uma população selecionada para produção de leite. O valor de N_e (188,17) encontrado para a população completa está acima desses níveis críticos e, ainda, acima dos níveis relatados para a raça Guzerá Leiteiro (Peixoto et al., 2010), Gir Leiteiro (Reis Filho et al., 2010) e Pardo-Suíça (Albuquerque, 2010).

O f_e observado na população foi de 551 e o aumento esperado da endogamia, devido à contribuição não-balanceada dos fundadores foi de 0,04%. Os 75% e 50% das contribuições genéticas para a população de referência da raça Girolando foram explicados por 2.726 e 467 ancestrais, respectivamente. O f_a foi 393 e a relação entre o número efetivo de fundadores e de ancestrais (f_e/f_a), foi igual a 1,4, indicando que o efeito gargalo tem acontecido desde a formação da raça Girolando.

Tabela 2. Número médio e máximo de gerações traçadas, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo da população (N_e) por tipo de geração considerada

Tipo de geração	Nº médio	Nº máximo	ΔF	N_e
Completas ¹	0,80	4	0,27%	188,17
Máximas ²	2,87	11	0,03%	1571,94
Equivalentes ³	1,32	5,53	0,14%	369,33

¹Geração mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos. ²Número de gerações que separa o indivíduo de seu ancestral mais remoto. ³Somatório dos termos $(1/2)^g$ de todos ancestrais conhecidos, em que g é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido.

O f_e e f_a na população Girolando foram superiores aos relatados para algumas raças leiteiras no Brasil e em outros países. Reis Filho et al. (2010) relataram valores de 146 e 75 para f_e e f_a , respectivamente, na raça Gir Leiteiro; enquanto Peixoto et al. (2010) obtiveram valores de 318,56 e 101 para f_e e f_a , respectivamente, na raça Guzerá Leiteiro. Na Dinamarca, Sørensen et al. (2005) descreveram valores de f_e iguais a 70, 115,7 e 207,2, e f_a iguais a 20,6; 23,8 e 34,6 nas raças Holandesa, Jersey e Vermelho Dinamarquês, respectivamente. As principais causas dos altos valores de f_e e f_a na raça Girolando, em relação a essas raças são as diferenças entre os tamanhos de população, os sistemas de produção e o procedimento de registro aberto adotado pela ABCG. O efeito gargalo observado neste estudo foi inferior aos relatados por Peixoto et al. (2010) para a raça Guzerá Leiteiro (3,15) e por Reis Filho et al. (2010) para a raça Gir Leiteiro (1,95). Essa diferença pode ser devida ao baixo número equivalente de gerações (1,32) e ao uso desproporcional de alguns ancestrais.

A média do intervalo de geração de 5,26 anos (Tabela 3) é inferior ao de 7,33 anos relatado para a raça Holandesa (Paiva, 2006), ao de 7,48 anos para a raça Guzerá Leiteiro (Peixoto et al., 2010), e ao de 8,41 anos para Gir Leiteiro (Reis Filho et al., 2010). Os menores intervalos de geração estão associados às maiores taxas de reposição de reprodutores (tousos e vacas), indicando que reprodutores jovens da raça Girolando têm sido utilizados.

A média do intervalo de geração foi maior nas trajetórias vacas mães de touros e touros pais de vacas em relação às demais trajetórias. Nos estudos de Paiva (2006), Peixoto et al. (2010) e Reis Filho et al. (2010), os intervalos de geração das trajetórias de seleção touros pais de touros e touros pais de vacas sempre foram superiores às trajetórias vacas mães de touros e vacas mães de vacas. A ligeira superioridade do intervalo de geração médio nas vias gaméticas vacas mães de touros

e touros pais de vacas é provavelmente atribuível ao fato de que determinados reprodutores têm sido utilizados por mais tempo que nas outras vias gaméticas para produzir progênie antes de realizar a seleção. Assim, o criador pode aumentar a intensidade seletiva e o progresso genético por geração, mas será inevitável o aumento no intervalo de gerações, com conseqüente redução no ganho genético por unidade de tempo.

Tabela 3. Intervalos de geração médios e desvio-padrão para as quatro trajetórias de seleção

Trajetórias de seleção	Intervalo de geração (anos)	
	Média	Desvio-padrão
Touros pais de touros	5,24	1,95
Touros pais de vacas	5,60	2,73
Vacas mães de touros	5,86	2,64
Vacas mães de vacas	4,97	2,39
Total	5,26	2,53

CONCLUSÕES

As estimativas das médias de endogamia nos rebanhos da raça Girolando foram de pequena magnitude indicando que as práticas de acasalamento para evitar a endogamia na população Girolando foram adequadas durante o período avaliado. Os valores do tamanho efetivo da população e do número efetivo de fundadores e ancestrais encontram-se acima dos valores críticos, indicando que não houve perda significativa da diversidade genética da população Girolando. Ressalte-se, no entanto, a importância de se continuar com o monitoramento desses coeficientes a fim de prevenir futuros problemas de endogamia e ausência de variabilidade genética na raça Girolando.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Albuquerque ALS (2010). Estrutura populacional de um rebanho leiteiro da raça Pardo-Suíça no Estado do Ceará. 51p Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Ceará, Ceará.
- Associação Brasileira dos Criadores de Girolando - ABCG (2011). Produção de leite no Brasil e participação da genética Girolando com ênfase em reprodução. Disponível em: <<http://www.girolando.com.br/site/noticia.php?id=1859>>. Acesso em: 12 outb.
- Bijma P (2000). Long-term genetic contributions: Predictions of rates of inbreeding and genetic gain in selected populations. 225p. PhD Dissertation. Wageningen University Press, Veenendaal, the Netherlands.
- Boichard C, Maignel L e Verrier E (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29(1): 5–23.
- Falconer DS e Mackay TFC (1996). Introduction to quantitative genetics. 4th ed. London: Longman Group, 1996. 464p.
- Faria LC, Queiroz AS, Vozzi PA, Lôbo RB, et al. (2010). Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectada por meio de análise de pedigree. *Pesq. Agropec. Bras.* 45(10): 1133–1140.
- FAO (2011). Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Populations at Risk. Food and Agricultural Organization, Rome, Italy, 215 pp, 1998. Disponível em: <<http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/sml-popn.pdf>> Acesso 10 Outb.
- Goddard MG e Smith C (1990). Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. *J. Dairy Sci.* 73(4): 1113–1122.
- González-Recio O, López De Maturana E e Gutiérrez JP (2007). Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 90(12): 5744–5752.
- Gutiérrez JP e Goyache F (2005). A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122(3): 172–176.
- Lacy RC (1989). Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.* 8(2): 111–123.
- Maccluer JW, Boyce AJ, Dyke B, Weitkamp LR, et al. (1983). Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J. Hered.* 74(6): 394–399.
- Malhado CHM, Carneiro PLS, Malhado ACM, Martins Filho R, et al. (2010). Genetic improvement and population structure of the Nelore breed in Northern Brazil. *Pesq. Agropec. Bras.* 45(10): 1109–1116.

- Mc Parland S, Kearney JF, Rath M e Berry DP (2007). Inbreeding effects on milk production, calving performance, fertility, and conformation in Irish Holstein-Friesians. *J. Dairy Sci.* 90(9): 4411–4419.
- Meuwissen THE e Luo Z (1992). Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* 24(4): 305–313.
- Meuwissen THE (1999). Operation of conservation schemes. In: Oldenbroek J.K. (Ed.), *Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources*, DLO Institute for Animal Science and Health, Lelystad, the Netherlands, 91-112.
- Nicholas FW (1989). Incorporation of new reproductive technology in genetic improvement programmes. In: W. G. Hill and T. F. C. Mackay (ed.) *Evolution and Animal Breeding*. CABInternational, Wallingford, U.K., 201-209.
- Paiva ALC (2006). Endogamia na raça Holandesa no Brasil. Dissertação (Mestrado), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brazil. 38p.
- Peixoto MGCD, Poggian CF, Verneque RS, Egito AA, et al. (2010). Genetic basis and inbreeding in the Brazilian Guzarat (*Bos indicus*) subpopulation selected for milk production. *Livest. Sci.* 131(2-3): 168–174.
- Reis Filho JC, Lopes PS, Verneque RS, Torres RA, et al. (2010). Population structure of Brazilian Gyr dairy cattle. *Rev. Bras. Zootec.* 39(12): 2640–2645.
- SAS Institute (2003). SAS/STAT user's guide. Version 9.1. Cary.
- Silva MVGB, Ferreira WJ, Cobuci JA, Guaragna GP, et al. (2001). Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do Ecótipo Mantiqueira. *Rev. Bras. Zootec.* 30(4): 1236–1242.
- Silva MVGB, Freitas AF, Paiva LC, Menezes CRA, et al. (2010). Programa de Melhoramento Genético da raça Girolando - Teste de progênie: Sumário de Touros 2010, Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 131), 48 p.
- Sørensen AC, Sørensen MK e Berg P (2005). Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *J. Dairy Sci.* 88(5): 1865–1872.
- Stachowicz K, Sargolzaei M, Miglior F e Schenkel FS (2011). Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *J. Dairy Sci.* 94(10): 5160–5175.

CAPÍTULO 2

EFEITO DA INCLUSÃO OU NÃO DE LACTAÇÕES CURTAS E DO GRUPO GENÉTICO DA VACA E/OU DA MÃE DA VACA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DA RAÇA GIROLANDO

Resumo - O objetivo neste trabalho foi avaliar o efeito da inclusão ou não de lactações curtas e do grupo genético da vaca (GGV) e/ou de sua mãe (GGM) em modelos para avaliação genética da produção de leite em até 305 dias (PL305), da idade ao primeiro parto (IPP) e do primeiro intervalo de partos (PIDP) em vacas da raça Girolando. Os componentes de variância foram estimados utilizando-se o método da máxima verossimilhança restrita (REML), em um modelo animal com análises unicaracterísticas. As estimativas de herdabilidade para PL305, IPP e PIDP oscilaram de 0,23 a 0,29; de 0,40 a 0,44; e de 0,13 a 0,14, respectivamente, sem inclusão de lactações curtas; e de 0,23 a 0,28; de 0,39 a 0,43; e de 0,13 a 0,14, respectivamente, com inclusão. A inclusão dos registros de lactações curtas causou pouca variação nos componentes de variância e nas herdabilidades das características estudadas. Todavia, a não-inclusão das lactações curtas causaram alteração na classificação dos animais. Os modelos que incluíram os efeitos fixos GGV ou GGM tiveram maiores estimativas de herdabilidade para todas as características estudadas, em comparação aos modelos que consideraram esses dois efeitos simultaneamente (GGV e GGM). Recomendam-se a utilização do modelo com efeito fixo de GGV e a inclusão de registros provenientes de lactações curtas na avaliação genética para PL305, IPP e PIDP de bovinos da raça Girolando.

Palavras chave: componentes de variância, duração da lactação, Girolando, herdabilidade, idade ao primeiro parto, intervalo de partos

CHAPTER 2

EFFECT OF INCLUSION OR NON-INCLUSION OF SHORT LACTATIONS AND COW AND/OR DAM BREED GROUP ON GENETIC EVALUATION OF GIROLANDO DAIRY CATTLE

Abstract - The objective of this study was to evaluate the inclusion or non-inclusion of short lactations and cow (CBG) and/or dam (DBG) breed group on the genetic evaluation of 305-day milk yield (M305), age at first calving (AFC) and first calving interval (FCI) of Girolando cows. Covariance components were estimated by the restricted maximum likelihood method in an animal model in single trait analyses. The heritability estimates for MY305, AFC and FCI ranged from 0.23 to 0.29, 0.40 to 0.44 and 0.13 to 0.14, respectively, when short lactations were not considered, and from 0.23 to 0.28, 0.39 to 0.43 and 0.13 to 0.14, respectively, when they were included. The inclusion of short lactations cause little variation in the variance components and heritability of traits, but their removal showed greater re-ranking of animals. Models with CBG or DBG fixed effects had higher heritability estimates for all traits than the models that consider these two effects simultaneously. We recommend the use of the model with fixed effect of CBG and inclusion of short lactations in the genetic evaluation of Girolando cattle.

Key words: variance components, heritability, breed group, short lactations, Girolando

INTRODUÇÃO

O setor leiteiro tem significativa contribuição no agronegócio brasileiro e aproximadamente 80% do leite produzido é oriundo de vacas da raça Girolando (ABCG, 2011). Os animais desta raça são capazes de manter bom nível de produção em diferentes sistemas de manejo e condições climáticas (Silva et al., 2011).

Um dos principais problemas da produção de leite nos sistemas tropicais é a duração da lactação (Madalena, 1988). Vercesi-Filho et al. (2007) observaram alta correlação genética entre produção de leite e duração da lactação (0,93) em gado leiteiro mestiço no Brasil, indicando que não se devem descartar lactações curtas, encerradas normalmente nas avaliações genéticas.

Contraditoriamente, nas avaliações genéticas do Brasil, as lactações curtas têm sido frequentemente excluídas no momento de edição de registros de produção de leite ou por meio da utilização de fatores de ajuste (Facó et al., 2009; Baldi et al., 2011). A definição de lactação curta é variável e aparentemente arbitrária, mas intervalos de 120-210 dias têm sido usados (Vaccaro et al., 1999). No entanto, essa prática tende a causar superestimativas nos parâmetros genéticos da produção de leite e da duração da lactação, o que diminui a acurácia nos procedimentos de seleção (Vaccaro et al., 1999).

A eliminação de lactações curtas e a adoção do ajuste para duração da lactação reduzem a variação genética existente na produção de leite (Madalena et al., 1988; Mello et al., 1994). Por outro lado, Facó et al. (2009) observaram que a eliminação das lactações curtas não promoveu redução na variabilidade genética e ainda contribuiu para redução substancial da variância residual. Adicionalmente, Baldi et al. (2011) notaram que a aplicação de ajuste aos registros produtivos por fatores multiplicativos e a inclusão de lactações curtas promoveram mudanças na classificação dos touros para fins de seleção.

Apesar de lactações curtas estarem comumente associadas às vacas de raças zebuínas, elas têm sido relatadas em diferentes grupos genéticos Holandês-Gir. Essa diferença poderia estar associada a fatores genéticos e não-genéticos (Madalena, 1988). Trabalhos visando avaliar a inclusão do efeito do grupo genético da vaca e/ou da mãe em gado leiteiro são raros na literatura. Facó et al. (2007), ao trabalharem com bovinos leiteiros da raça Girolando, relataram estimativa de herdabilidade para

produção de leite igual a 0,31 utilizando um modelo unicaracterístico com inclusão dos efeitos fixos de grupo genético da vaca e da mãe. Entretanto, no trabalho de Facó et al. (2009) essas estimativas oscilaram de 0,24 a 0,31, em um modelo animal que incluiu apenas o grupo genético da vaca.

Os objetivos neste estudo foram: avaliar o efeito da inclusão ou não de lactações curtas sobre os componentes de variância e herdabilidade para produção de leite, idade ao primeiro parto e primeiro intervalo de partos; e avaliar o efeito da inclusão do efeito de grupo genético da vaca e/ou da mãe da vaca no modelo sobre os componentes de variância, as herdabilidades e a classificação dos animais para essas características em vacas da raça Girolando.

MATERIAL E MÉTODOS

A base de dados inicial da qual foram extraídas as informações utilizadas neste estudo continha 86.863 registros armazenados no Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Leite, fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG) sob gerenciamento da Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Girolando. Desse arquivo foram extraídos os registros de produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (PL305), idade ao primeiro parto (IPP) e primeiro intervalo de partos (PIDP).

Do arquivo-base, foram gerados subarquivos de trabalho para verificações da consistência dos dados utilizando alguns procedimentos disponíveis no software SAS (2003). Os registros produtivos ou reprodutivos desses arquivos foram submetidos a várias restrições e eliminações pertinentes a cada característica. Eliminaram-se registros de lactações com duração menor que 100 dias e maior que 730 dias para gerar o primeiro arquivo de dados denominado “Registros sem lactações curtas – RSLC”. Além disso, foram descartadas produções de leite até 305 dias de lactação superiores a 20.000 kg e vacas com ano de parto anterior a 2000 e posterior a 2011. Após as eliminações, o arquivo de dados RSLC ficou constituído de 10.900 registros para PL305 e IPP e de 7.239 registros para PIDP mensurados em 288 rebanhos.

Foram consideradas apenas vacas de primeira lactação e com partos ocorridos em duas épocas (outubro-março e abril-setembro). Foram utilizados nas análises registros de vacas pertencentes aos grupos genéticos 1/4HOL:3/4GIR, 3/8HOL:5/8GIR, 1/2HOL:1/2GIR, 5/8HOL:3/8GIR, 3/4HOL:1/4GIR,

7/8HOL:1/8GIR, com mães puras das raças Holandesa (H) ou Gir (G) ou pertencentes a esses mesmos grupos genéticos, representados, respectivamente, por 1/4, 3/8, 1/2, 5/8, 3/4, 7/8, H e G. Os registros provenientes de lactações curtas inferiores a 100 dias foram também submetidos a restrições segundo a causa que originou a secagem. Dos 830 registros de lactações curtas, foram considerados apenas aqueles que apresentaram causa de secagem normal. Com essa restrição, o número final de lactações curtas foi 277 (2,5%). Assim, o segundo arquivo de dados com inclusão dessas lactações curtas totalizou 11.177 registros, denominado “Registros com lactações curtas – RCLC”.

Em ambos os arquivos (RSLC e RCLC) foram utilizados grupos de contemporâneas (rebanho-ano de parto para o PL305, PIDP e rebanho-ano de nascimento para IPP) que contivessem no mínimo três registros de produção e pelo menos filhas de dois touros por grupo. O arquivo de *pedigree* utilizado no cálculo da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright (NRM) continha um total de 26.969 animais.

A distribuição dos animais de acordo com o grupo genético da vaca (GGV) foi maior nas frações 1/2, 5/8 e 3/4 nos arquivos de dados com e sem eliminação de lactações curtas (Tabela 1). No grupo genético da mãe da vaca (GGM), as frações 1/4, 1/2 e 3/4 apresentaram maior número de animais.

Tabela 1. Distribuição dos animais de acordo com o grupo genético da vaca (GGV) e da mãe da vaca (GGM) considerando ou não a inclusão de lactações curtas e somente as lactações curtas

Grupo genético	RSLC ¹		RCLC ¹		Somente lactações curtas	
	GGV	GGM	GGV	GGM	GGV	GGM
1/4	275	1430	291	1455	16	25
3/8	425	29	438	30	13	1
1/2	2706	2912	2794	3002	88	90
5/8	3417	877	3491	894	74	17
3/4	3251	2384	3328	2426	77	42
7/8	826	476	835	490	9	14
H	-	1091	-	1116	-	25
G	-	1701	-	1764	-	63
Total	10900	10900	11177	11177	277	277

¹RSLC – registros sem lactações curtas; RCLC – registros com lactações curtas.

As vacas do grupo genético 7/8 apresentaram maior produção de leite até 305 dias de lactação e as do grupo genético 1/4 apresentaram maior idade ao primeiro parto e primeiro intervalo de parto (Tabela 2).

Tabela 2. Médias e desvios-padrão das características produção de leite até 305 de lactação (PL305), idade ao primeiro parto (IPP) e primeiro intervalo de parto (PIDP) de acordo com o grupo genético da vaca, mediante a inclusão ou não de lactações curtas

Grupo genético	RSLC ¹			RCLC ¹		
	PL305 ²	IPP	PIDP	PL305	IPP	PIDP
1/4	3.059 ± 1.724	1.183 ± 167	440 ± 76	2.930 ± 1.763	1.180 ± 165	440 ± 76
3/8	3.502 ± 1.935	1.165 ± 155	422 ± 70	3.418 ± 1.967	1.165 ± 154	423 ± 71
1/2	4.000 ± 1.788	1.047 ± 180	413 ± 70	3.900 ± 1.845	1.048 ± 180	413 ± 70
5/8	3.508 ± 1.699	1.096 ± 184	425 ± 73	3.449 ± 1.729	1.097 ± 184	425 ± 73
3/4	4.322 ± 1.777	1.055 ± 180	416 ± 70	4.246 ± 1.826	1.057 ± 180	416 ± 70
7/8	4.507 ± 1.943	1.077 ± 182	423 ± 73	4.469 ± 1.967	1.077 ± 182	423 ± 73
Media geral	3.937 ± 1.817	1.075 ± 183	419 ± 72	3.861 ± 1.858	1.076 ± 183	419 ± 71

¹RSLC – registros sem lactações curtas; RCLC – registros com lactações curtas. ² PL305 (kg), IPP (dias) e PIDP (dias).

A avaliação do efeito de lactações curtas sobre os componentes de variância, as herdabilidades e a classificação dos animais para as características foi feita por meio da comparação das estimativas obtidas nas bases de dados RSLC (Registros sem lactações curtas) e RCLC (Registros com lactações curtas). A avaliação da importância da inclusão do efeito de grupo genético da vaca ou da mãe da vaca no modelo animal sobre as estimativas dos componentes de variância e da herdabilidade foi feita pela comparação de modelos que incluíram ou não os efeitos fixos de GGV e de GGM, separadamente ou simultaneamente.

O modelo utilizado na estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos dos animais para as características PL305 e PIDP (modelo *a*) foi:

$$y_{ijkl} = \mu + GC_i + EP_j + GGV_k + b_1(I_{ijkl} - \bar{I}) + b_2(I_{ijkl} - \bar{I})^2 + a_{ijkl} + e_{ijkl} \quad [1]$$

em que: y_{ijkl} = PL305 ou PIDP observado no animal l , de grupo genético k , na época j , do grupo de contemporâneas i ; μ = média geral da população; GC_i = efeito fixo do $i^{\text{ésimo}}$ grupo de contemporâneas (rebanho-ano de parto), sendo $i = 1, 2, \dots, 951$; EP_j = efeito fixo da $j^{\text{ésima}}$ estação de parição, sendo $j = 1$ (out-mar) e 2 (abr-set); GGV_k = efeito fixo do $k^{\text{ésimo}}$ grupo genético do animal, sendo $k = 1, 2, \dots, 6$; b_1 e b_2 = coeficientes de regressão linear e quadrático da característica y_{ijkl} em função da

idade ao parto, incluída no modelo como covariável; I_{ijkl} = idade ao parto, em meses; \bar{I} = média da idade ao parto, em meses; a_{ijkl} = efeito genético do animal l , tomado como aleatório, de grupo genético k , na época j , do grupo de contemporâneas i ; e_{ijkl} = erro aleatório associado a cada observação, suposto normal e independente. Os modelos b e c são semelhantes ao modelo a em [1], porém substituindo o efeito do GGv pelo GGM (modelo b) e incluindo o efeito GGM (modelo c), respectivamente.

Para a característica IPP, utilizou-se o seguinte modelo (modelo a):

$$y_{ijkl} = \mu + GC_i + EN_j + GGv_k + a_{ijkl} + e_{ijkl} \quad [2]$$

em que: y_{ijkl} = IPP do animal l , de grupo genético k , na época j , do grupo de contemporâneas i ; μ = média geral da população; GC_i = efeito fixo do $i^{\text{ésimo}}$ grupo de contemporâneas (rebanho-ano de nascimento), sendo $i = 1, 2, \dots, 1183$; EN_j = efeito fixo da $j^{\text{ésima}}$ estação de nascimento, sendo $j = 1$ (out-mar) e 2 (abr-set); e os efeitos GGv_k , a_{ijkl} e e_{ijkl} , como definidos anteriormente em [1]. Os modelos b e c são semelhantes ao modelo a em [2], porém substituindo o efeito do GGv pelo GGM (modelo b) e incluindo o efeito GGM (modelo c).

As correlações de *Spearman* foram calculadas para comparar a classificação dos animais com base nos valores genéticos preditos para as características PL305, IPP e PIDP. Também foram calculadas as porcentagens de touros e vacas em comum, ou seja, animais selecionados pelos modelos (a , b , e c) nos registros com e sem eliminação das lactações curtas mediante uso de diferentes intensidades de seleção. As estimativas de componentes de variância para obtenção da herdabilidade e predição dos valores genéticos dos animais para as características foram obtidas pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) utilizando-se o programa Wombat (Meyer, 2007).

RESULTADOS

As estimativas dos componentes de variância e das herdabilidades das características obtidas com a inclusão ou não de lactações curtas são apresentadas na Tabela 3. De maneira geral, as estimativas das variâncias genética aditiva, residual e fenotípica para PL305 foram menores quando não foram incluídas lactações curtas,

independentemente do grupo genético. Ao não serem incluídas as lactações curtas, as variâncias genética aditiva e residual para PL305 reduziram em 7 e 9%, respectivamente, no modelo *a* (GGV); em 2 e 9% no modelo *b* (GGM); e em 4 e 8% no modelo *c* (GGV e GGM, respectivamente). Os decréscimos nas variâncias residuais foram relativamente baixos, fazendo com que as estimativas de herdabilidade fossem similares, independentemente da inclusão dos registros das lactações curtas (i.e. RCLC ou RSLC). Esses resultados indicam que a eliminação de lactações curtas implica em pequena redução na variância genética aditiva e residual para PL305 nos três modelos. Para IPP, foram observadas menores estimativas de variância genética aditiva e maiores estimativas de variância residual quando incluídas lactações curtas. Para PIDP, as estimativas de variância genética aditiva foram maiores com inclusão de lactações curtas. As mudanças nas estimativas de variância genética aditiva foram similares nos modelos *a*, *b* e *c* para IPP (redução de ~3% com inclusão de lactações curtas) e PIDP (aumento de ~2% com inclusão de lactações curtas). Devido às pequenas mudanças nas estimativas dos componentes de variância, as estimativas de herdabilidade foram muito próximas com e sem inclusão de lactações curtas nos modelos *a*, *b* e *c*.

Tabela 3. Estimativas de componentes de variância e de herdabilidade para as características produção de leite até 305 de lactação (PL305), idade ao primeiro parto (IPP) e primeiro intervalo de partos (PIDP) obtidas com a inclusão ou não de lactações curtas

Componente	Mod. ¹	RSLC ²			RCLC ²		
		PL305	IPP	PIDP	PL305	IPP	PIDP
Aditivo	<i>a</i>	451.310	9.877,7	559,91	487.275	9.590,58	567,27
	<i>b</i>	517.620	9.291,5	576,69	530.701	9.099,38	587,20
	<i>c</i>	396.410	8.975,9	545,23	414.949	8.742,62	554,15
Residual	<i>a</i>	1.248.000	12.788	3664,3	1.366.630	12.945,6	3652,7
	<i>b</i>	1.233.500	13.237	3658,3	1.359.710	13.325,5	3644,7
	<i>c</i>	1.301.300	13.383	3679,6	1.416.620	13.486,4	3667,3
Fenotípico	<i>a</i>	1.699.310	22.665,7	4224,2	1.853.910	22.536,2	4220,0
	<i>b</i>	1.751.120	22.528,5	4235,0	1.890.410	22.424,9	4231,9
	<i>c</i>	1.697.710	22.358,9	4224,8	1.831.570	22.229,0	4221,5
Herdabilidade	<i>a</i>	0,27 ± 0,029	0,44 ± 0,033	0,13 ± 0,039	0,26 ± 0,028	0,43 ± 0,030	0,13 ± 0,038
	<i>b</i>	0,29 ± 0,030	0,41 ± 0,033	0,14 ± 0,039	0,28 ± 0,029	0,41 ± 0,030	0,14 ± 0,038
	<i>c</i>	0,23 ± 0,028	0,40 ± 0,033	0,13 ± 0,038	0,23 ± 0,027	0,39 ± 0,030	0,13 ± 0,038

¹ *a*- Modelo que ajusta o efeito de GGV; *b*- Modelo que ajusta o efeito de GGM; e *c*- Modelo que ajusta os efeitos de GGV e GGM; ² RSLC – registros sem lactações curtas; RCLC – registros com lactações curtas.

De modo geral, os coeficientes de correlação de Spearman entre os valores genéticos dos touros e das vacas preditos para PL305 foram maiores quando incluídos os registros de lactações curtas (Tabela 4). Para IPP, as correlações foram ligeiramente superiores com inclusão de lactações curtas nos touros, enquanto, para PIDP, não houve diferença nas correlações obtidas com e sem inclusão de lactações curtas para touros e vacas.

Tabela 4. Coeficientes de correlação de Spearman entre os valores genéticos dos touros e das vacas para produção de leite até 305 de lactação (PL305), idade ao primeiro parto (IPP) e primeiro intervalo de partos (PIDP) preditos pelos modelos com a inclusão ou não de lactações curtas

Característica	Modelo ¹	RSLC ²		RCLC ²	
		Touros	Vacas	Touros	Vacas
PL305	<i>a vs b</i>	0,83	0,90	0,93	0,94
	<i>a vs c</i>	0,96	0,97	0,96	0,96
	<i>b vs c</i>	0,80	0,87	0,90	0,91
IPP	<i>a vs b</i>	0,97	0,98	0,98	0,98
	<i>a vs c</i>	0,96	0,98	0,98	0,98
	<i>b vs c</i>	0,94	0,97	0,96	0,96
PIDP	<i>a vs b</i>	0,99	0,99	0,99	0,99
	<i>a vs c</i>	1,00	1,00	1,00	1,00
	<i>b vs c</i>	0,99	0,99	0,99	0,99

¹ *a*- Modelo que ajusta o efeito de GGV; *b*- Modelo que ajusta o efeito de GGM; e *c*- Modelo que ajusta os efeitos de GGV e GGM; ² RSLC – registros sem lactações curtas; RCLC – registros com lactações curtas. Todos os coeficientes de correlação são estatisticamente diferentes de zero (P<0,0001).

Na Tabela 5 são apresentadas as porcentagens de animais em comum quando selecionadas diferentes proporções de animais, mediante a inclusão ou não de lactações curtas. A porcentagem de touros e vacas em comum nos modelos *a* e *b* foram maiores quando incluídas lactações curtas em todas as características avaliadas nas diferentes proporções de animais selecionados. Essa divergência, no entanto, é menor se comparadas as porcentagens de animais em comum nos modelos *a* e *c*, na característica PL305.

Tabela 5. Porcentagem de touros e vacas em comum quando diferentes proporções de animais foram selecionados com base no valor genético predito para as características avaliadas, mediante a inclusão ou não de lactações curtas.

<i>b</i> (%) ¹	RSLC ²						RCLC ²					
	PL305		IP		PIDP		PL305		IP		PIDP	
	T (%)	V (%)	T (%)	V (%)	T (%)	V (%)	T (%)	V (%)	T (%)	V (%)	T (%)	V (%)
Modelo <i>a</i> vs Modelo <i>b</i>												
1	75	81	75	81	83	91	90	87	90	80	100	91
5	77	76	85	86	87	93	88	83	82	85	87	94
10	80	76	84	88	92	95	83	82	84	82	90	94
20	83	83	89	91	97	95	86	86	90	89	94	94
40	84	86	92	93	98	96	90	92	94	96	95	97
60	88	90	96	96	98	98	93	92	95	95	98	98
Modelo <i>a</i> vs Modelo <i>c</i>												
1	83	90	71	83	100	96	80	79	100	80	100	98
5	82	87	85	87	97	97	82	77	86	85	97	98
10	84	88	83	89	95	99	80	78	85	89	97	99
20	86	89	86	91	98	98	80	82	91	91	98	96
40	92	92	91	93	98	99	88	89	94	97	98	99
60	95	94	93	95	99	99	93	91	95	95	99	99

¹*b*(%) – proporção de animais selecionados; T(%) – porcentagem dos touros em comum; V(%) – porcentagem de vacas em comum; ² RSLC – registros sem lactações curtas; RCLC – registros com lactações curtas; PL305 – produção de leite em até 305 dias; IPP – idade ao primeiro parto e PIDP - primeiro intervalo de partos.

DISCUSSÃO

Neste estudo a porcentagem de vacas com lactações menores de 100 dias foi de apenas 2,5%, menor que as relatadas em outros estudos. Vaccaro et al. (1999), em pesquisa com animais das raças Brahman, Holandesa e Pardo-Suíça, relataram de 3,8 a 4% de lactações curtas, de 1 a 100 dias, enquanto Mello et al. (1994) relataram 4% de lactações curtas, abaixo de 120 dias. Todavia, Facó et al. (2009) relataram 13,6% de lactações com duração abaixo de 120 dias, com maior incidência (21,1%) nos animais Girolando do grupo genético 1/4HOL:3/4GIR e menor (9,1%) nos animais 7/8HOL:3/8GIR.

O melhor desempenho obtido na produção de leite pelos grupos genéticos 7/8 e 3/4 difere dos obtidos na literatura. Facó et al. (2007) relataram melhores desempenhos nos animais dos grupos genéticos 1/2 e 3/4 da raça Girolando. Freitas et al. (1998) verificaram que touros mestiços 3/4 e 7/8 estiveram associados a maiores produções de leite em comparação aos touros 5/8, enquanto Mellado et al. (2011) registraram maiores produções de leite no grupo H (Holandês), seguido dos grupos 1/4 e 1/2.

As diferenças nos componentes de variância residual e genético aditivo foram de menor magnitude que as obtidas em outros estudos. Facó et al. (2009) observaram que a eliminação das lactações curtas de vacas Girolando levou a estimativas de componentes de variância inferiores às obtidas quando utilizadas todas as lactações. Esses autores relataram que as reduções foram menores para a variância aditiva (4%) e de ambiente permanente (10%) que para a variância residual (24%), resultando em maior herdabilidade para produção de leite sem inclusão de lactações curtas ($h^2 = 0,31$) em comparação à observada com inclusão ($h^2 = 0,27$). No entanto, Mello et al. (1994) relataram, em estudo com a raça Gir, redução da variância genética para PL305 sem inclusão de lactações curtas, o que provocou diminuição nas estimativas de herdabilidade de 0,38 para 0,01 quando eliminadas as lactações menores que 120 dias. As diferenças dos resultados deste estudo em relação aos relatados por esses autores podem ter sido ocasionadas pelas variações no tamanho de amostra utilizada [e.g. $n = 398$ no estudo de Mello et al. (1994)], pela padronização da produção de leite (e.g. produção de leite por lactação) no estudo de Facó et al. (2009) ou pela definição dos efeitos do modelo de análise, entre outros fatores.

De maneira geral, não houve diferenças entre modelos, independentemente da inclusão de lactações curtas, para as características estudadas. Todavia, a perda de variância aditiva não foi significativa quando eliminadas as lactações curtas, aproximando-se dessa forma aos resultados de Facó et al. (2009) e Mackinnon et al. (1996), porém, discordando dos resultados de outros estudos (Madalena et al., 1992; Mello et al., 1994; Vercesi-Filho et al., 2007; Baldi et al., 2011).

Houve maior variância genética aditiva e menor variância residual no modelo que incluiu o grupo genético da mãe da vaca (modelo *b*) para PL305 e PIDP. Como consequência, as estimativas de herdabilidade dessas duas características foram levemente superiores àquelas obtidas nos modelos *a* e *c*. No entanto, para IPP maior variabilidade genética e menor variação residual foram obtidas pelo uso do modelo *a* e, portanto, a herdabilidade foi ligeiramente superior.

Ressaltam-se as menores estimativas de herdabilidade para todas as características quando utilizado o modelo *c*. Esperava-se que a inclusão simultânea dos efeitos dos grupos genéticos da vaca e da mãe da vaca tivesse maior eficiência em resgatar fração importante da variação residual. Uma das possíveis causas desse resultado seria o confundimento causado por multicolinearidade quando ambos os

efeitos são incluídos no modelo de análise, mesmo que tenha ocorrido desbalanceamento nos dados para ambos os efeitos. Em análise prévia de efeitos fixos, observou-se significância estatística da interação entre esses efeitos, com correlação significativa e negativa entre os dois. Além disso, foram observados autovalores da matriz de correlação muito pequenos (<1), o que pode ter superestimado a variância residual (modelo *c*).

As estimativas de herdabilidade oscilaram de 0,23 a 0,28 para PL305 com inclusão de lactações curtas e de 0,23 a 0,29 sem inclusão e foram maiores no modelo *b*. Essas estimativas são semelhantes às relatadas na literatura. Em estudo com bovinos MLB (Mestiço Leiteiro Brasileiro), Vercesi-Filho et al. (2007) relataram estimativas de herdabilidade de 0,28 para PL305. Utilizando registros de produção de leite sem inclusão de lactações curtas da raça Girolando, Facó et al. (2007) verificaram estimativas de herdabilidade para produção de leite por lactação de 0,31.

As altas estimativas de herdabilidade para IPP encontradas neste estudo (0,39 a 0,44) são semelhantes às relatadas por Vercesi-Filho et al. (2007). Em razão da alta herdabilidade e da relevância econômica desta característica, esses autores recomendaram sua inclusão nos critérios de seleção para gado leiteiro nos trópicos. As estimativas de herdabilidade para PIDP (0,13 a 0,14) não foram influenciadas pela inclusão de lactações curtas no modelo; porém, houve ligeira superioridade quando se utilizou o modelo *b*. Os valores encontrados neste estudo foram superiores aos obtidos respectivamente, por Val et al. (2004) na raça Holandesa e Facó et al. (2008) na raça Girolando (0,05 e 0,10); porém, inferiores ao obtido por Bertipaglia et al. (2007) com vacas da raça Holandesa (0,19).

Os coeficientes de correlações de *Spearman* entre os valores genéticos dos touros e das vacas, de modo geral, foram maiores coeficientes nos modelos que ajustaram registros com inclusão de lactações curtas. À exceção das correlações entre os valores genéticos dos touros nos modelos *a* vs *b* e *b* vs *c* e das vacas no modelo *b* vs *c* nos registros sem lactações curtas, as demais correlações foram de alta magnitude ($\geq 0,90$). Facó et al. (2009) relataram correlações de *Spearman* de 0,89 entre valores genéticos preditos para produção de leite em registros com e sem inclusão de lactações curtas e notaram ainda que o valor da correlação diminuía conforme aumentava a intensidade de seleção. Segundo Crews & Franke (1998),

correlações de ordem inferiores a 0,90 resultam em alterações na classificação dos animais, o que pode comprometer a seleção e o progresso genético. Portanto, apesar dos melhores resultados nos registros com lactações curtas, não haveria alteração na classificação dos animais pela exclusão de lactações curtas na base de dados.

A maior correlação de *Spearman* entre os valores genéticos dos touros e das vacas observada entre os modelos *a* e *c* para PL305, o que torna mais recomendável a não-inclusão isolada do efeito do grupo genético da mãe da vaca – GGM nos modelos de avaliação genética (modelo *b*). As correlações de *Spearman* entre os valores genéticos dos touros e das vacas para as outras características, IPP e PIDP, foram altas ($\geq 0,94$), logo, a inclusão de GGV, GGM ou GGV e GGM poderia ser recomendada para essas características visando à classificação de animais para fins de seleção.

A porcentagem de touros e vacas em comum (Tabela 5) corrobora os resultados obtidos nas correlações de *Spearman*. Em estudo com búfalos da raça Murrah, Tonhati et al. (2007) encontraram menores correlações de *Spearman* entre valores genéticos para produção de leite e porcentagem de animais em comum de touros. Os autores concluíram que, em situações de altas intensidades de seleção, podem acontecer mudanças na classificação dos touros se os registros são ajustados ou não para duração de lactação de 305 dias; porém, a escolha de touros para acasalamento será diferente apenas se as lactações curtas forem incluídas nas análises com registros ajustados para 270 dias de lactação. Por sua vez, Facó et al. (2007), ao trabalharem com bovinos leiteiros da raça Girolando, calcularam as correlações de *Spearman* entre os valores genéticos preditos com inclusão dos efeitos fixos de GGV e GGM e verificaram tendência de redução dos valores das correlações à medida que aumentaram as intensidades de seleção.

CONCLUSÕES

A inclusão de lactações curtas (<100 dias) teve pouca influência sobre os componentes de variância das características avaliadas. A inclusão do efeito do grupo genético da vaca (GGV) ou do grupo genético da mãe da vaca (GGM) no modelo de avaliação genética teve maior impacto sobre as estimativas de componente de variância e de herdabilidade para todas as características estudadas em comparação à inclusão dos dois efeitos (GGV+GGM). No entanto, a correlação

de *Spearman* entre os valores genéticos dos touros e das vacas entre os modelos GGV e GGV+GGM foi maior que entre os modelos GGV e GGM, o que torna mais recomendável a não-inclusão isolada do efeito do grupo genético da mãe da vaca. Recomenda-se, portanto, a utilização do modelo contendo apenas o efeito fixo de grupo genético da vaca e a inclusão de registros de produção de leite, da idade ao primeiro parto e do primeiro intervalo de parto advindo de animais com duração de lactação curta na avaliação genética de bovinos da raça Girolando.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Associação Brasileira dos Criadores de Girolando - ABCG (2011). Produção de leite no Brasil e participação da genética Girolando com ênfase em reprodução. Disponível em: <<http://www.girolando.com.br/site/noticia.php?id=1859>>. Acesso em: 12 outb.
- Baldi F, Laureano MMM, Gordo DGG, Bignardi AB, et al. (2011). Effect of lactation length adjustment procedures on genetic parameter estimates for buffalo milk yield. *Genet. Mol. Biol.* 34(1): 62–67.
- Bertipaglia ECA, Silva RG, Cardoso V e Maia ASC (2007). Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de características do pelame e de desempenho reprodutivo de vacas holandesas em clima tropical. *Rev. Bras. Zootec.* 36(2): 350–359.
- Crews DH Jr e Franke DE (1998). Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage Brahman inheritance. *J. Anim. Sci.* 76(7): 1803–1809.
- Facó O, Martins Filho R, Lôbo RNB, Oliveira SMP, et al. (2007). Heterogeneidade de (co)variância para a produção de leite nos grupos genéticos formadores da raça Girolando. *Rev. Ciênc. Agron.* 38(3): 304–309.
- Facó O, Lôbo RNB, Martins Filho R, Martins GA, et al. (2008). Efeitos genéticos aditivos e não-aditivos para características produtivas e reprodutivas em vacas mestiças Holandês × Gir. *Rev. Bras. Zootec.* 37(1): 48–53.
- Facó O, Martins Filho R, Lôbo RNB, Azevêdo DMMR, et al. (2009). Efeito da redução da variação da duração de lactação na avaliação genética de bovinos leiteiros mestiços. *Rev. Ciênc. Agron.* 40(2): 287–292.
- Freitas AF, Wilcox CJ e Costa CN (1998). Breed group effects on milk production of brazilian crossbred dairy cows. *J. Dairy Sci.* 81(8): 2306–2311.
- Mackinnon MJ, Thorpe W e Baker RL (1996). Sources of genetic variation for milk production in a crossbred herd in the tropics. *Anim. Sci.* 62(1): 5–16.
- Madalena FE (1988). A note on the effect of variation on lactation length on the efficiency of tropical cattle selection for milk yield. *Theor. Appl. Genet.* 76(6): 830–834.
- Madalena FE, Lemos AM e Teodoro RL (1992). Consequences of removing the variation in lactation length on the evaluation of dairy cattle breeds and crosses. *Rev. Bras. Genét.* 15(3): 585–593.
- Mellado M, Coronel F, Estrada A e Rios FG (2011). Lactation performance of Holstein and Holstein x Gyr cattle under intensive condition in a subtropical environment. *Trop. Subtrop. Agroecosyst.* 14(3): 927–931.
- Mello AA, Penna VM, Madalena FE e Pereira CS (1994). Efeito da eliminação de lactações curtas e do ajuste pela duração da lactação na herdabilidade da

- produção de leite em um rebanho Gir. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 2(2): 117–123.
- Meyer K (2007). WOMBAT: a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *J. Zhejiang Univ. Sci.* 8(11): 815–821.
- Silva MVGB, Paiva LC, Cembranelli MAR, Martins MF, et al. (2011). Programa de Melhoramento Genético da raça Girolando – Teste de progênie: Sumário de Touros 2011, Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2011, 46p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 148).
- SAS Institute (2003). SAS/STAT user's guide. Version 9.1, ed. SAS Institute Inc., Cary.
- Tonhati H, Baldi FS, Laureano MMM e Albuquerque LG (2007). Genetic parameters for milk yield of *Bubalus bubalis* using unadjusted and adjusted milk production for days in milk. *Ital. J. Anim. Sci.* 6(2s): 310–313.
- Vaccaro L, Velázquez E, Pérez A e Mejías H (1999). Lactation length in Venezuelan dual-purpose cows. *J. Anim. Breed. Genet.* 116(6): 509–517.
- Val JE, Freitas MAR, Oliveira HN, Cardoso VL, et al. (2004). Indicadores de desempenho em rebanho da raça Holandesa: curvas de crescimento e altura, características reprodutivas, produtivas e parâmetros genéticos. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 56(1): 86–93.
- Vercesi Filho AE, Madalena FE, Albuquerque LG, Freitas AF, et al. (2007). Parâmetros genéticos entre características de leite, de peso e a idade ao primeiro parto em gado mestiço leiteiro (*Bos taurus* x *Bos indicus*). *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 59(4): 983–990.

CAPÍTULO 3

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE E CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM VACAS GIROLANDO DO BRASIL

Resumo - Os objetivos neste trabalho foram estimar herdabilidades e correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre produção de leite em até 305 dias de lactação (PL305) e algumas características reprodutivas, como a idade ao primeiro parto (IPP), o intervalo de partos (IDP) e a duração do período seco (DPS), e também comparar os desempenhos produtivo e reprodutivo de vários grupos genéticos da vaca durante a primeira, a segunda e a terceira parição em vacas da raça Girolando do Brasil. Os parâmetros genéticos foram estimados em análise uni e bicaracterísticas utilizando-se o método da máxima verossimilhança restrita (REML) por meio de um modelo animal. As estimativas de herdabilidade foram semelhantes entre as análises uni e bicaracterísticas, e oscilaram de 0,20 a 0,28; 0,00 a 0,08; e 0,07 a 0,14 para PL305, IDP e DPS, respectivamente, enquanto a estimativa da IPP foi 0,20. As correlações genéticas entre PL305 com IPP (-0,49) ou DPS (-0,40 a -0,79) indicaram associação favorável. No entanto, verificou-se associação genética antagônica entre PL305 e IDP (0,59) na primeira parição. As correlações fenotípicas e de ambiente entre PL305 e IPP ou DPS também indicaram associação favorável (-0,25 a -0,42; e -0,14 a -0,44). Houve declínio da PL305 com aumento da fração de genes da raça Gir, enquanto os animais do grupo 1/2HOL:1/2GIR tiveram melhores desempenhos para IPP e IDP. Estes resultados revelam amplas variações genética, fenotípica e de ambiente que poderiam ser utilizadas nos programas de seleção.

Palavras chaves: características reprodutivas, Girolando, parâmetros genéticos, produção de leite

CHAPTER 3

GENETIC PARAMETERS FOR MILK PRODUCTION AND REPRODUCTIVE TRAITS IN BRAZILIAN GIROLANDO COWS

Abstract - The objective of this study was to estimate genetic heritabilities and phenotypic and environmental correlations between 305-day milk yield (M305) and reproductive traits age at first calving (AFC), calving interval (CI) and dry period length (DPL); and also to compare productive and reproductive performance of several cow breed groups during the first, second and third parturitions in Girolando cows of Brazil. Genetic parameters were estimated in single- and two-trait analyses by the method of restricted maximum likelihood (REML), through an animal model. Heritability estimates were similar between single- and two-trait analyses, and varied from 0.20 to 0.28, 0.00 to 0.08 and 0.07 to 0.14 for M305, CI and DPL, respectively, whereas AFC was 0.20. Genetic correlations between M305 and AFC (-0.49) or DPL (-0.40 to 0.79) show a favorable association. However, opposite genetic association was verified between M305 and CI (0.59) in the first calving. Environmental and phenotypic correlations between M305 and CI or DPL showed a favorable association (-0.25 to -0.42 and -0.14 to -0.44). Concerning the cow breed group, a decrease in M305 was observed as the gene fraction of the Gyr breed increased, whereas animals from the 1/2 Holstein + 1/2 Gyr crossbreeding group showed better performances for AFC and CI. These results reveal large genetic, phenotypic and environmental variances that could be used in selection programs.

Key words: genetic parameters, milk yield, reproductive traits, Girolando

INTRODUÇÃO

Nos sistemas de produção de leite em pastagem das regiões tropicais e subtropicais do Brasil predominam animais resultantes do cruzamento entre *Bos taurus* × *Bos indicus*, que possuem melhor adaptação às condições climáticas dessas regiões. A maior parte da produção de leite no Brasil é oriunda de animais do cruzamento das raças Holandesa e Gir, responsáveis por 80% da produção total (ABCG, 2012).

Durante os últimos anos, houve crescimento significativo na venda de sêmen da raça Girolando no Brasil, chegando à marca de 501.199 doses comercializadas em 2012 (ASBIA, 2013). Além disso, entre os anos 2000 e 2011 houve aumento de 15,7% na produção de leite de vacas Girolando (Silva et al., 2012).

Embora este cenário pareça favorável para a bovinocultura leiteira do Brasil, ainda existem vários obstáculos a ser superados, como, por exemplo, os problemas associados às interações das características produtivas com as reprodutivas e seus impactos nos programas de melhoramento genético. O desempenho reprodutivo é um dos principais fatores que influenciam a eficiência global e a rentabilidade das explorações leiteiras. Consequentemente, essas características são de interesse dos criadores, pois melhoram a rentabilidade dos seus rebanhos. No entanto, vários estudos indicam que o melhoramento genético para aumento da produção de leite tem como resposta correlacionada a redução na fertilidade, devido às correlações genéticas antagônicas entre as características de produção e reprodução (Castillo-Juarez et al., 2000; Ojango & Pollott, 2001; Pryce et al., 2002; Makgahlela et al., 2007; Sewalem et al., 2010). Em regiões tropicais e subtropicais, foram desenvolvidos alguns estudos sobre esse fenômeno e as conclusões foram de que o antagonismo genético entre produção e fertilidade encontrado no gado Holandês persiste também em populações de gado mestiço (Silva et al., 1998; Lôbo et al., 2000; Wenceslau et al., 2000; Balieiro et al., 2003). Todavia, não foram encontrados na literatura estudos sobre correlações entre características produtivas e reprodutivas na raça Girolando.

Os objetivos neste trabalho foram: a) estimar herdabilidades e correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre produção de leite em até 305 dias de lactação (PL305) e as características reprodutivas idade ao primeiro parto (IPP),

intervalo de partos (IDP) e duração do período seco (DPS); e b) comparar os desempenhos produtivo e reprodutivo de vários grupos genéticos de vacas da raça Girolando do Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

A base de dados inicial da qual foram extraídas as informações utilizadas neste estudo continha 86.863 registros, armazenados no Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Leite, fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG) sob gerenciamento da Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG).

Deste arquivo, foram gerados três subarquivos correspondentes à primeira, à segunda e à terceira parição. As características analisadas foram produção de leite em até 305 dias de lactação (PL305), idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IDP) e duração do período seco (DPS).

As informações dos subarquivos foram submetidas a várias restrições e eliminações pertinentes a cada característica. Eliminaram-se os registros de ano de parto anteriores a 2000 e posteriores a 2011; de duração de lactação inferiores a 100 e superiores a 730 dias; de intervalo de parto inferiores a 300 ou superiores a 730 dias; de produção de leite até 305 dias de lactação superiores a 20.000 kg; e de duração do período seco inferior a 20 e superiores a 300 dias. Foram utilizados nas análises os registros de vacas pertencentes a seis grupos genéticos do cruzamento das raças Holandesa e Gir ($1/4$ HOL + $3/4$ GIR, $3/8$ HOL + $5/8$ GIR, $1/2$ HOL + $1/2$ GIR, $5/8$ HOL + $3/8$ GIR, $3/4$ HOL + $1/4$ GIR, $7/8$ HOL + $1/8$ GIR), identificados pela fração de genes de Holandês, $1/4$, $3/8$, $1/2$, $5/8$, $3/4$, e $7/8$, respectivamente. Os grupos de contemporâneas foram definidos por rebanho-ano de parto para as características PL305, IDP e DPS; e rebanho-ano de nascimento para IPP com no mínimo três lactações; e pela utilização de pelo menos, dois touros por rebanho-ano. Além disso, foram consideradas duas épocas de parto (outubro-março e abril-setembro). Após as eliminações, o arquivo de *pedigree* utilizado para o cálculo da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright (NRM) possuía 26.969 animais (Tabela 1).

Tabela 1. Estatísticas descritivas para produção de leite e características reprodutivas de vacas Girolando nas três primeiras parições

Parto	Característica ¹	N	Media	DP	Mín	Máx	CV (%)
1°	PL305	10.900	3.937	1817	212	14.368	46,15
	IPP	10.900	1.075	183	700	1.650	17,03
	IDP	5.327	436	92	301	730	21,10
	DPS	4.880	110	66	20	300	60,06
2°	PL305	7.070	4.237	1995	191	19.183	47,07
	IDP	3.444	424	88	300	729	20,69
	DPS	3.229	117	66	20	300	56,31
3°	PL305	4.643	4.471	2105	214	16.981	47,08
	IDP	2.229	417	83	300	729	19,83
	DPS	2.115	114	62	20	300	54,10

¹ PL305 - produção de leite na primeira lactação em até 305 dias (kg); IPP - idade ao primeiro parto (dias); IDP - intervalo de partos (dias); DPS - duração do período seco (dias).

Para estimação dos parâmetros genéticos, foram realizadas análises uni e bicaracterísticas envolvendo as características produtivas e reprodutivas nas três parições. O modelo utilizado para as características PL305, IDP e DPS foi o seguinte:

$$y_{ijkl} = \mu + RAP_i + EP_j + GG V_k + b_1(I_{ijkl} - \bar{I}) + b_2(I_{ijkl} - \bar{I})^2 + a_{ijkl} + e_{ijkl} \quad [1]$$

em que: y_{ijkl} = valor observado de PL305, IDP ou DPS no animal l , de grupo genético k , na época j , na classe de rebanho-ano i ; RAP_i = efeito fixo do $i^{\text{ésimo}}$ rebanho-ano de parto, sendo $i = 1, 2, \dots, 951$; EP_j = efeito fixo da $j^{\text{ésima}}$ estação de parição, sendo $j = 1$ (out-mar) e 2 (abr-set); $GG V_k$ = efeito fixo do $k^{\text{ésimo}}$ grupo genético da vaca, sendo $k = 1, 2, \dots, 6$; b_1 e b_2 = coeficientes de regressão linear e quadrático da característica y_{ijkl} em relação à idade ao parto, incluída no modelo como covariável linear e quadrático; I_{ijkl} = idade ao parto, em meses; \bar{I} = média da idade ao parto, em meses; a_{ijkl} = efeito genético do animal l , tomado como aleatório, de grupo genético k , na época j , na classe de rebanho-ano i ; e_{ijkl} = erro aleatório associado à cada observação, suposto normal e independente.

Para a característica IPP, utilizou-se o seguinte modelo:

$$y_{ijkl} = \mu + RAN_i + EN_j + GG V_k + a_{ijkl} + e_{ijkl} \quad [2]$$

em que: RAN_i = efeito fixo do $i^{\text{ésimo}}$ rebanho-ano de nascimento, sendo $i = 1, 2, \dots, 1183$; EN_j = efeito fixo da $j^{\text{ésima}}$ estação de nascimento, sendo $j = 1$ (out-mar) e 2 (abr-set); e os demais termos, como definidos no modelo [1].

Análises bicaracterísticas foram realizadas entre cada par das características mencionadas anteriormente e dentro de cada ordem de parto para estimar correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente. Os modelos utilizados nessas análises foram semelhantes aos ajustados para as análises unicaracterísticas. As estimativas dos componentes de (co)variância foram obtidas pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) utilizando-se o programa WOMBAT (Meyer, 2007).

RESULTADOS

O grupo genético da vaca teve efeito significativo sobre a produção de leite e as características reprodutivas das vacas Girolando ($p < 0,05$, Tabela 2). As vacas do grupo genético 7/8 apresentaram melhor desempenho para produção de leite nas três parições, embora na terceira parição essa superioridade não tenha sido significativa em relação às vacas do grupo genético 3/4. As vacas do grupo genético 3/4 foram superiores ($p < 0,05$) às dos grupos 1/4, 3/8, 1/2 e 5/8 nas três parições. Entretanto, os desempenhos das vacas 5/8 e 1/2 foram similares ($p > 0,05$), mas significativamente superiores ($p < 0,05$) aos das vacas 3/8 e 1/4, que apresentaram o pior desempenho para todas as características estudadas. De maneira geral, houve redução da produção de leite quando se aumentou a fração Gir.

Na avaliação das características reprodutivas, verificou-se tendência de redução nos índices quando se aumentou a proporção de Holandês ou de Gir, ou seja, os animais com fração próxima a $1/2\text{HOL} + 1/2\text{GIR}$ tenderam a melhor desempenho reprodutivo. As vacas do grupo genético 1/2 apresentaram as menores estimativas de IPP, seguidas dos grupos 3/4 e 5/8, que mostraram desempenhos intermediários e com similares IPP; todavia, esses grupos genéticos foram superiores aos grupos 7/8, 3/8 e 1/4. O pior desempenho foi observado nas vacas do grupo 1/4 ($p < 0,05$).

Para a característica IDP, as vacas dos grupos genéticos 1/2, 3/8 e 5/8 foram similares e apresentaram menor desempenho em relação às dos demais grupos na primeira parição. Já na segunda e terceira parições, os grupos 3/4 e 7/8 tiveram os piores desempenhos para IDP. Não houve diferença ($p < 0,05$) entre os grupos 3/8, 1/2

e 5/8 (segunda parição) e 1/4, 3/8 e 5/8 (terceira parição). Com relação à DPS, os animais dos grupos 7/8 e 3/4 (maior porcentagem de HOL) tiveram menores períodos secos nas três partições, enquanto os dos grupos 1/4 e 3/8 (maior porcentagem de GIR) apresentaram os maiores períodos secos ($p < 0,05$).

Tabela 2. Estimativas de médias de mínimos quadrados e erros-padrão dos diferentes grupos genéticos para produção de leite e características reprodutivas de vacas Girolando nas três primeiras partições

Parto	Caract. ¹	Grupo genético					
		1/4	3/8	1/2	5/8	3/4	7/8
1°	PL305	3084 ± 96 ^c	3310 ± 74 ^d	3854 ± 36 ^c	3933 ± 31 ^c	4197 ± 31 ^b	4399 ± 56 ^a
	IDP	469 ± 10 ^{ab}	439 ± 7 ^{cd}	437 ± 3 ^d	443 ± 3 ^d	453 ± 3 ^{bc}	466 ± 5 ^a
	DPS	164 ± 8 ^a	143 ± 5 ^b	124 ± 2 ^c	124 ± 2 ^c	117 ± 2 ^d	114 ± 4 ^d
	IPP	1165 ± 10 ^a	1132 ± 8 ^b	1051 ± 4 ^e	1081 ± 4 ^d	1075 ± 3 ^d	1106 ± 6 ^c
2°	PL305	3436 ± 127 ^e	3832 ± 105 ^d	4204 ± 48 ^c	4301 ± 45 ^c	4584 ± 43 ^b	4908 ± 75 ^a
	IDP	408 ± 12 ^b	433 ± 9 ^{ab}	426 ± 4 ^b	429 ± 4 ^b	440 ± 4 ^a	445 ± 6 ^a
	DPS	159 ± 9 ^a	132 ± 7 ^{bc}	128 ± 3 ^b	121 ± 3 ^{bc}	118 ± 3 ^{cd}	110 ± 5 ^d
3°	PL305	3339 ± 164 ^d	3894 ± 135 ^c	4288 ± 62 ^b	4430 ± 58 ^b	4876 ± 56 ^a	4937 ± 93 ^a
	IDP	432 ± 14 ^{ab}	420 ± 11 ^{ab}	414 ± 5 ^b	426 ± 5 ^{ab}	429 ± 5 ^a	433 ± 7 ^a
	DPS	144 ± 10 ^a	134 ± 8 ^{ab}	125 ± 4 ^{ab}	120 ± 4 ^{bc}	109 ± 3 ^d	107 ± 6 ^{cd}

¹ PL305 - produção de leite na primeira lactação em até 305 dias (kg); IPP - idade ao primeiro parto (dias); IDP - intervalo de partos (dias); DPS - duração do período seco (dias). ^{a-e} Estimativas das médias de mínimos quadrados com letras diferentes sobrescritas na mesma linha diferem estatisticamente ($p < 0,05$).

As estimativas de herdabilidade para produção de leite e características reprodutivas obtidas nas análises uni e bicaracterísticas foram semelhantes para a maioria das características estudadas (Tabela 3). As herdabilidades da PL305 na primeira e segunda partições foram semelhantes (0,27 e 0,28) e menores na terceira parição (0,20), enquanto as DPS apresentaram estimativas similares na primeira e segunda partições (0,08 e 0,07), porém menores que a obtida na terceira parição (0,14).

Para IDP, essas estimativas foram próximas a zero na primeira e segunda parição e maior na terceira parição (0,08). Ressalta-se que as estimativas de herdabilidade para IDP e DPS apresentaram erros-padrão elevados. A IPP foi avaliada apenas na primeira parição e apresentou estimativa de herdabilidade moderada (0,20), indicando que apresenta variação genética aditiva, fato que justifica sua inclusão nos programas de melhoramento. A IPP é uma característica de grande importância econômica, uma vez que determina o início da vida produtiva do animal e, portanto, pode influenciar na produtividade do animal ao longo de sua vida. Além da herdabilidade, as estimativas do coeficiente de variação genética aditiva (CV_a)

proporcionam informação adicional de variabilidade genética. Essas estimativas revelam que as de maior variação genética na população foram PL305 (15,03 a 18,29%) e DPS (13,43 a 18,60%) ao longo das três parições, enquanto que as de menor variação foram IPP (5,7%) e IDP (0,16 a 5,04 %).

Tabela 3. Estimativas de herdabilidade (h^2) para produção de leite e características reprodutivas de vacas Girolando nas três primeiras parições por meio da análise uni e bicaracterísticas

Parto	Caract. ¹	Análise unicaracterística				Análise bicaracterística											
		PL305		IPP		IDP		DPS		PL305		IPP		IDP		DPS	
		h^2	EP	σ_a	$CV_a(\%)$	h^2	EP	h^2	EP	h^2	EP	h^2	EP	h^2	EP	h^2	EP
1°	PL305	0,27	0,03	677,32	17,20	-		0,27	0,03	0,27	0,03	0,27	0,03				
	IPP	0,20	0,03	61,25	5,70	0,21	0,03	-		0,20	0,03	0,21	0,03				
	IDP	0,01	0,02	6,64	1,52	0,02	0,02	0,01	0,02	-		0,01	0,02				
	DPS	0,08	0,04	16,26	14,73	0,08	0,03	0,08	0,04	0,07	0,03						
2°	PL305	0,28	0,04	775,09	18,29	-		-		0,28	0,04	0,28	0,04				
	IDP	0,00	0,04	0,68	0,16	0,01	0,04	-		-		0,00	0,04				
	DPS	0,07	0,05	15,74	13,43	0,10	0,05	-		0,06	0,05						
3°	PL305	0,20	0,05	672,15	15,03	-		-		0,20	0,05	0,20	0,05				
	IDP	0,08	0,07	21,03	5,04	0,09	0,07	-		-		0,07	0,07				
	DPS	0,14	0,08	21,17	18,60	0,15	0,08	-		0,09	0,08						

¹ PL305 - produção de leite na primeira lactação em até 305 dias (kg); IPP - idade ao primeiro parto (dias); IDP - intervalo de partos (dias); DPS - duração do período seco (dias).

As correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre PL305 e IPP na primeira parição foram negativas e de baixas a moderadas magnitudes, com valores de -0,49; -0,25; e -0,11, respectivamente (Tabela 4). Tendências similares foram obtidas entre PL305 e DPS nas três parições, e com valores diferentes de zero. A maior correlação genética entre PL305 e DPS foi observada na primeira parição (-0,79), sugerindo que a seleção genética para aumento de PL305 resultaria em redução de DPS.

Entre IPP e DPS, bem como entre IPP e IDP, observaram-se correlações genéticas positivas e de baixas magnitudes, 0,28 e 0,15, respectivamente, durante a primeira parição. As respectivas correlações fenotípicas e de ambiente mostraram-se positivas e baixas para IPP e DPS (0,06 e 0,01, respectivamente) e negativas e baixas entre IPP e IDP (-0,05 e -0,06, respectivamente).

Tabela 4. Correlações genéticas (r_G), fenotípicas (r_F) e de ambiente (r_E) e erros-padrão (EP) entre produção de leite e características reprodutivas de vacas Girolando nas três primeiras parições

Parto	Característica ¹		Correlações genéticas		Correlações fenotípicas		Correlações de Ambiente	
			r_G	EP	r_F	EP	r_E	EP
1°	PL305	IPP	-0,49**	0,09	-0,25**	0,01	-0,11**	0,03
	PL305	IDP	0,59	0,42	0,15**	0,02	0,13**	0,03
	PL305	DPS	-0,79**	0,15	-0,37**	0,01	-0,31**	0,03
	IPP	DPS	0,28	0,19	0,06*	0,02	0,01	0,03
	IPP	IDP	0,15	0,66	-0,05*	0,02	-0,06*	0,03
	IDP	DPS	-0,53**	0,10	0,51**	0,01	0,55**	0,02
2°	PL305	IDP	nc		0,14**	0,02	0,10*	0,04
	PL305	DPS	-0,40*	0,19	-0,42**	0,02	-0,44**	0,04
	IDP	DPS	-0,64	nc	0,52**	0,02	0,54**	0,03
3°	PL305	IDP	-0,54	0,37	0,14**	0,03	0,25**	0,06
	PL305	DPS	-0,62*	0,23	-0,40**	0,02	-0,36**	0,05
	IDP	DPS	0,26	0,62	0,54**	0,02	0,56**	0,04

¹ PL305 - produção de leite na primeira lactação em até 305 dias (kg); IPP - idade ao primeiro parto (dias); IDP - intervalo de partos (dias); DPS - duração do período seco (dias). * p<0,05; ** p<0,01; nc = não convergiu.

A correlação genética entre PL305 e IDP foi positiva e de magnitude moderada na primeira parição (0,59), de similar magnitude, porém negativa na terceira parição (-0,54), enquanto na segunda parição não convergiu. As correlações fenotípicas e de ambiente mostraram tendências positivas e de baixa magnitude ao longo das parições (0,14 a 0,15; e 0,10 a 0,25, respectivamente). Já entre IDP e DPS verificaram-se correlações genéticas negativas e de magnitudes moderadas, -0,53 e -0,64, respectivamente, durante o primeiro e segundo partos, porém na terceira parição, esse valor foi positivo e baixo (0,26). As correlações fenotípicas e de ambiente para essas características foram também positivas, e de moderada magnitude, e oscilaram de 0,51 a 0,54; e 0,54 a 0,56, respectivamente, nas três parições.

DISCUSSÃO

O grupo genético teve efeito significativo sobre as variáveis estudadas. Os animais do grupo genético 7/8 e 3/4 tiveram maiores desempenhos de PL305 em relação aos animais dos outros grupos genéticos (p<0,05), porém houve declínio desse desempenho conforme aumentou a proporção de genes da raça Gir. Resultados semelhantes foram relatados na literatura científica para animais mestiços Holandês × Gir (Facó et al., 2007; McManus et al., 2008b), Holandês × Zebu (Grossi &

Freitas, 2002; Guimarães et al., 2002) no Brasil e na raça Girolando no Benim (Alkoiret et al., 2011). Esses autores observaram maior produção de leite por lactação para animais com maior composição genética da raça Holandesa. No entanto, Barbosa et al. (2008), ao trabalharem com vacas mestiças Holandês × Gir no estado de Pernambuco utilizando registros mensais de produção no dia do controle, relataram maiores desempenhos de produção de leite, gordura e proteína nos animais do grupo 1/2, seguidos pelos animais do grupo 5/8. Os autores atribuíram essa superioridade à máxima heterose desses animais, que provavelmente foi influenciada pelos efeitos genéticos não-aditivos. De fato, Madalena et al. (1990) relataram que animais F₁ em geral apresentam maior produção de leite e menores IPP em relação aos grupos genéticos com maior herança Holandesa, porém essa superioridade declina com o aumento do nível de produção em resposta a uma melhoria do ambiente.

Embora não tenha sido avaliada a heterose neste estudo, os melhores desempenhos dos grupos 7/8 e 3/4 poderiam ser atribuídos a um ambiente melhorado nesses rebanhos, que favoreceria o desempenho dos animais com maior fração de genes de Holandês. Os melhores desempenhos quanto às características reprodutivas foram observados no grupo 1/2, que apresentou os menores índices de IPP e IDP ($p < 0,05$). Estes resultados são semelhantes aos relatados em pesquisas com vacas mestiças Holandês × Gir (Facó et al., 2005) e em mestiços Holandês × Guzerá (Madalena et al., 1990), porém diferem dos obtidos por McManus et al. (2008b), que destacaram os animais 3/4 como os mais precoces (844,4 dias de IPP) e com menores IDP (355,7 dias). Os autores concluíram que as condições de ambiente foram limitantes para animais puros da raça Holandesa expressarem seu potencial genético. Na República do Benim, Alkoiret et al. (2011), em estudo com vacas Girolando, relataram maiores desempenhos de IPP nos animais com 62,5% de genes da raça Gir, porém a proporção de genes da raça Gir não teve efeito sobre o IDP nem sobre a DPS. No entanto, em outros estudos com vacas mestiças Holandês × Zebu, não foram observados efeitos significativos dos grupos genéticos sobre a IPP (Guimarães et al., 2002) nem sobre a IDP (Grossi & Freitas, 2002).

Os resultados obtidos neste estudo para DPS são menores que os obtidos por Alkoiret et al. (2011) na raça Girolando. Não obstante, verificou-se a mesma tendência de redução da DPS com o aumento da fração de genes da raça Holandesa.

Assim, os autores observaram menores DPS nos grupos genéticos 1/2 e 3/4 em comparação ao grupo 3/8, porém essas diferenças não foram significativas. Similares tendências foram também observadas por Pereira et al. (2000), em pesquisa com três grupos genéticos (31/32 Holandês-Zebu, Puros por cruza com geração controlada e Puros de Origem). Esses autores observaram menores índices de DPS nos animais 31/32 (112,6 dias) em comparação aos animais puros por cruza com origem controlada e puros de origem, com 130,2 e 125,6 dias, respectivamente, com nível de produção baixo, caracterizado por todas as lactações com menos de 3.800 kg de leite (um desvio-padrão abaixo da média).

As herdabilidades para PL305 obtidas em análises uni e bicaracterísticas foram similares dentro de parições e diferentes entre parições. A menor herdabilidade na terceira parição pode ter sido ocasionada pela alta variação fenotípica observada (33,2 e 7,5% maior que as variâncias fenotípicas da primeira e da segunda parição), devido a fatores de ambiente não-identificáveis ou aleatórios (clima, nível de produção, erros de identificação, tamanho de população avaliada, entre outros). As herdabilidades para PL305 obtidas neste estudo encontram-se dentro das faixas relatadas (0,19 a 0,37) para vacas mestiças Holandês × Gir (Facó et al., 2007; Facó et al., 2008; Facó et al., 2009). São também semelhantes ao valor de 0,28 obtido por Vercesi Filho et al. (2007) em trabalho com fêmeas Mestiço Leiteiro Brasileiro (MLB). No entanto, são menores que o valor de 0,32 mencionado por Lôbo et al. (2000) em revisão da literatura sobre parâmetros genéticos nas regiões tropicais. As diferenças em relação às estimativas relatadas na literatura podem ser atribuídas a vários fatores, entre eles, níveis de produção, tamanho de população, modelo de análise, medida utilizada (produção ajustada ou total), efeitos de ambiente, e outros, que afetam as variâncias genéticas e de ambiente. No entanto, independentemente das variações observadas entre estimativas, a herdabilidade obtida neste estudo é de magnitude moderada, o que significa uma considerável variância genética aditiva, que acarretará razoável resposta à seleção.

As estimativas de herdabilidade para IPP obtidas em análises uni e bicaracterísticas oscilaram de 0,20 a 0,21. Valores próximos foram relatados por Balieiro et al. (2003), que obtiveram herdabilidades para IPP de 0,17 e 0,18 em análises uni e bicaracterísticas, respectivamente, em rebanhos da raça Gir.

A herdabilidade para IPP obtida neste estudo (0,20) encontra-se dentro da faixa 0,17 a 0,22 relatada para a raça Gir (Balieiro et al., 2003; Santana Júnior et al., 2010). No entanto, é inferior às estimativas de 0,33; 0,48; e 0,70 relatadas para as mestiças Holandês × Gir, MLB e Holandês × Boran, respectivamente (Vercesi Filho et al., 2007; Facó et al., 2008; Haile et al., 2009); e às de 0,23 a 0,35, relatadas na raça Holandesa no Brasil (Val et al., 2004; McManus et al., 2008a). A herdabilidade da característica IPP obtida indica que a utilização dessa característica como critério de seleção deverá promover moderado progresso genético quanto à precocidade sexual em rebanhos Girolando.

As herdabilidades obtidas para IDP foram baixas em todas as parições (0,00 a 0,08). O maior valor da terceira parição (0,08) deveu-se à maior variação genética e à menor variação fenotípica em relação às obtidas nas demais parições. Estimativas relativamente pequenas são comuns em muitas características de fertilidade em bovinos leiteiros. De fato, Berglund (2008) mencionou que, além das dificuldades na sua mensuração, apresentam herdabilidades muito baixas, geralmente inferiores a 0,05, principalmente devido a uma grande influência dos efeitos de manejo e ambiente. Estudos sobre herdabilidades para IDP envolvendo as três parições em raças mestiças no Brasil são escassos na literatura. As estimativas obtidas nesta pesquisa são menores que as descritas por Balieiro et al. (2003), exceto na terceira parição (0,08 vs 0,05), para a raça Gir, e a obtida por Silva et al. (1998), de 0,12 para primeiro intervalo de parto na raça Holandesa no Brasil. No entanto, são próximas às obtidas na raça Holandesa em outras latitudes (Ojango & Pollot, 2001; Montaldo et al., 2010). Diferenças entre as estimativas obtidas neste estudo e as obtidas em outros países possivelmente se devem a diferenças em manejo e clima, que afetam as variâncias genéticas e de ambiente, como constatado por Berglund (2008).

As baixas estimativas de herdabilidade para IDP obtidas neste estudo foram ocasionadas pela elevada fração da variância fenotípica, devida à a variação de ambiente, sugerindo que grande parte do melhoramento desta característica poderia ser obtido pela melhoria do ambiente de produção, ao invés da seleção. A herdabilidade da característica DPS foi semelhante nas duas primeiras parições (~0,08), porém o valor foi maior na terceira parição (0,14). A maior estimativa da DPS foi provocada pela maior variância genética observada na terceira parição ($CV_a = 18,6\%$). Existem poucos trabalhos na literatura sobre estimativas de herdabilidade

para DPS no Brasil. Os resultados obtidos são superiores aos mencionados em pesquisas envolvendo todas as lactações (modelos de repetibilidade), como os relatados por Pereira et al. (2000), que obtiveram estimativas de 0,004 e 0,0001 utilizando análises uni e bicaracterísticas, respectivamente, em rebanhos Gir no Brasil. São também superiores aos obtidos por Silva et al. (2006b), que obtiveram o valor de 0,06 com vacas do ecótipo Mantiqueira no Brasil; e também aos obtidos por Rehman et al. (2008), que relataram valor de 0,05 com dados da primeira lactação de vacas Sahiwal no Paquistão. As baixas estimativas para DPS relatadas neste estudo indicam que a seleção para essa característica seria pouco efetiva.

A moderada correlação genética negativa entre PL305 e IPP (-0,49) obtida na primeira parição implica que parte dos genes de ação aditiva que influenciam positivamente a produção de leite atua na redução da idade ao primeiro parto. Este resultado sugere que filhas de touros com alto valor genético para produção de leite em até 305 dias apresentam maior precocidade sexual. Portanto, a seleção para o aumento da produção de leite resultaria, como resposta correlacionada, em maior precocidade das novilhas. A correlação genética entre PL305 e IPP obtida no presente estudo é superior à de -0,29, descrita por Balieiro et al. (2003) em pesquisa com vacas da raça Gir; e à de -0,20, relatada por Val et al. (2004) para vacas Holandesas. É inferior às de -0,65 e -0,63, mencionadas por Silva et al. (1998) e Silva et al. (2001) para vacas Holandesas e mestiças do ecótipo Mantiqueira, respectivamente. No entanto, Wenceslau et al. (2000), em estudo com bovinos da raça Gir Leiteiro, relataram correlação genética antagônica entre ambas as características (0,49).

As correlações fenotípicas e de ambiente (-0,25 e -0,11, respectivamente), diferiram das obtidas por Balieiro et al. (2003), que relataram valores de 0,02 e 0,11, respectivamente, para a raça Gir; por Silva et al. (1998), de 0,09 e 0,22 para a raça Holandesa; e por Silva et al. (2001), de 0,16 e 0,71 para vacas do ecótipo Mantiqueira.

As correlações genéticas entre as características PL305 e IDP foram de 0,59 e -0,54 na primeira e terceira partições, respectivamente, o que indica antagonismo genético entre essas características apenas na primeira parição, embora essas estimativas sejam de baixa acurácia. Pesquisadores no Brasil que relataram estimativas de similar magnitude na primeira parição têm constatado antagonismo

entre ambas as características (Silva et al., 1998; Lôbo et al., 2000; Balieiro et al., 2003). No entanto, outros autores não encontraram associação genética desfavorável entre produção de leite e intervalo de partos (Ojango & Pollot, 2001; Val et al., 2004; Montaldo et al., 2010). As correlações fenotípicas e de ambiente foram de magnitude baixa a moderada, oscilando de 0,14 a 0,15; e 0,10 a 0,25, respectivamente, nas três primeiras parições. Estes resultados são próximos aos valores descritos por Montaldo et al. (2010) no México, de 0,07 a 0,15; e 0,09 a 0,17, respectivamente, para vacas Holandesas nas três primeiras parições; porém menores que os valores de 0,23 a 0,26 e 0,19 a 0,27, respectivamente, estimados por Balieiro et al. (2003) para animais da raça Gir nas três primeiras parições. Os resultados deste estudo indicam possíveis influências das práticas de manejo do criador, uma vez que os criadores geralmente dão maior atenção às suas vacas de alta produção, preocupando-se mais com fatores nutricionais, tratamentos veterinários diferenciados, maiores doses para re-inseminação no caso de falhas de concepção, entre outros.

As correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre PL305 e DPS oscilaram entre -0,40 a -0,79; -0,37 a -0,42 e -0,31 a -0,44, respectivamente, nas três parições. Estudos sobre correlações entre produção de leite e duração de período seco são escassos na literatura. Em um estudo com bovinos da raça Sahiwal e mestiços oriundos do cruzamento entre esta raça e a Holandesa e Jersey no Paquistão, Ahmad et al. (2001) relataram estimativas de -0,99 e -0,27 para as correlações genéticas e fenotípicas, respectivamente. Entretanto, estimativas de sinal contrário foram obtidas por Rehman et al. (2008), que relataram valores de 0,53; 0,27; e 0,17 para as correlações genética, fenotípica e de ambiente, respectivamente, em vacas da raça Sahiwal no Paquistão. Em geral, os resultados deste estudo sugerem associação favorável entre ambas as características, portanto, a seleção para maior produção de leite levaria a menor duração do período seco, possivelmente devido ao aumento da duração da lactação.

A correlação genética entre IDP e DPS no primeiro parto (-0,53) foi de magnitude moderada, enquanto as correlações fenotípicas (0,51 a 0,54) e de ambiente (0,54 a 0,56) foram também de magnitude moderada. Estes resultados diferem dos obtidos por Ahmad et al. (2001), que relataram valores de 0,96 e 0,84 para as correlações genéticas e fenotípicas, respectivamente, em vacas puras e mestiças, no Paquistão; e dos obtidos por Lôbo et al. (2000), que relataram valores de

0,97 e 0,74 para as correlações genéticas e fenotípicas, com bovinos em clima tropical. A correlação genética entre IDP e DPS implica que os genes que provocam aumento do IDP pelo aumento da duração da lactação, por conseguinte, reduzem o DPS. No entanto, a correlação fenotípica observada entre ambas as características implicaria que animais com menores intervalos de parto apresentam períodos secos mais curtos.

A correlação fenotípica entre duas características depende das correlações genéticas e de ambiente e das herdabilidades de ambas as características. Se ambas as características apresentam baixas herdabilidades, então, a correlação fenotípica é determinada, principalmente, pela correlação ambiental, caso contrário, a correlação genética é mais importante (Falconer & Mackay, 1996; Lopes, 2005). Assim, a associação fenotípica entre IDP e DPS é resultante, principalmente, de fatores de ambiente, uma vez que as herdabilidades para ambas as características foram próximas de zero ($\leq 0,08$). Entre os possíveis fatores de ambiente, pode-se mencionar, por exemplo, estratégias de manejo do criador, que frequentemente ajustam estas variáveis reprodutivas segundo seus interesses econômicos. As correlações fenotípicas e de ambiente para IPP e IDP foram próximas a zero e estão dentro da faixa de valores estimados por alguns autores (Ojango & Pollot, 2001; Montaldo et al., 2010).

CONCLUSÕES

Os melhores desempenhos para produção de leite são obtidos com animais do grupo genético 7/8HOL+1/8GIR e 3/4HOL+1/4GIR, que apresentam declínio do nível de produção conforme se aumenta a fração de genes da raça Gir. Animais do grupo genético 1/2HOL+1/2GIR, no entanto, têm melhores desempenhos para idade ao primeiro parto e intervalo de partos. Associação genética antagônica entre produção de leite e intervalo de partos indica que a ênfase da seleção para produção de leite teria como resposta correlacionada aumento do intervalo de partos. As amplas variações genéticas da raça Girolando para produção de leite e características reprodutivas, quando devidamente utilizadas no programa de melhoramento genético, podem permitir ganhos genéticos moderados para essas características de maior interesse dos criadores da raça, contribuindo, a longo prazo, para melhoria das eficiências produtiva e reprodutiva dos rebanhos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ahmad M, Van Der Werf JHJ e Laved K (2001). Genetic and phenotypic correlations for some economic traits in dairy cattle. *Pak. Vet. J.* 21(2): 81–86.
- Alkoiret IT, Yari HM, Gbangboche AB e Lokossou R (2011). Reproductive Performance and Milk Production of Girolando Cows in the Ranch of Kpinnou, South-West of Benin Republic. *J. Anim. Vet. Adv.* 10(19): 2588–2592.
- Associação Brasileira dos Criadores de Girolando ABCG (2012). Girolando - A raça mais versátil do mundo tropical. Available at [<http://www.girolando.com.br/site/ogirolando/performance.php>]. Accessed May 12, 2012.
- Associação Brasileira de Inseminação Artificial - ASBIA (2013). Relatório Anual de importação, exportação e comercialização de sêmen 2012. Disponível em: <<http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/index2012.pdf>> Acesso em: 12 abr. 2013.
- Balieiro ES, Pereira JCC, Verneque RS, Balieiro JCC, et al. (2003). Estimativas de herdabilidade e correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente entre algumas características reprodutivas e produção de leite na raça Gir. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 55(1): 85–91.
- Barbosa SBP, Ramalho RP, Monardes HG, Dias FM, et al. (2008). Milk and fat production of crossbred Holstein-Gir cows (*Bos taurus taurus*-*Bos taurus indicus*) in the Agreste region of the Brazilian state of Pernambuco. *Genet. Mol. Biol.* 31(2): 468–474.
- Berglund B (2008). Genetic Improvement of Dairy Cow Reproductive Performance. *Reprod. Domest. Anim. Suppl* 2, 43: 89–95.
- Castillo-Juarez H, Oltenacu PA, Blake RW, McCulloch CE, et al. (2000). Effect of herd environment on the genetic and phenotypic relationships among milk yield, conception rate, and somatic cell score in Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 83(4): 807–814.
- Facó O, Lôbo RNB, Martins Filho R e Lima FAM (2005). Idade ao Primeiro Parto e Intervalo de Partos de Cinco Grupos Genéticos Holandês × Gir no Brasil. *Rev. Bras. Zootec.* 34(6): 1920–1926.
- Facó O, Martins Filho R, Lôbo RNB, Oliveira SMP, et al. (2007). Heterogeneidade de (co)variância para a produção de leite nos grupos genéticos formadores da raça Girolando. *Rev. Ciên. Agron.* 38(3): 304–309.
- Facó O, Lôbo RNB, Martins Filho R, Martins GA, et al. (2008). Efeitos genéticos aditivos e não-aditivos para características produtivas e reprodutivas em vacas mestiças Holandês × Gir. *Rev. Bras. Zootec.* 37(1): 48–53.

- Facó O, Martins Filho R, Lôbo RNB, Azevedo DMMR, et al. (2009). Efeito da redução da variação da duração de lactação na avaliação genética de bovinos leiteiros mestiços. *Rev. Ciên. Agron.* 40(2): 287–292.
- Falconer DS e Mackay TFC (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Longman Group Ltd., Essex.
- Grossi SF e Freitas MAR (2002). Eficiência Reprodutiva e Produtiva em Rebanhos Leiteiros Comerciais Monitorados por Sistema Informatizado. *Rev. Bras. Zootec.* 31(3): 1362–1366.
- Guimarães JD, Alves NG, Costa EP, Silva MR, et al. (2002). Eficiências reprodutiva e produtiva em vacas das raças Gir, Holandês e cruzadas Holandês x Zebu. *Rev. Bras. Zootec.* 31(2): 641–647.
- Haile A, Joshi BK, Ayalew W, Tegegne A, et al. (2009). Genetic evaluation of Ethiopian Boran cattle and their crosses with Holstein Friesian in central Ethiopia: reproductive traits. *J. Agr. Sci.* 147(1): 81–89.
- Lôbo RNB, Madalena FE e Vieira AR (2000). Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. *Anim. Breed. Abstr.* 68(6): 433–462.
- Lopes PS (2005). *Teoria do Melhoramento Animal*. 1th Ed. FEPMVZ, Belo Horizonte.
- Madalena FE, Teodoro RL, Lemos AM, Monteiro JBN, et al. (1990). Evaluation of Strategies for Crossbreeding of Dairy Cattle in Brazil. *J. Dairy Sci.* 73(7): 1887–1901.
- Makgahlela ML, Banga CB, Norris D, Dzama K, et al. (2007). Genetic correlations between female fertility and production traits in South African Holstein cattle. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 37(3): 180–188.
- McManus C, Louvandini H, Falcão RA, Garcia JAS, et al. (2008a). Parâmetros reprodutivos para gado Holandês em confinamento total no Centro-Oeste do Brasil. *Ciênc. Anim. Bras.* 9(2): 272–283.
- McManus C, Teixeira RA, Dias LT, Louvandini H, et al. (2008b). Características produtivas e reprodutivas de vacas Holandesas e mestiças Holandês × Gir no Planalto Central. *Rev. Bras. Zootec.* 37(5): 819–823.
- Meyer K (2007) WOMBAT– a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *J. Zhejiang Univ. Sci. B.* 8(11): 815–821.
- Montaldo HH, Castillo-Juárez H, Valencia-Posadas M, Cienfuegos-Rivas EG, et al. (2010). Genetic and environmental parameters for milk production, udder health, and fertility traits in Mexican Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 93(5): 2168–2175.
- Ojango JM e Pollot GE (2001). Genetics of milk yield and fertility traits in Holstein-Friesian cattle on large-scale Kenyan farms. *J. Anim. Sci.* 79(7): 1742–1750.

- Panetto JCC, Val JE, Marcondes CR, Peixoto MGCD, et al. (2012). Female fertility in a Guzerat dairy subpopulation: Heterogeneity of variance components for calving intervals. *Livest. Sci.* 145(1-3): 87–94.
- Pereira IG, Gonçalves TM, Oliveira AIG e Teixeira NM (2000). Fatores de Variação e Parâmetros Genéticos dos Períodos de Serviço e Seco em Bovinos da Raça Holandês no Estado de Minas Gerais. *Rev. Bras. Zootec.* 29(4): 1005–1013.
- Pryce JE, Coffey MP, Brotherstone SH e Woolliams JA (2002). Genetic relationships between calving interval and body condition score conditional on milk yield. *J. Dairy Sci.* 85(6): 1590–1595.
- Rehman ZU, Khan MS, Bhatti SA, Iqbal J, et al. (2008). Factors affecting first lactation performance of Sahiwal cattle in Pakistan. *Arch. Tierz.* 51(4): 305–317.
- Santana Júnior ML, Lopes PS, Verneque RS, Pereira RJ, et al. (2010). Parâmetros genéticos de características reprodutivas de touros e vacas Gir Leiteiro. *Rev. Bras. Zootec.* 39(8): 1717–1722.
- Sewalem A, Kistemaker GJ e Miglior F (2010). Relationship between female fertility and production traits in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 93(9): 4427–4434.
- Silva MVGB, Bergmann JAG, Martinez ML, Pereira CS, et al. (1998). Associação genética, fenotípica e de ambiente entre medidas de eficiência reprodutiva e produção de leite na raça holandesa. *Rev. Bras. Zootec.* 27(6): 1115–1122.
- Silva MVGB, Cobuci JA, Ferreira WJ, Guaragna GP, et al. (2001). Respostas Correlacionadas em Características Reprodutivas no Programa de Melhoramento do Ecótipo Mantiqueira para Produção de leite. *Rev. Bras. Zootec.* 30(4): 1228–1235.
- Silva MVGB, Cobuci JA, Ferreira WJ, Oliveira PRP, et al. (2006a). Efeitos genéticos e de ambiente em um rebanho do ecótipo Mantiqueira. I. Características reprodutivas. *Ciênc. Agrotec.* 30(3): 522–528.
- Silva MVGB, Ferreira WJ, Cobuci JA, Oliveira PRP, et al. (2006b). Efeitos genéticos e de ambiente em um rebanho do ecótipo Mantiqueira. II. Características produtivas. *Ciênc. Agrotec.* 30(3): 529–537.
- Silva MVGB, Paiva LC, Cembranelli MAR, Martins MF, et al. (2012). Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando – Sumário de Touros – Resultado do Teste de Progênie - Julho/2012, Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2012. 52 p. (Embrapa Gado de Leite, Documentos, 154).
- Val JE, Freitas MAR, Oliveira HN, Cardoso VL, et al. (2004). Indicadores de desempenho em rebanho da raça Holandesa: curvas de crescimento e altura, características reprodutivas, produtivas e parâmetros genéticos. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 56(1): 86–93.
- Vercesi Filho AE, Madalena FE, Albuquerque LG, Freitas AF, et al. (2007). Parâmetros genéticos entre características de leite, de peso e a idade ao primeiro

parto em gado mestiço leiteiro (*Bos taurus* x *Bos indicus*). *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 59(4): 983–990.

Wenceslau AA, Lopes PS, Teodoro RL, Verneque RS, et al. (2000). Estimação de Parâmetros Genéticos de Medidas de Conformação, Produção de Leite e Idade ao Primeiro Parto em Vacas da Raça Gir Leiteiro. *Rev. Bras. Zootec.* 29(1): 153–158.

CAPÍTULO 4

ESTIMATIVAS DE TENDÊNCIAS GENÉTICAS PARA A PRODUÇÃO DE LEITE E CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM BOVINOS GIROLANDO NO BRASIL

Resumo - Foram estimadas tendências genéticas anuais e diferenciais de seleção para produção de leite até 305 dias (PL305), idade ao primeiro parto (IPP) e primeiro intervalo de partos (PIDP) considerando-se as quatro trajetórias de seleção – touros pais de touros (SB), vacas mães de touros (DB), touros pais de vacas (SC) e vacas mães de vacas (DC) – em bovinos leiteiros da raça Girolando no Brasil. Utilizaram-se 12.739 registros de lactações de vacas que pariram no período de 2000 a 2011, fornecidos pela Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG). Foram utilizados três períodos: 1) 1979 a 1996, correspondente à formação e expansão da raça; 2) 1997 a 2007, implantação do programa de melhoramento genético; 3) 1979 a 2007, período completo. Os maiores diferenciais de seleção para PL305 foram encontrados nas trajetórias SB e DB. As maiores estimativas de mudanças genéticas anuais para PL305 foram obtidas durante o segundo período, com valores de 43,06 e 101,97 kg de leite/ano nas trajetórias de seleção SC e DB, respectivamente. Resposta genética favorável foi encontrada para IPP nas trajetórias SB e SC, com médias de -4,24 (segundo período) e -0,32 dias/ano (período completo), respectivamente. Para PIDP, a resposta genética foi pequena em todas as trajetórias de seleção. A mudança genética anual para PL305 e IPP, quando combinadas as quatro trajetórias de seleção, foram de 7,40 kg leite/ano e -0,13 dias/ano durante o período completo. Em geral, os resultados deste estudo comprovam que o programa genético implantado teve positivo impacto sobre PL305 e IPP e nenhum impacto sobre o PIDP nos 23 anos de formação da raça Girolando.

Palavras chave: diferencial de seleção, Girolando, tendência genética, trajetórias de seleção

CHAPTER 4

ESTIMATES OF GENETIC TRENDS FOR MILK YIELD AND REPRODUCTIVE TRAITS IN GIROLANDO CATTLE IN BRAZIL

Abstract - Annual genetic trends and selection differentials were estimated for 305-day milk yield (305MY), age at first calving (AFC) and first calving interval (FCI) considering the four selection paths - sires of bulls (SB), dams of bulls (DB), sires of cows (SC) and dams of cows (DC) - in Girolando dairy cattle in Brazil. We used 12,739 lactations records of cows that calved in the period from 2000 to 2011, provided by Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (Brazilian Association of Girolando Cattle Breeders - ABCG). Three periods were considered: 1) 1979 to 1996, corresponding to the formation and expansion of the breed; 2) 1997 to 2007, implantation of the genetic improvement program; and 3) 1979 to 2007, the entire period. The highest selection differentials for 305MY were found in paths SB and DB. The highest estimates of annual genetic changes for 305MY were obtained during the second period, with 43.06 and 101.97 kg milk/year in the selection paths SC and DB, respectively. Favorable genetic response was found for AFC in the paths SB and SC, averaging -4.24 (second period) and -0.32 days/year (whole period), respectively. For FCI, the genetic response was small in all selection paths. The annual genetic change for 305MY and AFC, when the four selection paths were combined, were 7.40 kg milk/year and -0.13 days/year, during the entire period. Overall, the results of the present study showed that the genetic program implanted had a positive impact on 305MY and AFC and no effect on FCI in the 23 years of development of the Girolando breed.

Key Words: genetic trend, selection differential, selection paths, Girolando

INTRODUÇÃO

O setor leiteiro tem significativa contribuição no agronegócio brasileiro. Aproximadamente 80% do leite produzido é oriundo de vacas da raça Girolando (ABCG, 2012), animais capazes de manter bom nível de produção em diferentes sistemas de manejo e condições climáticas (Silva et al., 2012).

Em 1978 foi criado o Programa de Cruzamento Dirigido (PROCRUZA), com o objetivo de selecionar gado de leite e de corte em todos os graus de sangue. Em 1989, foi implantado o programa para a formação da raça Girolando objetivando melhorar as características de produção de leite. Esta raça foi criada pelo cruzamento das raças Gir e Holandesa, buscando a fixação do padrão racial para 5/8 Holandês e 3/8 Gir. O primeiro teste de progênie foi realizado em 1997 em parceria com a Embrapa Gado de Leite (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Brasil) e, desde então, já foram realizadas 13 avaliações anuais (Silva et al., 2012). A venda de sêmen de animais desta raça é a que mais cresce no Brasil, chegando à marca de 501.199 doses comercializadas no ano de 2012, um aumento de 22,72% em relação ao ano de 2011 (ASBIA, 2013). A produção média de leite em 305 dias de lactação de vacas primíparas aumentou de 3.657 kg em 2000 para 4.233 kg/vaca/ano em 2011, o que representa incremento de 15,7% na produção de leite (Silva et al., 2012).

Em qualquer programa de melhoramento genético, é importante acompanhar os resultados para avaliar o seu progresso e fazer os ajustes de forma eficiente, a fim de otimizar o ganho genético e aumentar a rentabilidade da exploração no futuro. Uma das formas de se fazer esse monitoramento é pela avaliação da tendência genética ao longo do tempo, a qual avalia a mudança causada pelo processo de seleção (Silva et al., 2001). O conhecimento das tendências genéticas de uma população permitirá direcionar o programa de seleção no futuro, pela definição de metas específicas para melhoramento rentável e sustentável da exploração pecuária (Canadian Dairy Network, 2012).

Em gado leiteiro de clima tropical do Brasil, alguns pesquisadores têm estudado as tendências genéticas para produção e composição do leite (Balieiro et al., 2000; Silva et al., 2001; Araújo et al., 2003; Boligon et al., 2005; Ferreira et al., 2006; Peixoto et al., 2006) e para características reprodutivas (Balieiro et al., 1999; Ramos et al., 2006; Santana Júnior et al., 2010). No entanto, estimativas de

tendências genéticas para produção de leite e características reprodutivas da raça Girolando não foram encontrados na literatura consultada. O objetivo deste estudo foi estimar as tendências genéticas e diferenciais de seleção para produção de leite, idade ao primeiro parto e primeiro intervalo de partos para as quatro trajetórias de seleção [touro pai de touros (SB), vacas mães de touros (DB), touros pais de vacas (SC) e vacas mães de vacas (DC)] em bovinos da raça Girolando do Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados

A base de dados inicial da qual foram extraídas as informações utilizadas neste estudo continha 86.863 registros, fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG) sob gerenciamento da Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG). Foram utilizados registros referentes às características produção até 305 dias (PL305), idade ao primeiro parto (IPP) e primeiro intervalo de partos (PIDP), provenientes de vacas primíparas da raça Girolando.

Antes da análise, o conjunto de dados foi submetido a várias restrições e eliminações referentes a cada característica. Eliminaram-se registros com produções de leite até 305 dias de lactação superiores a 20.000 kg, vacas com idades ao primeiro parto inferiores a 700 e superiores a 1650 dias, e com intervalos de partos inferiores a 300 e superiores a 730 dias. Foram também eliminados registros com duração da lactação menor que 100 e maior que 730 dias do conjunto de dados. Adicionalmente, foram definidos grupos contemporâneos (GC) apropriados sobre a estrutura da população, a fim de remover a variação devida a mudanças das condições ambientais do rebanho ao longo do tempo. Por exemplo, o rebanho-ano de parto foi usado para definir CG para PL305 e PIDP, enquanto o rebanho-ano de nascimento para IPP, e apenas CG contendo pelo menos três registros, e com vacas filhas de pelo menos dois touros por grupo foram utilizados. Os meses de parto e nascimento foram agrupados em duas estações: outubro-março (águas) e abril a setembro (estação seca). Após a edição, o conjunto de dados apresentou 12.739 registros de PL305 e IPP e 6.246 registros de PIDP de vacas de primeiro parto pertencentes a seis grupos genéticos (1/4HOL:3/4GIR, 3/8HOL:5/8GIR, 1/2HOL:1/2GIR, 5/8HOL:3/8GIR, 3/4HOL:1/4GIR, 7/8HOL:1/8GIR), filhas de

1.537 touros com partos entre 2000 a 2011 em 348 rebanhos. O arquivo de *pedigree* incluiu 33.623 animais, dos quais 3.783 eram touros e 29.840 vacas. A data de nascimento dos animais do arquivo de *pedigree* variou de 1979 a 2009.

Modelos de análise

Os modelos para a análise de PL305 e PIDP incluíram os efeitos fixos de GC, estação de parto, grupo genético da vaca e idade da vaca ao parto, com termos linear e quadrático, enquanto, para IPP, os efeitos fixos foram GC, estação de nascimento e grupo genético da vaca. Além disso, o efeito aleatório animal foi incluído nos modelos para todas as características. Os componentes de (co)variância, herdabilidades, correlações genéticas e valores genéticos preditos (VGP) foram obtidos em análises uni e bicaracterísticos utilizando-se o método da máxima verossimilhança restrita (REML), pelo programa Wombat (Meyer, 2007).

Em notação matricial, o modelo unicaracterístico foi:

$$y = X\beta + Zu + e,$$

em que: y é o vetor de registros de PL305, IPP e PIDP; β , o vetor de efeitos fixos definidos anteriormente; $u \sim N(0, A\sigma_a^2)$, o vetor do efeito aleatório genético aditivo do animal, incluindo animais sem registros; $e \sim N(0, I_n\sigma_e^2)$, o vetor de efeito aleatório residual; e X e Z são matrizes de incidência associadas aos efeitos fixos e aleatório do animal, respectivamente.

Em notação matricial, o modelo bicaracterístico foi:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix},$$

em que: y_1 e y_2 são vetores dos registros para as características 1 (PL305 ou IPP) e 2 (IPP ou PIDP), respectivamente; β_1 e β_2 , vetores dos efeitos fixos para as características 1 e 2 (definidos anteriormente), respectivamente; u_1 e u_2 , vetores dos efeitos aleatórios genético aditivo; e_1 e e_2 são vetores dos efeitos residuais para as características 1 e 2, respectivamente; X_1 e X_2 , matrizes de incidência associadas aos efeitos fixos de β_1 e β_2 , respectivamente; e Z_1 e Z_2 , matrizes de incidência associadas aos efeitos aleatórios genético aditivo u_1 e u_2 , respectivamente.

A estrutura da matriz de (co)variâncias dos efeitos aleatórios no modelo animal bicaracterístico é dada por:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a_1}^2 & A\sigma_{a_1a_2} & 0 & 0 \\ A\sigma_{a_1a_2} & A\sigma_{a_2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{e_1}^2 & I\sigma_{e_1e_2} \\ 0 & 0 & I\sigma_{e_1e_2} & I\sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix},$$

em que: $\sigma_{a_1}^2$ e $\sigma_{a_2}^2$ são as variâncias dos efeitos aleatórios genético aditivos; $\sigma_{e_1}^2$ e $\sigma_{e_2}^2$, as variâncias residuais para as características 1 e 2, respectivamente; $\sigma_{a_1a_2}$ e $\sigma_{e_1e_2}$, as covariâncias dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente entre as características; A é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco (NRM) entre os animais avaliados; e I é denota a matriz de identidade.

Os diferenciais de seleção foram calculados por ano de nascimento como a diferença entre a média do VGP para cada trajetória de seleção [touro pais de touros (SB), touro pais de vacas (SC), vaca mãe de touros (DB) e vaca mãe de vacas (DC)] e a média de VGP para todas as vacas nascidas no mesmo ano (população base), como proposto por Van Tassell & Van Vleck (1991). Foram calculadas duas médias de VGP para as trajetórias SB e SC: a) média ponderada de VGP pelo número de descendentes; e b) média não-ponderada dos VGP. Para as trajetórias DB e DC, foram calculadas apenas a média não-ponderada dos VGP. De acordo com Nizamani & Berger (1996), a média ponderada é interpretada como uma medida representativa do mérito de touros ou vacas utilizados como pais da próxima geração. A média não-ponderada fornece uma estimativa do mérito genético dos touros ou das vacas que foram avaliados ao longo dos anos.

As tendências genéticas foram estimadas pela regressão das médias dos VGP para PL305, IPP e PIDP sobre o ano de nascimento dos animais, fornecendo, assim, a mudança genética anual (ΔG). As médias ponderadas e não-ponderadas foram usadas nas trajetórias de seleção SB e SC para levar em consideração o uso dos diferentes touros durante cada ano de nascimento dos touros. Os ganhos genéticos (ΔG) para PL305, IPP e PIDP foram avaliados usando as estimativas de regressão (Van Tassell & Van Vleck, 1991):

$$\Delta G = 1/4(b_{EBV_{SB \cdot T}} + b_{EBV_{DB \cdot T}} + b_{EBV_{SC \cdot T}} + b_{EBV_{DC \cdot T}}),$$

em que, b_{EBV} é a estimativa do coeficiente de regressão dos VGP para cada trajetória de seleção sobre o ano de nascimento T.

Os erros-padrão dos ganhos genéticos (ΔG) foram obtidos por meio da média aritmética dos erros-padrão dos coeficientes de regressão de cada uma das quatro trajetórias de seleção, conforme sugerido por Nizamani & Berger (1996).

Diferenciais de seleção e tendências genéticas anuais para todas as características foram estimados para todo o período avaliado, de 1979 a 2007, e para dois períodos específicos: o primeiro de 1979 a 1996, correspondente à formação e expansão da raça; e o segundo, de 1997 a 2007, caracterizado pela implantação do programa de melhoramento genético da raça Girolando.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Herdabilidades e correlações genéticas

A herdabilidade estimada para PL305 (Tabela 1) encontra-se dentro da faixa relatada (0,19 a 0,37) para populações de animais mestiços Holandês \times Gir no Brasil (Facó et al., 2007, 2008, 2009). A estimativa de herdabilidade para IPP, no entanto, foi inferior aos valores relatados por Facó et al. (2008) para a raça Girolando. A herdabilidade da PIDP foi, como esperado, baixa, e semelhante ao valor relatado por Balieiro et al. (2003) para a raça Gir. As correlações genética e fenotípica entre PL305 e PIDP foram iguais a 0,51 e 0,16, respectivamente, indicando associação antagônica. No entanto, as correlações genética e fenotípica entre PL305 e IPP foram favoráveis (-0,69 e 0,29, respectivamente), sugerindo que as filhas de touros com alto mérito genético para produção de leite tendem a ter maior precocidade sexual. Portanto, a seleção para aumento da produção de leite resultaria como resposta correlacionada em aumento da precocidade das novilhas.

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade¹ (na diagonal), correlações genéticas² (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) para produção de leite até 305 dias (PL305), idade ao primeiro parto (IPP) e primeiro intervalo de partos (PIDP)

	PL305	IPP	PIDP
PL305	0,24 \pm 0,04	-0,69 \pm 0,06	0,51 \pm 0,17
IPP	-0,29 \pm 0,01	0,18 \pm 0,02	0,17 \pm 0,24
PIDP	0,16 \pm 0,01	-0,02 \pm 0,02	0,035 \pm 0,02

¹ Obtidas por meio da análise unicaracterística, ² Obtidas por meio da análise bicaracterística.

Trajatória touros pais de touros

A média anual dos VGP para PL305 mostrou tendência negativa durante todo o período do estudo e com maiores variações entre anos (Figura 1a). Os valores mais elevados foram observados em 1984, 1991 e 1994 do primeiro período e em 1998 do segundo período. Entretanto, para IPP e PIDP, não houve tendência definida (Figura 1b e 1c). As médias ponderadas e não-ponderadas dos VGP para as três características foram semelhantes ao longo de todo o período avaliado. Van Tassell & Van Vleck (1991) e Nizamani & Berger (1996) observaram tendência de aumento na média dos VGP para produção de leite em rebanhos da raça Holandesa e Jersey nos Estados Unidos. No entanto, Silva et al. (2001) e Ferreira et al. (2006) não observaram tendências definidas dos VGP médios para produção de leite em rebanhos do ecótipo Mantiqueira e da raça Holandesa, respectivamente, ambos no Brasil.

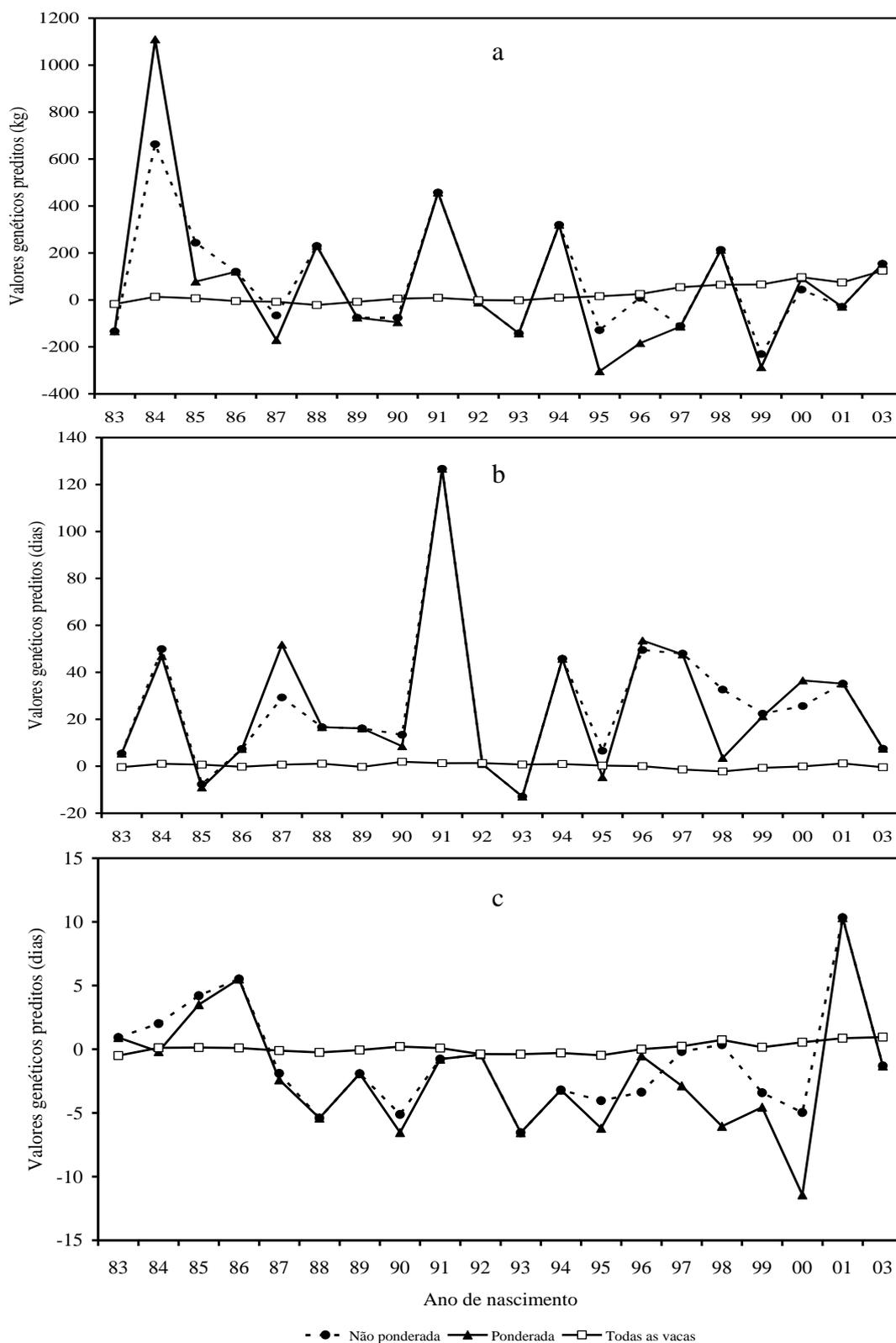


Figura 1. Médias ponderadas pelo número de filhas e não-ponderadas, dos valores genéticos preditos (VGP) para produção de leite até 305 dias (a), idade ao primeiro parto (b) e primeiro intervalo de partos (c) para touros pais de touros, de acordo com o ano de nascimento dos touros, comparadas com as médias dos VGP de todas as vacas nascidas durante o mesmo ano.

Os diferenciais de seleção para PL305 foram maiores durante o primeiro período em comparação aos obtidos ao longo de todo o período, com valores de 84 e 99 kg para as médias ponderadas e não-ponderadas, respectivamente (Tabela 2). Silva et al. (2001), em pesquisa com rebanhos de bovinos do ecótipo Mantiqueira, relataram também maiores valores para produção de leite total durante o primeiro período (137 e 101 kg para as médias ponderadas e não-ponderadas, respectivamente) e menores ao longo do período completo (6 e 5 kg para as médias ponderadas e não-ponderadas, respectivamente). Os diferenciais de seleção para IPP foram semelhantes nos três períodos avaliados (~25 dias), exceto para a média não-ponderada do segundo período (1997 a 2007). Entretanto, os valores obtidos para PIDP foram pequenos e de sinal negativo, variando de -3,23 a -0,45 dia, nos três períodos (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativas do diferencial de seleção médio para produção de leite até 305 dias (PL305), idade ao primeiro parto (IPP) e primeiro intervalo de partos (PIDP) para cada trajetória de seleção

Trajetória de Seleção ¹	1º período (1979 - 1996)			2º período (1997 - 2007)			Período total (1979 - 2007)		
	PL305	IPP	PIDP	PL305	IPP	PIDP	PL305	IPP	PIDP
SB									
Ponderado	83,98	24,57	-1,60	-75,04	25,86	-3,23	36,27	24,96	-2,08
Não ponderado	99,05	24,13	-1,30	-73,46	29,13	-0,45	47,30	25,63	-1,04
DB									
Não ponderado	-31,09	4,46	-0,99	214,55	-1,68	1,60	40,56	2,67	-0,23
SC									
Ponderado	-68,76	23,59	-1,86	-103,05	20,48	-1,87	-78,76	22,68	-1,86
Não ponderado	-46,34	11,68	-0,77	-34,53	5,48	-1,30	-42,90	9,87	-0,92
DC									
Não ponderado	-2,43	-0,34	0,06	-14,17	0,06	0,06	-5,86	-0,22	0,06

¹ SB - Touros pais de touros; DB - Vacas mães de touros; SC - Touros pais de vacas; DC - Vacas mães de vacas.

Trajétória vacas mães de touros

A média anual dos VGP para PL305 no primeiro período (1979 a 1996) foi menor que a obtida para todas as vacas nascidas no mesmo ano (população-base). No entanto, a partir de 1997, este valor tendeu a aumentar significativamente, atingindo o nível mais alto em 2003 (Figura 2a). Estes resultados se aproximam aos obtidos por Silva et al. (2001) no ecótipo Mantiqueira. Esses autores destacaram que o aumento da intensidade de seleção provavelmente proporcionou a seleção de melhores vacas para serem mães de reprodutores. A média anual dos VGP para IPP foi maior que a obtida para todas as vacas nascidas durante o primeiro período, exceto em 1985 e 1995. A partir de 1997, esses valores diminuíram significativamente, até 2002, e só

passou a ser positivo em 2003 (Figura 2b). Para PIDP, esse valor foi próximo da média da população-base durante o primeiro período, exceto em 1980, mas, nos últimos anos do segundo período, tendeu a aumentar (Figura 2c).

O diferencial de seleção para PL305 da trajetória DB durante o segundo período foi aproximadamente cinco vezes maior que o obtido durante todo o período (214,55 vs 40,56, respectivamente) e muito mais elevado que os encontrados para as demais trajetórias de seleção (Tabela 2), o que indica maior ênfase da seleção para PL305 por esta via. Este resultado pode ser atribuído à elevada disponibilidade de vacas após o início da avaliação genética, permitindo a seleção de vacas com elevado mérito genético como potenciais vacas mães de touros, fato também evidenciado por Silva et al. (2001), em pesquisa na qual avaliaram o programa de melhoramento de bovinos do ecótipo Mantiqueira.

O diferencial de seleção para IPP para esta trajetória foi favorável durante o segundo período (-1,68) e indica que seleção indireta tem ocorrido para esta característica. De fato, devido à forte seleção para PL305 durante o segundo período, vacas com maior desempenho em fertilidade poderiam também ter sido selecionadas, mas esta tendência não foi evidenciada para a característica PIDP, devido à correlação genética positiva com a produção de leite.

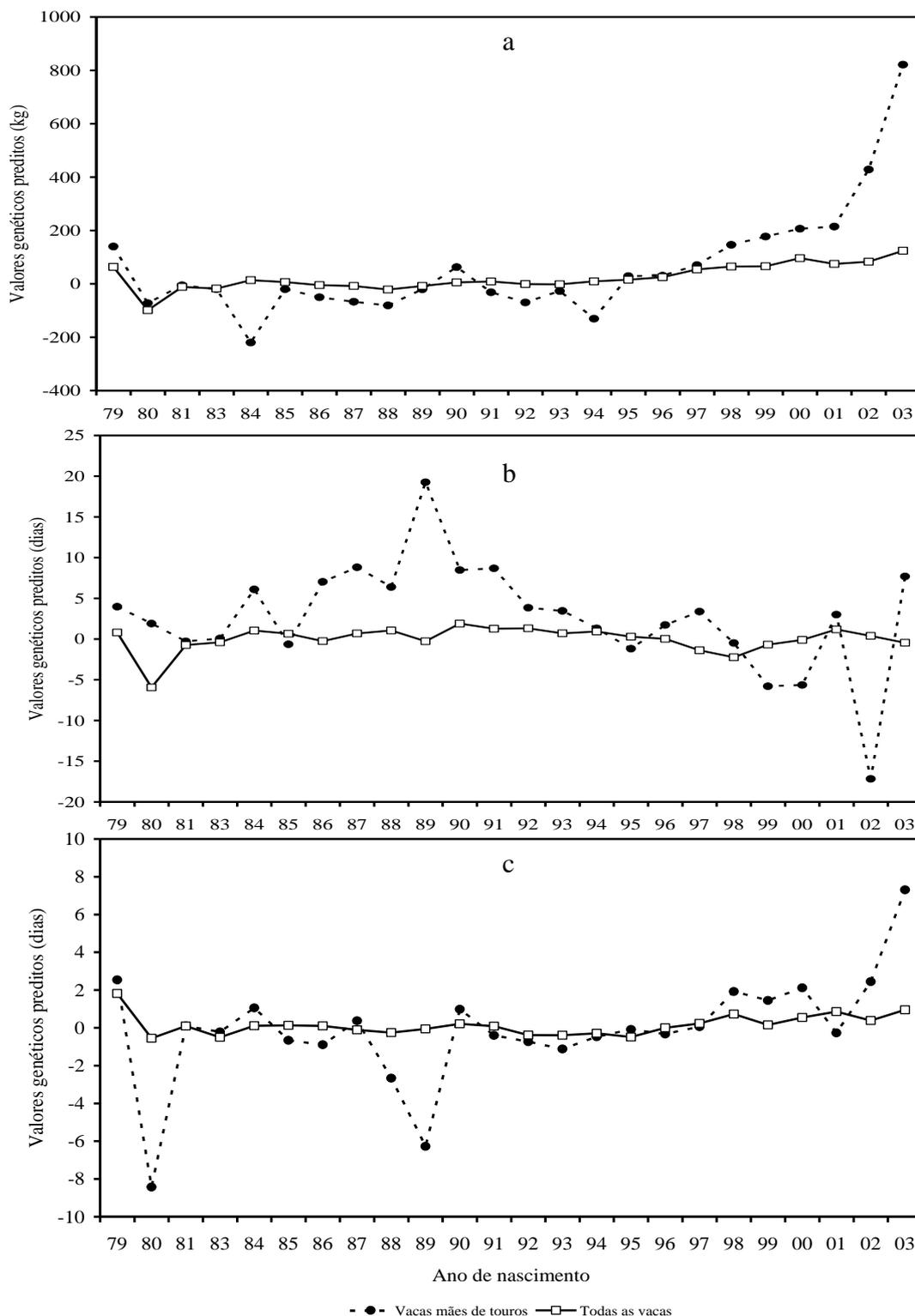


Figura 2. Médias dos valores genéticos preditos (VGP) para produção de leite até 305 dias (a), idade ao primeiro parto (b) e primeiro intervalo de partos (c) em vacas mães de touros de acordo com o ano de nascimento das vacas, comparadas às médias dos VGP de todas as vacas nascidas durante o mesmo ano.

Trajectoria touros pais de vacas

A média anual dos VGP para PL305 nesta trajetória de seleção foi maior em 1984 e 1989 e decresceu abruptamente até 1992, durante o primeiro período (Figura 3a). No entanto, durante o segundo período (1997 a 2007), houve ligeiro aumento, que só passou a ser positivo a partir de 2006. Para as características IPP e PIDP, não foi observada tendência definida durante o primeiro período, mas houve decréscimo acentuado após 1999 para IPP e aumento significativo de PIDP após 2004 no segundo período (Figura 3b e 3c). Os diferenciais de seleção para PL305 e PIDP nesta trajetória foram negativos durante todo o período avaliado (Tabela 2). Contudo, para IPP, a estimativa do diferencial de seleção foi positiva. Em geral, as médias ponderadas e não-ponderadas desta trajetória foram semelhantes para todas as características durante todo o período estudado, com exceção de IPP (Figura 3).

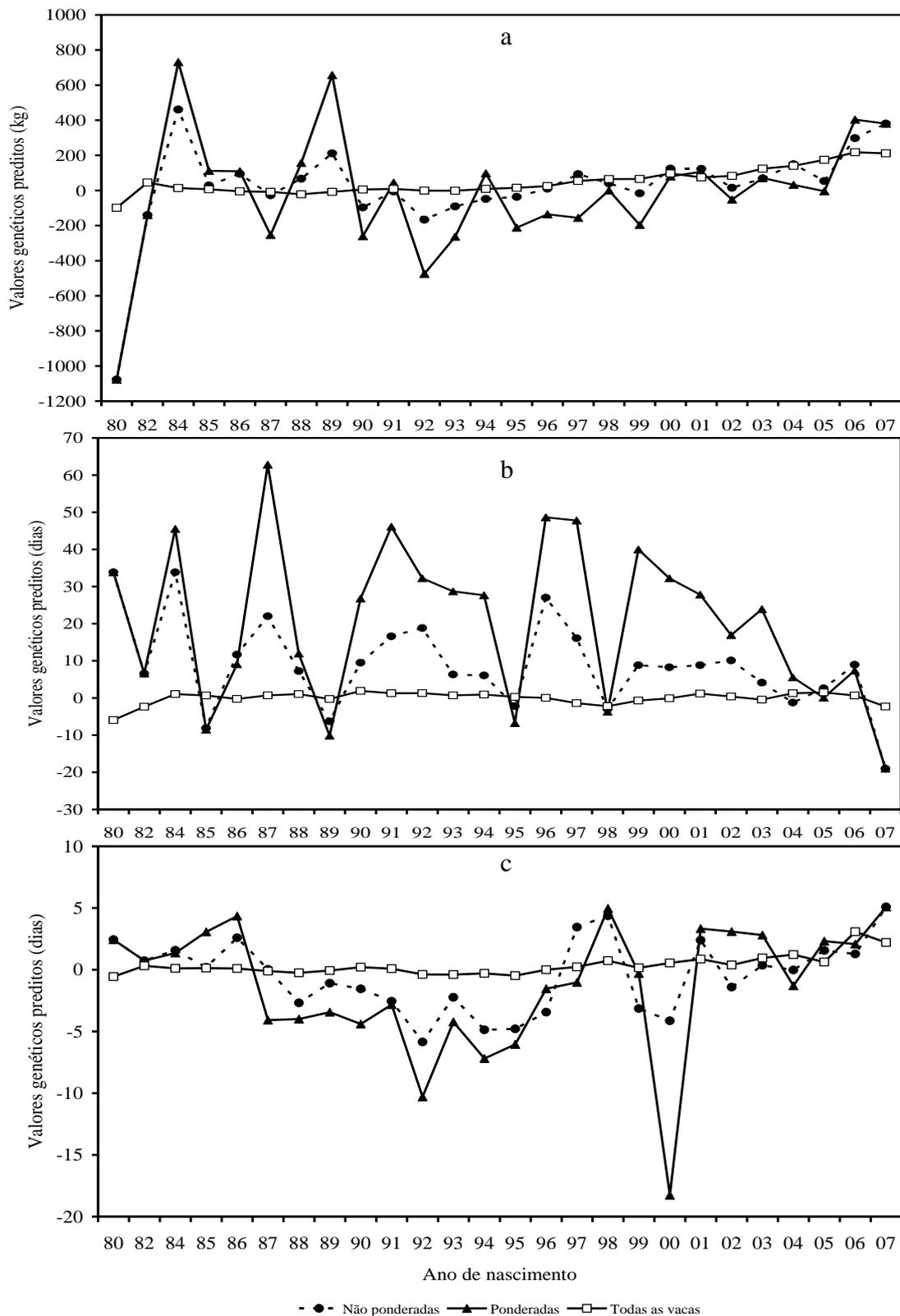


Figura 3. Médias ponderadas pelo número de filhas e não-ponderadas, dos valores genéticos preditos (VGP) para produção de leite até 305 dias (a), idade ao primeiro parto (b) e primeiro intervalo de partos (c) para touros pais de vacas, de acordo com o ano de nascimento dos touros, comparadas com as médias dos VGP de todas as vacas nascidas durante o mesmo ano.

Trajetória vacas mães de vacas

A média anual dos VGP para PL305, IPP e PIDP na trajetória DC tendeu a valores pequenos e próximos de zero, mas foi semelhante à encontrada para todas as vacas durante o primeiro período. Já no segundo período, esses valores variaram ligeiramente (Figura 4a, 4b e 4c). Durante o segundo período, os VGP médios para PL305 e PIDP tenderam a aumentar ligeiramente, mas abaixo do valor médio obtido para todas as vacas (população base); em vez disso, a média dos VGP para IPP tendeu a diminuir expressivamente, o que sugere a ocorrência de seleção indireta para esta característica, baseando-se na seleção para PL305. Os pequenos valores obtidos indicam que a seleção para vacas mães de vacas foi menos intensa que para as outras trajetórias de seleção, devido à baixa taxa reprodutiva das vacas (Nizamani & Berger, 1996; Silva et al., 2001). Em geral, os diferenciais de seleção para todas as características para esta trajetória foram pequenos e de sinais negativos (Tabela 2) e estão de acordo com os estudos prévios em gado leiteiro (Nizamani & Berger, 1996; Silva et al., 2001).

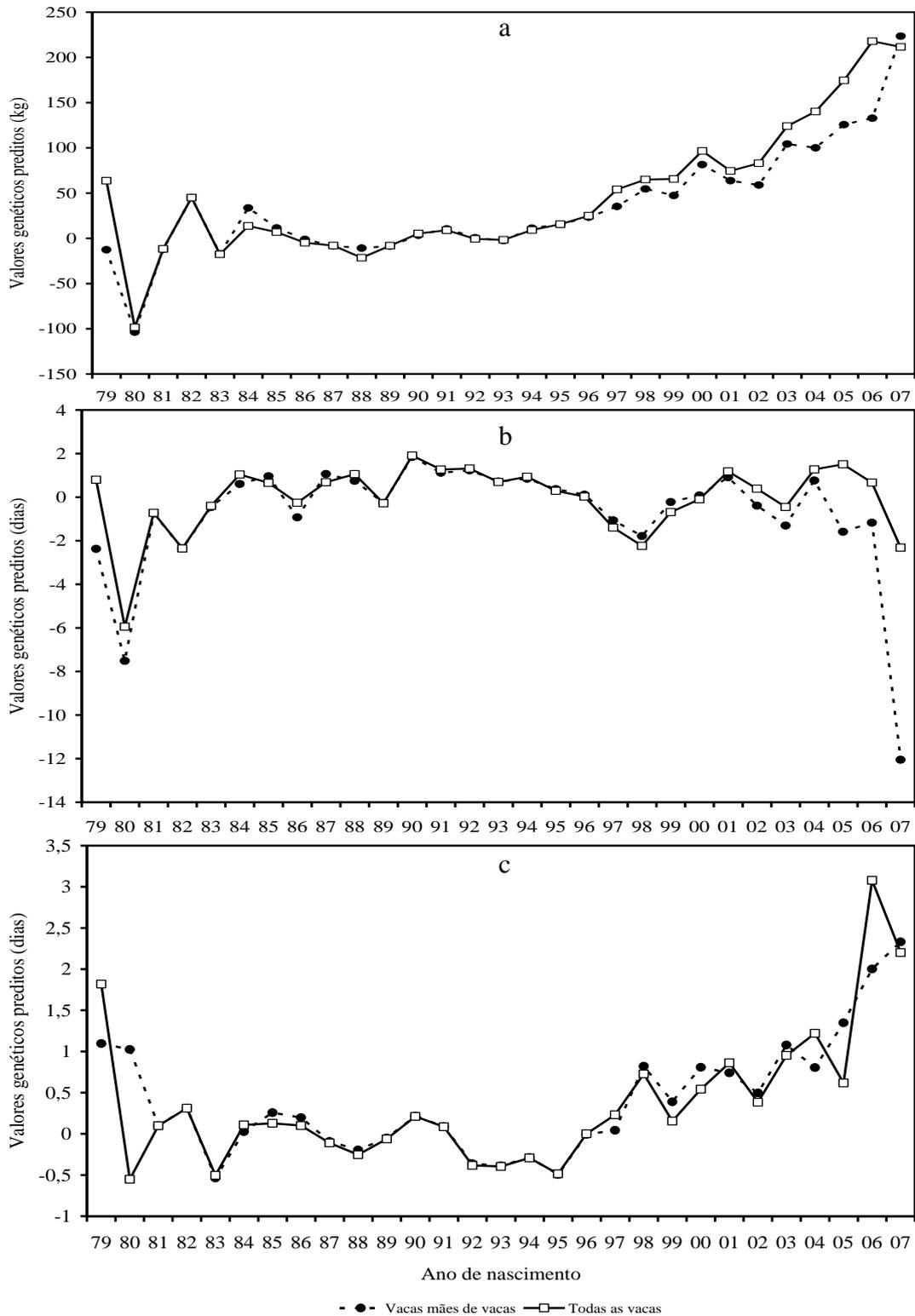


Figura 4. Médias dos valores genéticos preditos (VGP) para produção de leite até 305 dias (a), idade ao primeiro parto (b) e primeiro intervalo de partos (c) em vacas mães de vacas acordo com o ano de nascimento das vacas, comparadas às médias dos VGP de todas as vacas nascidas durante o mesmo ano.

Tendências genéticas anuais

Para as quatro trajetórias de seleção, a tendência genética para PL305 foi maior no segundo período (Tabela 3). Os maiores valores de tendência genética para as trajetórias SB e SC foram 27,60 e 43,06 kg de leite/ano, respectivamente, enquanto para DB e DC esses valores foram de 101,97 e 14,24 kg de leite/ano, respectivamente. Esses resultados são superiores aos 6,22 e 8,17 de leite/ano para SB e SC, respectivamente, relatados por Silva et al. (2001) para o ecótipo Mantiqueira, mas menores que o de 57,7 kg de leite/ano para SB relatado por Ferreira et al. (2006) em pesquisa com a raça Holandesa no estado de Minas Gerais, Brasil. Além disso, esses valores foram consideravelmente inferiores aos obtidos nas raças Jersey Americana e Holandesa (Van Tassell & Van Vleck, 1991; Nizamani & Berger, 1996).

Os resultados obtidos neste estudo comprovam que, durante as últimas décadas, houve progresso genético significativo para PL305 em rebanhos da raça Girolando no Brasil, principalmente por meio das trajetórias de seleção SC e DB ($p < 0,01$ e $p < 0,05$). De fato, a tendência genética para PL305 na trajetória SC foi 3,9 vezes maior de 1997 a 2007 que a resposta obtida de 1980 a 2007, e 5,5 vezes na trajetória DB no mesmo período. Portanto, a seleção de touros pais de vacas e vacas mães de touros para produção de leite durante o último período foi mais intensa que para as outras trajetórias. O eficiente programa de melhoramento genético implantado pela ABCG-Embrapa Gado de Leite contribuiu para esses resultados.

Tabela 3. Estimativas de tendência genética anual (b), erros-padrão (EP) e coeficiente de determinação (R²) para produção de leite até 305 dias, idade ao primeiro parto e primeiro intervalo de partos para cada trajetória de seleção

Trajetória de Seleção ¹	Período ²	Produção de leite até 305 dias				Idade ao primeiro parto				Primeiro intervalo de partos			
		Ponderado		Não ponderado		Ponderado		Não ponderado		Ponderado		Não ponderado	
		b ± EP	R ²	b ± EP	R ²	b ± EP	R ²	b ± EP	R ²	b ± EP	R ²	b ± EP	R ²
SB	Primeiro	-31,66 ± 23,39	0,13	-15,51 ± 16,60	0,07	1,05 ± 2,55	0,01	1,37 ± 2,42	0,03	-0,46 ± 0,22*	0,28	-0,56 ± 0,19*	0,42
	Segundo	27,60 ± 40,85	0,10	25,13 ± 36,24	0,11	-2,71 ± 3,82	0,11	-5,01 ± 1,92	0,63	1,13 ± 1,58	0,11	0,43 ± 1,23	0,03
	Total	-14,60 ± 12,01	0,08	-10,16 ± 8,60	0,07	0,26 ± 1,26	0,002	0,52 ± 1,18	0,01	-0,17 ± 0,18	0,05	-0,07 ± 0,16	0,01
DB	Primeiro	-	-	-0,62 ± 3,82	0,002	-	-	0,06 ± 0,25	0,004	-	-	0,05 ± 0,13	0,01
	Segundo	-	-	101,97 ± 27,31*	0,74	-	-	-0,42 ± 1,70	0,01	-	-	0,75 ± 0,39	0,42
	Total	-	-	18,38 ± 4,80**	0,40	-	-	-0,32 ± 0,19	0,12	-	-	0,19 ± 0,08	0,22
SC	Primeiro	6,29 ± 24,97	0,01	19,86 ± 17,76	0,09	0,40 ± 1,29	0,01	-0,64 ± 0,74	0,05	-0,60 ± 0,17**	0,50	-0,48 ± 0,08**	0,75
	Segundo	43,06 ± 12,42**	0,57	24,35 ± 8,95*	0,45	-4,24 ± 1,46*	0,48	-1,55 ± 0,79	0,30	0,55 ± 0,63	0,08	0,15 ± 0,29	0,03
	Total	10,99 ± 8,87	0,06	15,45 ± 6,22*	0,20	-0,62 ± 0,54	0,05	-0,69 ± 0,28*	0,20	0,06 ± 0,14	0,01	0,04 ± 0,08	0,01
DC	Primeiro	-	-	2,18 ± 1,33	0,14	-	-	0,25 ± 0,08**	0,38	-	-	-0,06 ± 0,02**	0,43
	Segundo	-	-	14,24 ± 2,58**	0,77	-	-	-0,52 ± 0,31	0,23	-	-	0,18 ± 0,03**	0,74
	Total	-	-	5,91 ± 0,80**	0,67	-	-	-0,03 ± 0,06	0,01	-	-	0,04 ± 0,01**	0,26

¹ SB - Touros pais de touros; DB - Vacas mães de touros; SC - Touros pais de vacas; DC - Vacas mães de vacas. * p<0.05, ** p<0.01 ² Primeiro - 1983 a 1996 para SB, 1979 a 1996 para DB e DC, e 1980 a 1996 para SC; Segundo - 1997 a 2003 para SB e DB, e 1997 a 2007 para SC e DC; Total - 1983 a 2003 para SB; 1979 a 2003 para DB; 1980 a 2007 para SC e 1979 a 2007 para DC.

Por outro lado, considerando apenas as médias não-ponderadas das trajetórias de seleção de touros (SB e SC) e de vacas (DB e DC), os maiores valores da tendência genética anual ao longo de todo o período foram 15,45 e 18,38 kg de leite/ano, respectivamente, resultados que estão dentro da faixa de valores relatados na literatura. Balieiro et al. (2000), em pesquisa com bovinos da raça Gir Leiteiro, descreveram valores de tendência genética de 19,29 e 10,46 kg de leite/ano para as trajetórias dos touros e das vacas, respectivamente, enquanto Ferreira et al. (2006) relataram maiores estimativas nas trajetórias de seleção SC e DC, com valores de 10,5 e 11,9 kg leite/ano, respectivamente na raça Holandesa.

A estimativa de tendência genética anual da IPP para a média ponderada foi maior na trajetória SC e em direção favorável (-4,24 dias/ano) durante o segundo período ($p < 0,05$, Tabela 3). Para a média não-ponderada, a trajetória SC apresentou valor favorável e significativo durante o período completo (-0,69 dias/ano, $p < 0,05$). No entanto, na trajetória DC foi observado valor desfavorável e significativo durante o primeiro período (0,25 dias/ano, $p < 0,01$).

A tendência genética anual para PIDP também foi significativa e no sentido favorável. Assim, as médias ponderadas e não-ponderadas dos VGP nas trajetórias SB e SC apresentaram tendência significativa durante o primeiro período, as quais variaram de -0,60 a -0,46 dias/ano ($p < 0,01$ e $p < 0,05$, respectivamente), enquanto a trajetória DC mostrou tendência favorável durante o primeiro período e tendência desfavorável nos outros períodos ($p < 0,01$). A mudança em sinal e magnitude das respostas durante o primeiro e segundo períodos, quando comparados ao período total, sugerem que mudanças nos critérios de seleção podem ter ocorrido.

Em geral, resposta genética favorável foi observada para IPP apenas na trajetória touros pais de vacas e para PIDP nas trajetórias touros pais de touros e touros pais de vacas. Estes resultados comprovam que touros de mérito genético superior para produção de leite selecionados durante o período avaliado tiveram, também, mérito genético superior para características reprodutivas. Dessa forma, um programa eficiente de reprodução e índices de seleção que incorporam características produtivas e reprodutivas seria eficaz para o progresso genético dos rebanhos da raça Girolando.

A mudança genética anual para PL305 calculada pela média não-ponderada dos VGP nas quatro trajetórias foi maior no período 1997-2007, com 41,42 kg de leite/ano, o que corresponde a 1,05% da média de produção de leite (Tabela 4). Este resultado é superior aos relatados por Silva et al. (2001) e Ferreira et al. (2006) em estudos com rebanhos da Mantiqueira e Holandesa, no Brasil, respectivamente, mas inferior ao relatado por Nizamani & Berger (1996) para rebanhos da Jersey Americana. O maior ganho genético obtido para produção de leite durante o segundo período indica que apropriadas e mais intensivas estratégias de seleção foram utilizadas pelos criadores de Girolando neste período, o que coincide também com o resultado do primeiro teste de progênie realizado na raça pela Embrapa Gado de Leite.

Tabela 4. Estimativas de ganho genético anual (Δg) e erros-padrão (EP) para produção de leite até 305 dias (PL305), idade ao primeiro parto (IPP) e primeiro intervalo de partos (PIDP) obtidas pelas médias não-ponderadas dos valores genéticos preditos

Características	1º período (1979 - 1996)		2º período (1997 - 2007)		Período total (1979 - 2007)	
	Δg	EP	Δg	EP	Δg	EP
PL305	1,48	9,88	41,42	18,77	7,40	5,11
IPP	0,26	0,87	-1,88	1,18	-0,13	0,43
PIDP	-0,26	0,11	0,38	0,49	0,05	0,08

A estimativa da mudança genética anual para PL305 no período total foi de 7,4 kg de leite/ano, o que corresponde a 0,2% do valor médio da produção de leite. De acordo com Rendel & Robertson (1950), o máximo ganho genético possível em uma população de gado leiteiro com inseminação artificial é de aproximadamente 1,7% do rendimento médio. Esta diferença deve-se, provavelmente, à recente formação da raça Girolando em comparação à raça Holandesa ou outras raças de bovinos de leite. Além disso, a não-utilização de valores genéticos para produção de leite como critério de seleção de touros jovens pode também ter contribuído para o baixo progresso genético obtido, durante o primeiro período ($\Delta g = 1,48$).

O valor da mudança genética obtido neste estudo é próximo de 6,71 e 7,53 kg de leite/ano relatados por Ferreira et al. (2006) e Silva et al. (2001), na raça Holandesa e no ecótipo Mantiqueira, respectivamente, mas menor que 9,51 kg de leite/ano obtido por Boligon et al. (2005) na raça Holandesa.

Com relação à característica IPP, mudança genética favorável foi observada durante todo o período (-0,13 dias por ano) e pode ser atribuída à correlação genética

negativa encontrada entre PL305 e IPP (Tabela 1). No entanto, baixa e desfavorável mudança genética foi obtida para PIDP (0,05 dias por ano). A mudança genética para IPP encontrada neste estudo é maior que os valores de 0,008 e -0,018 relatados, respectivamente, por Balieiro et al. (1999) e Santana Júnior et al. (2010) para a raça Gir Leiteiro no Brasil, mas menor que o valor de 2,76 relatado por Di Crose et al. (2010) para a raça Holandesa na Argentina. As discrepâncias entre os resultados obtidos neste estudo e as referências relatadas podem ser atribuídas às diferenças de raça e meio ambiente, especialmente na alimentação e no manejo. A mudança genética encontrada neste estudo estaria indicando ligeiro progresso genético para a IPP na população Girolando, uma melhoria maior em touros que em vacas (Tabela 3). Esse resultado indica ainda que touros com maior mérito genético para produção de leite são geneticamente superiores para idade ao primeiro parto.

Em geral, os resultados deste estudo comprovaram que o programa genético implementado teve impacto positivo sobre a produção de leite e idade ao primeiro parto e nenhum impacto sobre o primeiro intervalo de partos ao longo dos 23 anos da formação e expansão da raça Girolando no Brasil.

CONCLUSÕES

Houve ganhos genéticos nos rebanhos da raça Girolando ao longo dos últimos 23 anos de sua formação e expansão no Brasil. Maiores mudanças genéticas anuais para produção de leite e idade ao primeiro parto ocorreram após implantação do teste de progênie (1997 a 2007). As estimativas dos diferenciais de seleção comprovaram maior eficiência do processo seletivo para produção de leite nas trajetórias de seleção de touros pais de touros e de vacas mães de touros. O programa de melhoramento genético da raça promoveu melhoria na produção de leite e redução na idade da vaca no primeiro parto e não teve impacto sobre o primeiro intervalo de partos das vacas Girolando.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Associação Brasileira dos Criadores de Girolando ABCG (2012). Girolando - A raça mais versátil do mundo tropical. Available at [<http://www.girolando.com.br/site/ogirolando/performance.php>]. Accessed May 12, 2012.
- Associação Brasileira de Inseminação Artificial - ASBIA (2013). Relatório Anual de importação, exportação e comercialização de sêmen 2012. Disponível em: <<http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/index2012.pdf>> Acesso em: 12 abr. 2013.
- Araújo CV, Torres RA, Rennó FP, Pereira JC, et al. (2003). Tendência genética para características produtivas em bovinos da raça Pardo-Suíça. *Rev. Bras. Zootec.* suppl 2, 32(6): 1872–1877.
- Balieiro ES, Pereira JCC, Verneque RS, Pereira CS, et al. (1999). Estimativas de parâmetros genéticos e de tendência fenotípica, genética e de ambiente de algumas características reprodutivas na raça Gir. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 51 (4): 371–376.
- Balieiro ES, Pereira JCC, Valente J, Verneque RS, et al. (2000). Estimativas de parâmetros genéticos e de tendências fenotípica, genética e de ambiente de algumas características produtivas da raça Gir leiteiro. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 52(3): 266–275.
- Balieiro ES, Pereira JCC, Verneque RS, Balieiro JCC, et al. (2003). Estimativas de herdabilidade e correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente entre algumas características reprodutivas e produção de leite na raça Gir. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 55(1): 85–91.
- Boligon AA, Rorato PRN, Ferreira GBB, Weber T, et al. (2005). Herdabilidade e Tendência Genética para as Produções de Leite e de Gordura em Rebanhos da Raça Holandesa no Estado do Rio Grande do Sul. *Rev. Bras. Zootec.* 34(5): 1512–1518.
- Canadian Dairy Network (2012). Genetic Trends in Canadian Dairy Breeds. April 2012. http://www.cdn.ca/download.php?/proofs/2012/04/articles/2012_04_XX_EN_GeneticTrends.pdf. Accessed August 11, 2012.
- Di Croce FA, Saxton AM, Casanova D e Schrick FN (2010). 9 Evaluation of fertility traits of Holstein cattle in Argentina. *Reprod. Fert. Develop.* 23(1): 111–111.
- Facó O, Martins Filho R, Lôbo RNB, Oliveira SMP, et al. (2007). Heterogeneidade de (co)variância para a produção de leite nos grupos genéticos formadores da raça Girolando. *Rev. Ciênc. Agron.* 38(3): 304–309.
- Facó O, Lôbo RNB, Martins Filho R, Martins GA, et al. (2008). Efeitos genéticos aditivos e não-aditivos para características produtivas e reprodutivas em vacas mestiças Holandês × Gir. *Rev. Bras. Zootec.* 37(1): 48–53.

- Facó O, Martins Filho R, Lôbo RNB, Azevêdo DMMR, et al. (2009). Efeito da redução da variação da duração de lactação na avaliação genética de bovinos leiteiros mestiços. *Rev. Ciênc. Agron.* 40(2): 287–292.
- Ferreira WJ, Teixeira NM, Torres RA e Barra RB (2006). Estimação de tendência genética para produção de leite na raça Holandesa no estado de Minas Gerais. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 58(4): 599–606.
- Meyer K (2007). WOMBAT: a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *J. Zhejiang Univ. Sci. B.* 8(11): 815–821.
- Nizamani AH e Berger PJ (1996). Estimates of genetic trend for yield traits of the registered Jersey population. *J. Dairy Sci.* 79(3): 487–494.
- Peixoto MGCD, Verneque RS, Teodoro RL, Penna VM, et al. (2006). Genetic trend for milk yield in Guzerat herds participating in progeny testing and MOET nucleus schemes. *Genet. Mol. Res.* 5(3): 454–465.
- Ramos AA, Malhado CHM, Carneiro PLS, Gonçalves HC, et al. (2006). Caracterização fenotípica e genética da produção de leite e do intervalo entre partos em bubalinos da raça Murrah. *Pesq. Agropec. Bras.* 41(8): 1261–1267.
- Rendel JM e Robertson A (1950). Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. *J. Genet.* 50(1): 1–8.
- Santana Júnior ML, Lopes PS, Verneque RS, Pereira RJ, et al. (2010). Parâmetros genéticos de características reprodutivas de touros e vacas Gir Leiteiro. *Rev. Bras. Zootec.* 39(8): 1717–1722.
- Silva MVGB, Ferreira WJ, Cobuci JA, Guaragna GP, et al. (2001). Estimativas de Tendência Genética para Características Produtivas em um Rebanho do Ecótipo Mantiqueira. *Rev. Bras. Zootec.* 30(5): 1466–1475.
- Silva MVGB, Paiva LC, Cembranelli MAR, Martins MF, et al. (2012). Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando – Sumário de Touros – Resultado do Teste de Progênie - Julho/2012, Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2012. 52 p. (Embrapa Gado de Leite, Documentos, 154).
- Van Tassell CP e Van Vleck LD (1991). Estimates of genetic selection differentials and generation intervals for four paths of selection. *J. Dairy Sci.* 74(3): 1078–1086.

CAPÍTULO 5

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE E PERSISTÊNCIA DA LACTAÇÃO UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EM BOVINOS GIROLANDO

Resumo - Utilizaram-se 32.817 registros de produção de leite no dia do controle (PLDC) de primeira lactação de 4.056 vacas Girolando filhas de 276 touros, coletados em 118 rebanhos entre os anos de 2000 e 2011, para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para PLDC via modelos de regressão aleatória (MRA) empregando funções polinomiais de Legendre com ordens variando de 3 a 5. Além disso, foram avaliadas nove medidas de persistência na produção de leite e a tendência genética da produção de leite até 305 dias (PL305). Os componentes de (co)variância para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram estimados pela metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando-se o programa Wombat. Os critérios de qualidade de ajuste utilizados indicaram o MRA empregando ordens 3 e 5 para ajuste dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, como o modelo que melhor descreveu a variação desses efeitos aleatórios. As estimativas de herdabilidade e de correlações genéticas para PLDC ao longo da lactação obtidas com o modelo selecionado variaram de 0,18 a 0,23 e -0,03 a 1,00, respectivamente. As estimativas de herdabilidade e de correlações genéticas para as medidas de persistência e PL305 variaram de 0,10 a 0,33 e -0,98 a 1,00, respectivamente, e a medida de persistência (PS₇) proposta por Kistemaker (2003) apresentou maior estimativa de herdabilidade e menor correlação genética com a PL305. Portanto, o uso de PS₇ sob MRA empregando funções polinomiais de ordens 3 e 5 para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente seria a opção mais adequada para a avaliação da persistência da lactação de animais da raça Girolando. As médias dos valores genéticos preditos para PL305 dos touros e vacas mostraram tendências genéticas significativas e positivas, porém não houve progresso genético para persistência da produção de leite (PS₇). Portanto, seria indicado o uso de índices de seleção na avaliação genética dos animais para ambas as características.

Palavras-chave: modelo de regressão aleatória, parâmetros genéticos, polinômios de Legendre, persistência da lactação, tendência genética

CHAPTER 5

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR MILK YIELD AND LACTATION PERSISTENCY USING RANDOM REGRESSION MODELS IN GIROLANDO CATTLE

Abstract - We utilized 32,817 test-day milk yield (TDMY) records of the first lactation of 4,056 Girolando cows daughters of 276 bulls, collected from 118 herds between 2000 and 2011 to estimate the variance components and genetic parameters for TDMY via random regression models (RRM) using Legendre polynomial functions whose orders varied from 3 to 5. In addition, nine measures of persistency in milk yield and the genetic trend of 305-day milk yield (305MY) were evaluated. The (co)variance components for the additive genetic and permanent environment effects were estimated by restricted maximum likelihood method (REML), using the Wombat software. The fit quality criteria utilized indicated RRM employing the Legendre polynomials functions of orders of 3 and 5 for fitting the genetic additive and permanent environment effects, respectively, as the best model to describe the variation of these random effects. The heritability and genetic correlation estimates for TDMY throughout the lactation, obtained with the chosen model, varied from 0.18 to 0.23 and -0.03 to 1.00, respectively. The heritability and genetic correlation estimates for the measures of persistency and 305MY varied from 0.10 to 0.33 and -0.98 to 1.00, respectively; the measure of persistency (PS_7) proposed by Kistemaker (2003) showed the highest heritability estimate and the lowest genetic correlation with 305MY. Therefore, the use of PS_7 on a RRM utilizing polynomial functions of the orders 3 and 5 for the additive genetic and permanent environment effects, respectively, would be the most suitable option for the evaluation of lactation persistency of Girolando cattle. The measures of genetic values predicted for 305MY of bulls and cows showed significant and positive genetic trends, but there was no genetic progress for milk yield persistency (PS_7). Thus, the use of selection indices would be indicated in the genetic evaluation of the animals for both traits.

Key words: random regression model, genetic parameters, Legendre polynomials, lactation persistence, genetic trend

INTRODUÇÃO

Nos sistemas de produção de leite baseados em pastagem das regiões tropicais e subtropicais do Brasil, predominam animais da raça Girolando, que têm melhor adaptação às condições climáticas próprias dessas regiões. A maior parte da produção de leite, correspondente a 80% da produção total no país, é oriunda de animais desta raça (ABCG, 2012). As avaliações genéticas para produção de leite da raça Girolando e outras raças leiteiras no Brasil têm sido baseadas na produção de leite acumulada ao longo da lactação por um período padrão de 305 dias (PL305). Para o cálculo da PL305, são usadas fórmulas de extensão, e a acurácia desses cálculos depende da qualidade desses fatores e da qualidade e quantidade de controles leiteiros disponíveis durante a lactação. Alternativamente, metodologias que utilizam diretamente os registros de produção de leite no dia de controle (Modelos de Regressão Aleatória, MRA) têm sido propostas nos últimos anos e podem contornar os problemas de se utilizar a PL305.

A análise por meio de MRA começa com a definição da função matemática para modelar os efeitos fixos e aleatórios. Dentre várias funções, os polinômios de Legendre têm sido os mais utilizados. Geralmente os efeitos aleatórios são modelados com polinômios da mesma ordem (Cobuci et al., 2006, 2012), mas também, evidências em favor do uso de polinômios de menor ordem para modelar o efeito genético aditivo em comparação ao efeito de ambiente permanente foram também relatadas (Pool et al., 2000; Lopez-Romero & Carabaño, 2003; Bignardi et al., 2009). Nos últimos anos, vários trabalhos utilizando MRA foram publicados para gado tropical (Santellano-Estrada et al., 2008; Bignardi et al., 2009; Dorneles et al., 2009; Biassus et al., 2011). Esses autores relataram estimativas de herdabilidade para produção de leite mais elevadas no início e no final da lactação.

Além de estimar parâmetros genéticos ao longo da curva da lactação, os MRA permitem também a predição dos valores genéticos para persistência da lactação, uma vez que estes valores são estimados em qualquer período da lactação (Jamrozik et al., 1997). A persistência da lactação é definida como a capacidade da vaca em manter o nível de produção de leite após atingir o pico de lactação e está relacionada à redução dos custos de produção (Cobuci et al., 2007). Várias medidas de persistência tem sido propostas (Jamrozik et al., 1997; Jakobsen et al., 2002; De

Roos et al., 2004), mas ainda não há consenso da melhor medida para descrever essa característica.

Recentes estudos sobre avaliação da persistência da lactação em gado tropical relataram associação genética desfavorável entre a produção de leite e a persistência (Dorneles et al., 2009b; Pereira et al., 2012; Cobuci et al., 2012; Khorshidie et al., 2012). Apesar de existirem vários estudos sobre estimação de parâmetros genéticos via MRA, bem como a avaliação de persistência da lactação em várias raças tropicais no Brasil, ainda não existem trabalhos com a raça Girolando. Portanto, os objetivos do presente estudo utilizando a raça Girolando via MRA foram: a) estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle; b) avaliar diferentes medidas de persistência da lactação a fim de identificar a medida mais adequada para a avaliação genética; c) estimar as tendências genéticas para produção de leite no dia do controle.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo são provenientes do Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Leite, fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG) sob gerenciamento da Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG). Dessa base de dados foram extraídos 74.023 registros de produção de leite no dia do controle (PLDC) de primeiras lactações de 9.162 vacas da raça Girolando que pariram entre 2000 a 2011 e com idades ao primeiro parto variando de 23 a 56 meses.

Com a finalidade de se obter maior consistência dos dados, foram incluídos apenas registros de PLDC com as seguintes características: vacas que tiveram seu primeiro registro de PLDC antes de 45 dias após do parto; intervalo entre PLDCs consecutivos de no máximo de 45 dias; vacas com no mínimo quatro registros de PLDC por lactação coletados entre 5 e 305 dias em lactação (DIM); vacas com ambos os pais conhecidos. Além disso, foi criada a variável grupo de contemporâneas, caracterizada por classes de rebanho-ano-mês (RAM) de controle, exigindo-se um mínimo de três vacas por classe; e, com vacas filhas de touros com, no mínimo, três filhas em dois rebanhos. As épocas de controle foram definidas como águas (outubro a março) e secas (abril a setembro).

Após a edição dos dados, restaram 32.817 registros de PLDC de 4.056 vacas de primeiro parto, pertencentes a seis grupos genéticos (1/4HOL:3/4GIR, 3/8HOL:5/8GIR, 1/2HOL:1/2GIR, 5/8HOL:3/8GIR, 3/4HOL:1/4GIR, 7/8HOL:1/8GIR), filhas de 276 touros coletados em 118 rebanhos entre os anos de 2000 e 2011. O arquivo de *pedigree* utilizado no cálculo da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright (NRM) continha um total de 8.571 animais. Na Tabela 1 são fornecidos detalhes adicionais da estrutura dos dados utilizados nas análises.

Tabela 1. Estatísticas descritivas dos dados analisados

	N	Média	DP ²
Número de registros de PLDC ¹	32.817	-	-
Número de rebanhos	118	-	-
Número de grupo de contemporâneas (GC)	3.070	-	-
Número de lactações	4.056	-	-
Número de registros de PLDC por lactação		8,09	1,94
Produção diária de leite (kg)		15,10	4,47
Idade ao parto (dias)		1.085,11	177,27

¹ PLDC = produção de leite no dia do controle, ² DP = desvio-padrão.

A distribuição do número de registros de PLDC e a correspondente produção diária de leite ao longo dos dias de lactação constam na Figura 1. A produção diária de leite seguiu a curva típica de lactação, aumentando do início da lactação até atingir a sua máxima produção em torno do dia 64 com 17,49 kg de leite, correspondente ao período do pico da lactação, em seguida, a produção teve queda gradual até o final da lactação. O número de registros de PLDC mostrou tendência similar da produção de leite, porém com maiores oscilações ao longo da curva de lactação.

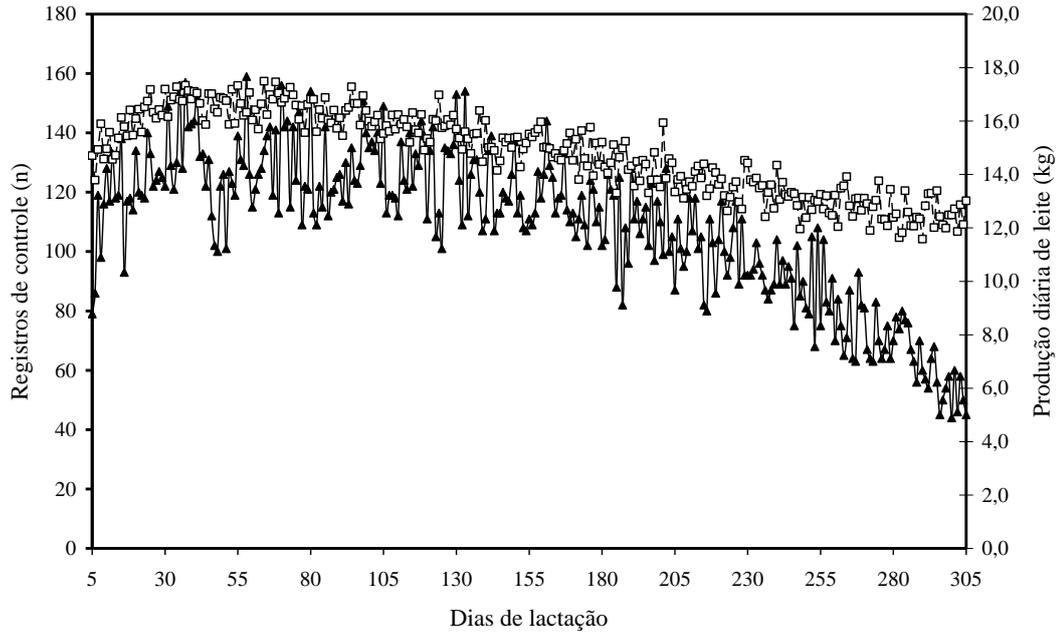


Figura 1. Número de registros de produção de leite no dia do controle (▲) e produção média de leite no dia de controle (□) em intervalos de aproximadamente um mês ao longo do período de lactação.

Inicialmente, foram testados seis modelos de regressão aleatória (MRA) para identificar o modelo com melhor ajuste aos registros produtivos, os quais variaram nas ordens do polinômio de Legendre utilizadas para o ajuste dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente. A estrutura geral do MRA foi:

$$y_{ijkln} = RAM_i + EC_j + GGV_k + \sum_{f=1}^2 b_f (x_l)^f + \sum_{r=0}^{K_o-1} \beta_r \psi_r(t) + \sum_{r=0}^{K_a-1} \alpha_{lr} \psi_r(t) + \sum_{r=0}^{K_{pe}-1} \gamma_{lr} \psi_r(t) + \varepsilon_{ijkln}, \quad [1]$$

em que: y_{ijkln} é a n -ésima observação, registrada no dia de lactação t do animal l do grupo genético k , correspondente à estação de controle j , e da classe rebanho-ano-mês de controle i ; RAM_i o efeito fixo da i -ésima classe rebanho-ano-mês de controle ($i = 1, \dots, 3070$); EC_j o efeito fixo da j -ésima estação de controle ($j = 1$ e 2); GGV_k o efeito fixo do k -ésimo grupo genético da vaca ($k = 1, \dots, 6$); b_f o f -ésimo coeficiente de regressão para os efeitos linear ($f = 1$) e quadrático ($f = 2$) da idade x_l

da vaca ao parto, em meses; β_r são os r -ésimos coeficientes fixos de regressão, específicos para a modelagem da curva de lactação média da população; α_{lr} e γ_{lr} são os r -ésimos coeficientes de regressão aleatória que descrevem a trajetória dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente da l -ésima vaca, respectivamente; $\psi_r(t)$ é a covariável da função de regressão de acordo com o dia de lactação (t); K_o é a ordem de ajuste para os coeficientes fixos da regressão correspondente à curva de lactação média da população ($K_o = 3$); K_a e K_{pe} são as ordens de ajuste dos polinômios de Legendre para os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, as quais, variaram de 3 a 5; e ε_{ijkln} é o efeito aleatório residual associado a y_{ijkln} .

Na forma matricial, o modelo pode ser reescrito por: $y = X\beta + Za + Wp + e$, em que: y é o vetor das observações; β o vetor dos efeitos fixos; a o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito genético aditivo de animal; p o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito de ambiente permanente; e o vetor de efeito aleatório residual; e X , Z e W são as matrizes de incidência, correspondentes às observações para efeitos fixos, efeitos aleatórios de animal e de ambiente permanente, respectivamente. As pressuposições em relação aos componentes são:

$$\begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} N \sim (0, V), \quad V = \begin{bmatrix} Ka \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & Kp \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que: Ka e Kp são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente; A é a matriz de parentesco entre os indivíduos; I é a matriz de identidade; \otimes o produto de Kroeneker entre matrizes; R representa uma matriz bloco diagonal, contendo as variâncias residuais $\sigma_{e_s}^2$, em que s corresponde às classes de dias em lactação ($s = 1, \dots, 6$).

Os modelos são referenciados como $\text{Leg}K_a, K_{pe}$, em que K_a e K_{pe} representam as ordens dos polinômios de Legendre ajustados para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente. Por exemplo, o modelo $\text{Leg}3,4$ denota uma análise que ajusta polinômios de Legendre de terceira e quarta ordem para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente.

A variância residual foi considerada heterogênea ao longo do período da lactação, uma vez que, em análise prévia, detectaram-se mudanças na variância residual ao longo do período da lactação. Portanto, foram definidas as seguintes classes de variância residual: 5-30, 31-180, 181-240, 241-260, 261-280 e 281-305 dias de lactação.

Os modelos de regressão aleatória foram comparados usando-se os seguintes critérios estatísticos: o critério de informação de Akaike, $AIC = -2\text{LogL} + 2p$ (Akaike, 1973); o critério de informação Bayesiano de Schwarz, $BIC = -2\text{LogL} + p\text{Log}(n)$ (Schwarz, 1978); a função de verossimilhança (-2LogL); a variância residual ponderada, $VRP = (1/\text{TDIM}) * \sum_{l=2}^f \sigma_{ef}^2 \text{NDIM}_f$; o grau de interdependência entre os parâmetros do modelo, dada pelo segundo termo da medida da informação teórica da complexidade do modelo, $\text{Complexidade} = C_1(\Sigma)$ (Bozdogan, 2000); porcentagem relativa da redução da complexidade, $\text{PRRC} = [C_1(\Sigma_k) - C_1(\Sigma_{kR})/C_1(\Sigma_k)] \times 100$ (Bozdogan, 2000); em que p é o número de parâmetros do modelo; n o número total de observações; TDIM o número total de dias em lactação; f o número total de classes residuais; NDIM o número de dias em lactação existentes na l -ésima classe; e Σ_k e Σ_{kR} são as matrizes de (co)variância e correlação dos parâmetros do modelo; $C_1(\Sigma) = \text{posto}(\Sigma) \text{Log}[\text{traço}(\Sigma)/\text{posto}(\Sigma)] - \text{Log}(|\Sigma|)$. Menores valores associados a esses critérios indicam melhor ajuste do modelo, exceto para PRRC em que maiores porcentagens indicam melhor ajuste. Os componentes de (co)variância foram estimados pela metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) utilizando-se o programa Wombat (Meyer, 2007).

Utilizando-se o MRA que melhor se ajustou aos dados, identificado pelos critérios de comparação descritos anteriormente, foram obtidos parâmetros genéticos para nove medidas de persistência (Tabela 2) e produção de leite até 305 dias de lactação (PL305), bem como as correlações genéticas e de ambiente permanente entre as medidas de persistência e entre estas medidas e a PL305. Menores valores das medidas de persistência indicam maior persistência da lactação, exceto para PS_5 , em que maiores valores indicam maior persistência da lactação.

Tabela 2. Medidas de persistência da produção de leite (PS_i)

Medidas	Autor
$PS_1 = (EBV_{280} - EBV_{60})$	Jamrozik et al. (1997)
$PS_2 = \left(\sum_{t=106}^{205} EBV_t - \sum_{t=6}^{105} EBV_t \right)$	Jakobsen et al. (2002)
$PS_3 = \left(\sum_{t=206}^{305} EBV_t - \sum_{t=6}^{105} EBV_t \right)$	Jakobsen et al. (2002)
$PS_4 = \sum_{t=61}^{280} (EBV_t - EBV_{60})$	Jamrozik et al. (1997)
$PS_5 = \sum_{t=60}^{279} (EBV_t - EBV_{280})$	Jakobsen et al. (2002)
$PS_6 = (EBV_{290} - EBV_{90})$	Cobuci et al. (2004)
$PS_7 = \left(\frac{1}{51} \sum_{t=255}^{305} EBV_t - \frac{1}{21} \sum_{t=50}^{70} EBV_t \right)$	Kistemaker (2003)
$PS_8 = \left(\sum_{t=101}^{300} EBV_t - 200 * EBV_{100} \right)$	Pösö (2003) citado por Kistemaker (2003)
$PS_9 = \left(\sum_{t=61}^{305} EBV_t - 245 * EBV_{60} \right)$	De Roos et al. (2004)

O valor genético para produção de leite para o animal i em um determinado dia t da lactação, por exemplo, para os MRA Leg3,3, Leg3,4 e Leg3,5 ($K_a = 3$) pode ser obtido da seguinte forma: seja $\hat{\alpha}'_i = [\hat{\alpha}_{i0} \quad \hat{\alpha}_{i1} \quad \hat{\alpha}_{i2}]$, o vetor das estimativas dos coeficientes de regressão aleatória específicos para o animal i , e $Z'_t = [\psi_{0t} \quad \psi_{1t} \quad \psi_{2t}]$, o vetor dos coeficientes do polinômio de Legendre avaliados no dia t , então, o valor genético predito (VGP) do animal i no dia t é:

$$VGP_{it} = Z'_t \hat{\alpha}_i = \sum_{j=0}^{K_a-1} \alpha_{ij} \psi_j(t) \quad [2]$$

Portanto, o VGP para PL305 (VGP₃₀₅) do animal i é obtido por:

$$VGP_{305_i} = \sum_{t=5}^{305} (\hat{\alpha}_{i0} \psi_{0t} + \hat{\alpha}_{i1} \psi_{1t} + \hat{\alpha}_{i2} \psi_{2t}) = \left[\sum_{t=5}^{305} \psi_{0t} \quad \sum_{t=5}^{305} \psi_{1t} \quad \sum_{t=5}^{305} \psi_{2t} \right] \hat{\alpha}_i$$

$$VGP_{305_i} = Z_{c_{PL305_g}} \hat{\alpha}_i, \quad [3]$$

em que: $Z_{c_{PL305_g}}$ é o vetor do somatório dos coeficientes dos polinômios de Legendre, específicos a produção de leite ao longo da lactação completa.

A tendência genética para PL305 foi calculada a partir das médias anuais dos VGP de touros e vacas, segundo o modelo de regressão:

$$y_d = b_0 + b_1 X_d \quad [4]$$

em que: y_d é o VGP médio do d -ésimo ano de nascimento; X_d o d -ésimo ano de nascimento; e b_0 e b_1 , são, respectivamente, o intercepto e o coeficiente de regressão linear (tendência genética).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados do ajuste dos modelos pelos critérios de comparação da qualidade do ajuste indicaram que o modelo Leg5,5 apresentou o melhor ajuste pelo critério AIC e pela função de máxima verossimilhança (Tabela 3). De acordo com a PRRC, o modelo Leg4,5 proporcionou melhor ajuste dos dados. O critério BIC foi ainda mais rigoroso na escolha do modelo em virtude da parametrização, indicando assim o modelo Leg3,5 como sendo o modelo de melhor qualidade de ajuste dos efeitos genéticos e de ambiente permanente. No entanto, os modelos Leg3,5, Leg4,5 e Leg5,5 apresentaram os melhores ajustes pelo teste da VRP, uma vez que esses modelos obtiveram valores baixos e similares. O grau de complexidade tendeu a aumentar com o número de parâmetros estimados.

Tabela 3. Número de parâmetros estimados (p), função de máxima verossimilhança (-2LogL), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiana (BIC), variância residual ponderada (VRP), porcentagem relativa da redução da complexidade (PRRC) e grau de interdependência entre os parâmetros do modelo (Complexidade) para os modelos empregando diferentes ordens de polinômios ortogonais de Legendre

Modelos ¹	p	-2LogL	AIC	BIC	VRP	PRRC	Complexidade
Leg3,3	18	98.996	99.032	99.181	4,64	80,74	0,995
Leg3,4	22	98.714	98.758	98.940	4,29	84,06	1,312
Leg3,5	27	98.503	98.557	98.781	4,04	86,65	1,582
Leg4,4	26	98.710	98.762	98.978	4,29	86,58	1,915
Leg4,5	31	98.500	98.562	98.820	4,04	88,44	2,232
Leg5,5	36	98.432	98.504	98.802	4,04	84,76	2,839

¹ Leg3,3= Leg K_a, K_{pe} , em que K_a e K_{pe} representam as ordens dos polinômios de Legendre ajustados para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente.

A discordância entre os critérios de qualidade de ajuste na escolha do melhor modelo observada neste estudo tem sido também relatada por outros autores (Lopez-Romero & Carabaño, 2003; Pelicioni et al., 2009). Em geral, os critérios de

comparação utilizados neste estudo indicaram que os modelos Leg3,5 e Leg5,5 apresentaram os melhores ajustes aos dados. Em análise, observou-se que as estimativas da variância residual e da variância genética de ambos os modelos foram semelhantes (Figura 2a e 2b), indicando que o aumento na ordem do polinômio de Legendre para a modelagem do efeito genético aditivo causa pouca distinção nas estimativas de herdabilidade entre modelos (Figura 2c). Verificou-se ainda maior variação dessas estimativas entre os dias em lactação ao longo do período de lactação quando utilizado, no modelo Leg5,5, o polinômio de Legendre de ordem 5 para modelagem desse efeito genético aditivo, o que sugere ser este um modelo menos robusto. Além disso, a complexidade do modelo Leg5,5 foi maior que o do modelo Leg3,5 (Tabela 3). Portanto, recomenda-se o modelo Leg3,5 na descrição das mudanças dos componentes de (co)variância da produção de leite ao longo da lactação de vacas Girolando.

Os resultados deste estudo são semelhantes aos relatados por Lopez-Romero & Carabaño (2003), que compararam de modelos de regressão aleatória com dados de bovinos leiteiros da raça Holandesa de três regiões da Espanha e observaram diferenças entre BIC, AIC e -2LogL , sendo o modelo Leg3,5 selecionado pelo critério BIC por ser o mais plausível na especificação dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente. Pool et al. (2000) e Bignardi et al. (2009) relataram também que a modelagem do efeito genético aditivo com polinômios de Legendre de menor ordem que para o efeito de ambiente permanente são suficientes para capturar grande parte da variabilidade genética e de ambiente permanente observada na forma da curva de lactação. No entanto, outros autores têm relatado melhores ajustes com polinômios de Legendre de igual ordem para ambos os efeitos aleatórios (Cobuci et al., 2006; Cobuci & Costa, 2012).

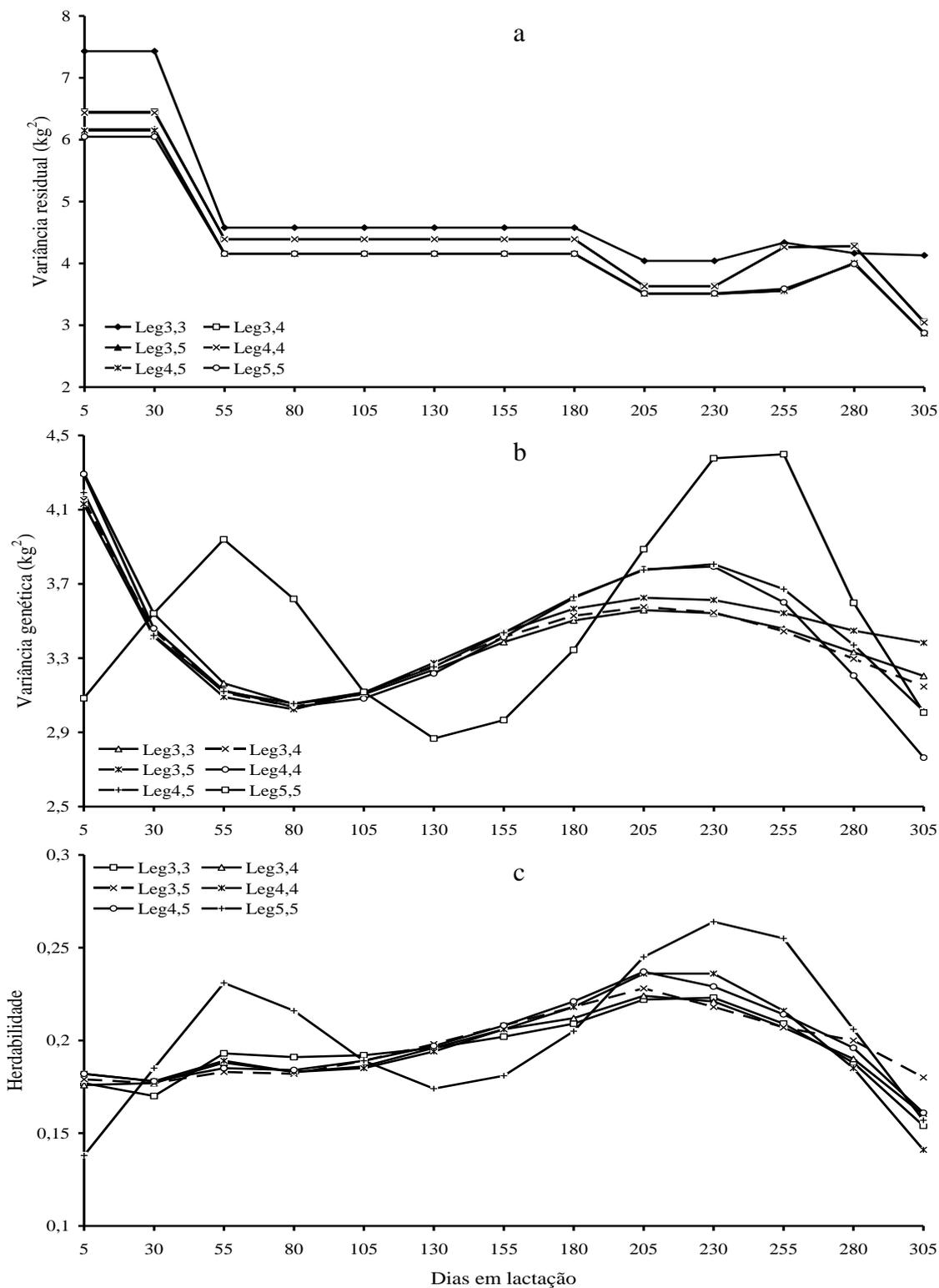


Figura 2. Estimativas da variância residual (a), da variância genética (b) e de herdabilidade (c) para a produção de leite nos dias em lactação, obtidas com os seis modelos utilizados.

Na avaliação das estimativas dos componentes de (co)variâncias genética aditiva e de ambiente permanente entre os coeficientes de regressão aleatória observou-se que as variâncias dos primeiros dois coeficientes (intercepto e linear) do efeito genético aditivo foram maiores que do terceiro (Tabela 4), indicando que eles têm contribuído significativamente na descrição da variação dos dados. De fato, os autovalores desses dois coeficientes explicaram mais de 98% da variabilidade total dos dados. Já para o efeito de ambiente permanente, foram necessários quatro coeficientes para explicar essa porcentagem de variação, valores próximos aos relatados por Pool et al. (2000) para a raça Holandesa na Dinamarca, em que os primeiros dois autovalores explicaram 97,2% da variação genética total no modelo Leg3,5.

Tabela 4. Estimativas de variâncias (na diagonal) e de covariâncias (abaixo da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória¹ com os desvios-padrão entre parênteses e autovalores (λ) das matrizes de (co)variâncias dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente com a porcentagem da variância explicada entre parêntesis do modelo Leg3,5²

Coeficientes do efeito genético aditivo			Coeficientes do efeito de ambiente permanente						
	α_0	α_1	α_2		p_0	p_1	p_2	p_3	p_4
α_0	5,331 (1,06)			p_0	14,182 (0,93)				
α_1	0,278 (0,40)	1,285 (0,28)		p_1	0,007 (0,35)	2,402 (0,25)			
α_2	-0,587 (0,23)	-0,221 (0,12)	0,190 (0,09)	p_2	-0,722 (0,23)	-0,053 (0,12)	1,365 (0,11)		
				p_3	0,197 (0,11)	-0,394 (0,06)	-0,062 (0,05)	0,610 (0,05)	
				p_4	0,319 (0,11)	-0,160 (0,06)	-0,192 (0,04)	0,095 (0,03)	0,454 (0,05)
λ_{α_i} ³	5,42 (79,6)	1,29 (19,0)	0,09 (1,38)	λ_{p_i}	14,23 (74,85)	2,50 (13,15)	1,38 (7,25)	0,53 (2,81)	0,37 (1,94)

¹ α_i e p_i são os coeficientes de regressão aleatória do efeito genético aditivo e de ambiente permanente para o i -ésimo polinômio de Legendre, respectivamente. ² Leg3,5, modelo adotado com três coeficientes para o efeito genético aditivo e cinco coeficientes para o efeito de ambiente permanente. ³ Autovalores da matriz de (co)variâncias dos coeficientes de regressão dos efeitos aleatórios.

As estimativas das herdabilidades, variâncias genética aditiva, de ambiente permanente, residual e fenotípica ao longo da curva da lactação mostraram tendências bem definidas (Figura 3). Pode-se observar que a variância genética aditiva foi ligeiramente maior no início da lactação e a partir daí, estabilizou-se até o final da lactação. As variâncias de ambiente permanente e fenotípica apresentaram tendências semelhantes, porém maiores que da variância genética aditiva, com maiores valores no início da lactação, mantendo-se estável no meio e aumentando no final da lactação. Similares tendências foram relatadas em outros estudos com gado de clima tropical (Santellano-Estrada et al., 2008; Bignardi et al., 2009; Dorneles et al., 2009; Biassus et al., 2011). Os maiores valores observados nos extremos da curva podem ser atribuídos a variações no número de registros de produção de leite no dia do controle (PLDC), nível de produção, fatores não-genéticos que não foram considerados no modelo e efeitos de prenhez (Bohmanova et al., 2008).

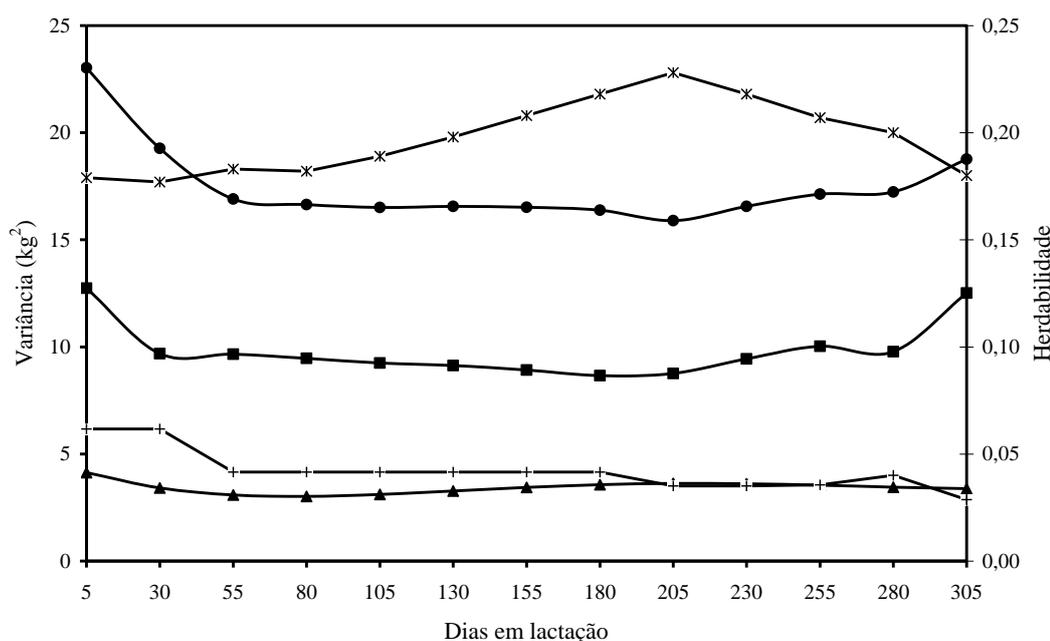


Figura 3. Estimativas de herdabilidade (*), variâncias genética aditiva (▲), de ambiente permanente (■), residual (+) e fenotípica (●) para a produção de leite nos dias em lactação, obtidas com o modelo Leg3,5.

As estimativas de herdabilidade foram baixas no início da lactação, com valores próximos a 0,18 nos primeiros 30 dias da lactação, aumentando gradualmente com o avanço da lactação até atingir valor máximo no dia 205 ($h^2 = 0,23$). A partir daí, decresceu gradualmente até o final da lactação com valor de 0,18 no dia 305 da

lactação (Figura 3). Os menores valores observados no início da lactação podem ser atribuídos à maior variância de ambiente permanente e à menor variância genética aditiva nesse período. Tendência similar foi observada por Dorneles et al. (2009a) na raça Holandesa no Brasil, com estimativas de herdabilidade que variaram de 0,14 a 0,20. No entanto, Costa et al. (2012), ao trabalharem com dados da raça Girolando, observaram estimativas de herdabilidade mais altas nos extremos da lactação, variando de 0,32 a 0,37 no início e de 0,27 a 0,38 no final da lactação. Essas diferenças podem ser atribuídas ao fato de que esses autores utilizaram a mesma ordem dos polinômios de Legendre no ajustamento dos efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente com variância residual constante ao longo da lactação.

Em geral, as correlações genéticas foram maiores entre os DIM adjacentes e menores entre os mais distantes (Tabela 5). Os DIM no meio da lactação foram altamente correlacionados, com correlações maiores ou iguais a 0,90 entre o DIM do dia 155 com os DIM dos dias 105 até 255 da lactação (Tabela 5 e Figura 4a). As correlações de ambiente permanente foram também altas entre os DIM adjacentes, reduzindo-se entre os mais distantes (Figura 4b). Pode-se observar também correlação genética baixa e negativa entre os controles extremos (dias 5 e 305). Correlações genéticas negativas entre os controles extremos do período da lactação têm sido relatadas na literatura (Lopez-Romero & Carabaño, 2003; Costa et al., 2005; Bignardi et al., 2009; Pereira et al., 2010).

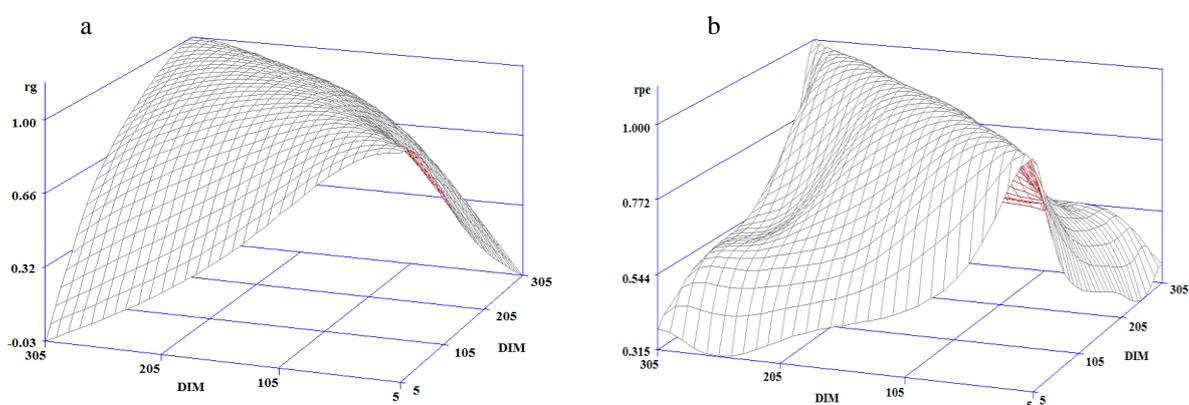


Figura 4. Estimativas das correlações genéticas (a) e de ambiente permanente (b) entre produções de leite no dia de controle em diferentes dias em lactação (DIM) na raça Girolando.

Segundo Lopez-Romero & Carabaño (2003), os MRA tendem a superestimar as variâncias genéticas e as herdabilidades nos extremos da curva de lactação e a subestimar as correlações genéticas entre o primeiro e último DIM da lactação. Neste estudo, o número de observações no final da lactação foi baixo, fato que poderia ter contribuído na subestimação da correlação entre os extremos da curva de lactação (Figura 1).

Tabela 5. Estimativas de correlações genéticas (acima da diagonal) e de ambiente permanente (abaixo da diagonal) entre dias em lactação (DIM) selecionados de primeiras lactações de vacas da raça Girolando

	5	30	55	80	105	130	155	180	205	230	255	280	305
5		0,98	0,90	0,79	0,67	0,55	0,44	0,34	0,25	0,18	0,10	0,04	-0,03
30	0,85		0,97	0,91	0,81	0,72	0,62	0,53	0,45	0,37	0,30	0,22	0,14
55	0,67	0,95		0,98	0,92	0,85	0,78	0,71	0,63	0,56	0,48	0,40	0,31
80	0,57	0,87	0,97		0,98	0,94	0,89	0,84	0,78	0,71	0,64	0,56	0,46
105	0,51	0,78	0,90	0,97		0,99	0,96	0,92	0,88	0,82	0,76	0,68	0,58
130	0,48	0,69	0,81	0,91	0,98		0,99	0,97	0,94	0,90	0,84	0,77	0,67
155	0,45	0,62	0,73	0,84	0,93	0,98		0,99	0,97	0,95	0,90	0,84	0,75
180	0,42	0,58	0,68	0,78	0,87	0,93	0,98		0,99	0,98	0,94	0,89	0,81
205	0,38	0,55	0,64	0,71	0,78	0,84	0,91	0,97		0,99	0,97	0,93	0,87
230	0,34	0,54	0,60	0,64	0,67	0,71	0,79	0,88	0,97		0,99	0,97	0,91
255	0,32	0,53	0,58	0,59	0,59	0,61	0,68	0,78	0,90	0,98		0,99	0,96
280	0,34	0,53	0,57	0,57	0,57	0,57	0,62	0,70	0,80	0,89	0,95		0,99
305	0,38	0,43	0,45	0,48	0,51	0,52	0,53	0,53	0,53	0,55	0,62	0,82	

As estimativas de herdabilidade para as medidas de persistência variaram de 0,10 a 0,33 e foram maiores nas medidas PS₃ e PS₇, e menores nas medidas PS₄, PS₅, PS₆ e PS₈ (Tabela 6), sugerindo que há importante contribuição do componente genético para esta característica, a qual poderia ser incluída entre os critérios de seleção na raça Girolando. Diferenças entre estimativas de herdabilidade das medidas de persistência podem estar associadas à parte da lactação utilizada no cálculo da persistência (Madsen, 1975). Cobuci et al. (2012), ao trabalharem com dados da raça Holandesa utilizando polinômios de quarta ordem, relataram estimativa de herdabilidade de 0,33 para PS₃, igual à obtida neste estudo. Em geral, os valores obtidos neste estudo foram maiores que os relatados por Pereira et al. (2012) para a raça Gir; e por Biassus et al. (2010) e Dorneles et al. (2009b) para a raça Holandesa, no Brasil, os quais variaram de 0,04 a 0,32 e foram obtidos com MRA em polinômios de Legendre de terceira e quarta ordem. Os valores deste trabalho, no entanto, são inferiores aos relatados por Freitas et al. (2010) na raça Guzerá. Esses

autores encontraram valores de 0,28; 0,38; 0,39; 0,20; 0,25 e 0,29 para as medidas PS₁ a PS₆, respectivamente.

Tabela 6. Estimativas de herdabilidades (na diagonal) e correlações genéticas (acima da diagonal) e de ambiente permanente (abaixo da diagonal) entre medidas de persistência e entre essas medidas de persistência e a produção de leite até 305 dias (PL305)

	PS ₁	PS ₂	PS ₃	PS ₄	PS ₅	PS ₆	PS ₇	PS ₈	PS ₉	PL305
PS ₁	0,18	0,88	0,99	0,95	-0,92	0,98	1,00	1,00	0,97	0,02
PS ₂	0,50	0,28	0,94	0,98	-0,64	0,77	0,88	0,90	0,97	0,30
PS ₃	0,96	0,65	0,33	0,98	-0,86	0,94	0,99	0,99	0,99	0,10
PS ₄	0,76	0,92	0,85	0,15	-0,76	0,86	0,95	0,96	1,00	0,21
PS ₅	-0,80	0,10	-0,66	-0,23	0,10	-0,98	-0,93	-0,91	-0,80	0,21
PS ₆	0,94	0,20	0,82	0,52	-0,94	0,15	0,98	0,97	0,89	-0,11
PS ₇	1,00	0,51	0,95	0,77	-0,79	0,94	0,31	1,00	0,97	0,02
PS ₈	0,93	0,49	0,93	0,79	-0,68	0,84	0,91	0,10	0,98	0,04
PS ₉	0,77	0,87	0,85	0,95	-0,28	0,55	0,77	0,77	0,18	0,17
PL305	-0,07	0,06	-0,01	0,00	0,10	-0,12	-0,08	-0,07	0,29	0,27

A estimativa de herdabilidade para produção de leite até 305 dias (0,27) encontra-se dentro do intervalo relatado em pesquisas com modelos de regressão aleatória utilizando diferentes funções polinomiais (Dorneles et al., 2009b; Biassus et al., 2010; Pereira et al., 2012). A estimativa de herdabilidade para produção de leite obtida neste estudo é maior que as de 0,22 e 0,25 obtidas por Pereira et al. (2012) na raça Gir e Dorneles et al. (2009b) na raça Holandesa, respectivamente. No entanto, é menor que valores obtidos por Jakobsen et al. (2002), Cobuci et al. (2006) e Biassus et al. (2010), que variaram de 0,31 a 0,42 na raça Holandesa.

As estimativas de correlações genéticas entre diferentes medidas de persistência foram de magnitude elevada, exceto entre PS₅ com PS₂ e PS₄ e entre PS₂ e PS₆ (Tabela 6). Podem-se observar também estimativas negativas entre PS₅ e as demais medidas, provavelmente devido à definição da PS₅, visto que maiores valores desta medida indicam maior persistência, ao contrário das demais medidas. Em geral, as correlações de ambiente permanente entre essas medidas foram também altas, exceto as correlações entre PS₂ e PS₁, PS₆, PS₇ ou PS₈; PS₆ e PS₄ ou PS₉; e PS₅ e PS₉, que foram baixas. Em geral, os valores de -0,92 a 1,00 entre medidas de persistência obtidos neste estudo foram semelhantes aos relatados por Pereira et al. (2012) na raça Gir (0,86 a 0,99), por Dorneles et al. (2009b) na raça Holandesa (-0,87 a 0,94) e por Freitas et al. (2010) na raça Guzerá (-0,99 a 0,97) no Brasil.

As correlações genéticas entre PS₁, PS₇ ou PS₈ e PL305 foram próximas a zero, próximas às relatadas por Kistemaker (2003), que estimou correlação genética de 0,06 entre PS₇ e PL305. No entanto, Dorneles et al. (2009b), Cobuci et al. (2012) e Khorshidie et al. (2012), em pesquisa com a raça Holandesa, e Jakobsen et al. (2002), com a raça Dinamarquesa, obtiveram valores próximos a zero entre PS₅ e PL305. Esses valores confirmam que há pequena associação genética entre produção de leite e persistência, indicando que animais com mesmo nível de produção de leite podem apresentar diferentes níveis de persistência na lactação. Portanto, animais com maior valor genético predito (VGP) para persistência da lactação não são exatamente aqueles com maior VGP para PL305 (Cobuci et al., 2007). Este fato pode ser confirmado quando se comparam os VGP para medidas de persistência e PL305 dos cinco melhores touros com mais de 25 filhas (Tabela 7), em que o quarto melhor touro (T4) classificado de acordo com seu VGP para PL305 é o primeiro para todas as medidas de persistência.

Tabela 7. Valores genéticos preditos (VGP) para as medidas de persistência (PS₁ a PS₉) e produção de leite até 305 dias (PL305) de cinco melhores touros com mais de 25 filhas classificadas de acordo com seu VGP para produção de leite

Touro	PL305	PS ₁	PS ₂	PS ₃	PS ₄	PS ₅	PS ₆	PS ₇	PS ₈	PS ₉
T1	1043,72	-0,53	3645,17	-147,28	9356,66	-22412,46	-1,03	-0,55	-3520,60	8805,03
T2	951,01	-1,36	9291,61	-375,42	23850,31	-57129,77	-2,63	-1,40	-8974,07	22444,19
T3	939,69	-1,03	7014,49	-283,41	18005,25	-43128,82	-1,98	-1,06	-6774,77	16943,73
T4	894,89	-0,05	317,17	-12,81	814,12	-1950,10	-0,09	-0,05	-306,33	766,12
T5	863,49	-0,98	6663,35	-269,23	17103,94	-40969,85	-1,88	-1,00	-6435,64	16095,55

Segundo Jakobsen et al. (2002), a medida ideal para persistência da lactação é aquela que apresenta valor econômico expressivo, maior variação genética, alta herdabilidade e baixa correlação com a produção de leite até 305 dias. Neste estudo, a medida PS₇ apresentou essas características, portanto, pode ser recomendada para avaliação de persistência da lactação em bovinos da raça Girolando.

A porcentagem de animais em comum com mais de 25 filhas selecionados para PS₇ e PL305 é bem menor a altas intensidades (<10%), mas, como se esperava, essa porcentagem aumentou quando a proporção de animais selecionados foi maior (Figura 5). Observa-se também que esse valor é maior em vacas que em touros, mas, quando a seleção de touros é restrita pelo número de filhas, essa porcentagem se torna bem maior. Similares tendências foram observadas por Cobuci et al. (2007) na raça Holandesa e por Pereira et al. (2012) na raça Gir.

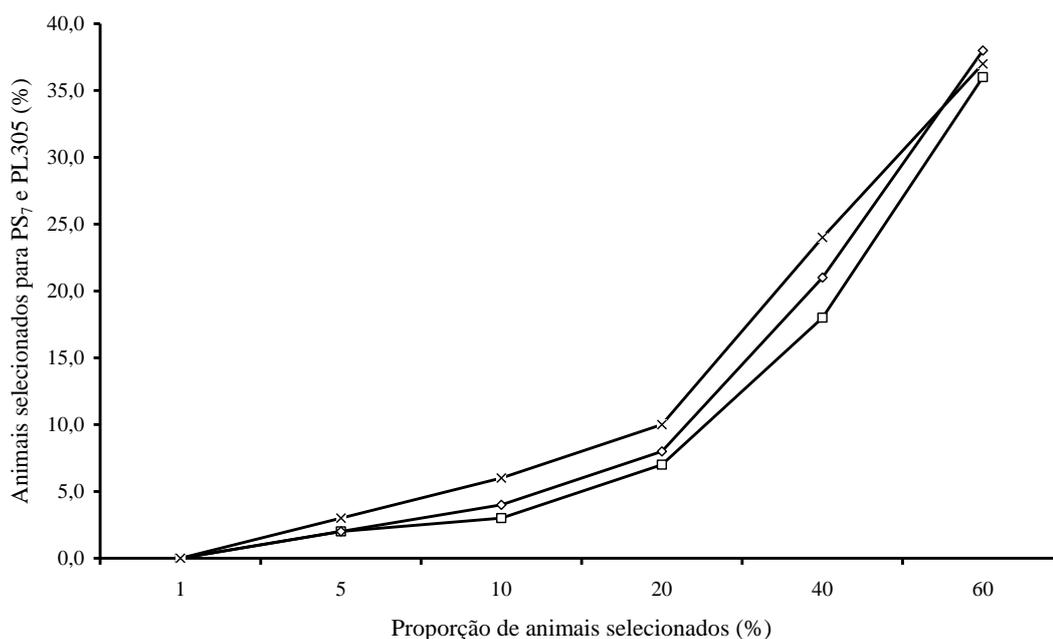


Figura 5. Porcentagem de todos os touros (□), todas as vacas (◇) e touros com mais de 25 filhas (×) em comum quando diferentes proporções de animais foram selecionadas com base no seu valor genético predito para persistência (PS₇) e produção de leite em 305 dias (PL305).

Os valores genéticos preditos (VGP) para produção de leite ao longo da lactação dos cinco melhores touros para PL305 com mais de 25 filhas mostraram padrões semelhantes, porém com diferenças bem marcantes (Figura 6). Houve claras diferenças no valor genético predito dos touros ao longo da lactação. Os touros T1 e T4 apresentaram os maiores VGP no pico da lactação, porém, no período final, os touros T2, T3 e T5 mostraram maior mérito genético para persistência. Da mesma forma, na Figura 6 são apresentados os VGP dos cinco melhores touros classificados para persistência da lactação (PS₇). Os VGP dos touros T1 a T4 foram maiores que os do T5 e apresentaram tendência crescente ao longo da lactação. No entanto, importante ressaltar que esses cinco touros tiveram diferentes classificações em ambas as características (PL305 e PS₇).

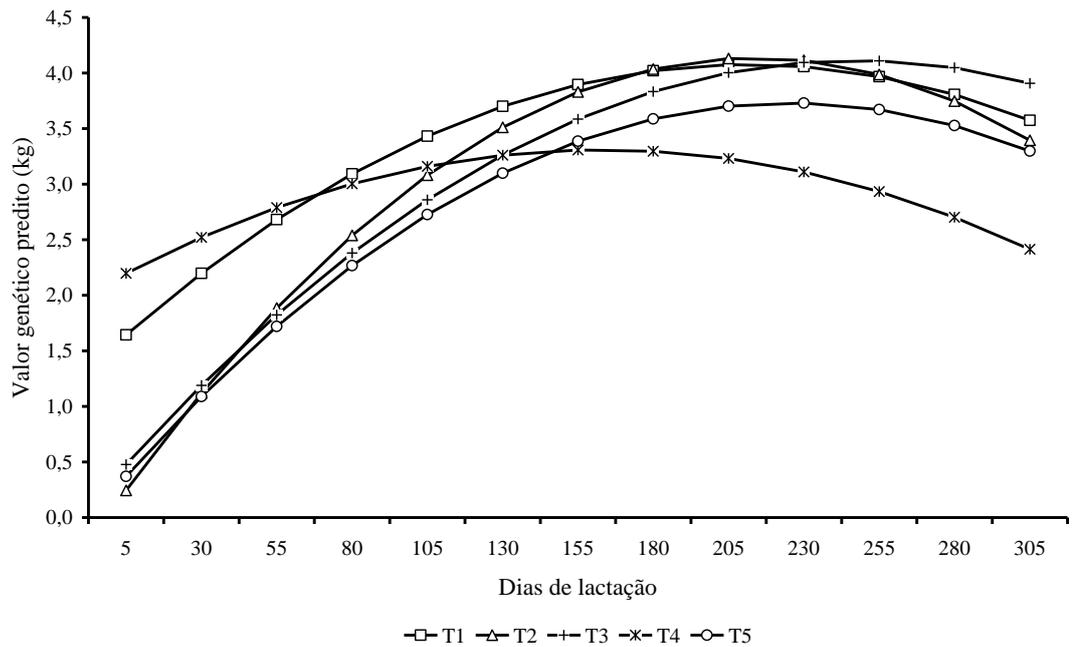


Figura 6. Valores genéticos preditos ao longo da lactação dos cinco melhores touros (T1 a T5) com mais de 25 filhas classificados para produção de leite até 305 dias (PL305).

As tendências mostradas nas Figuras 7 e 8 indicam que a persistência da lactação não depende do nível de produção dos animais, confirmando assim fraca associação entre ambas as características (Cobuci et al., 2007; Pereira et al., 2012).

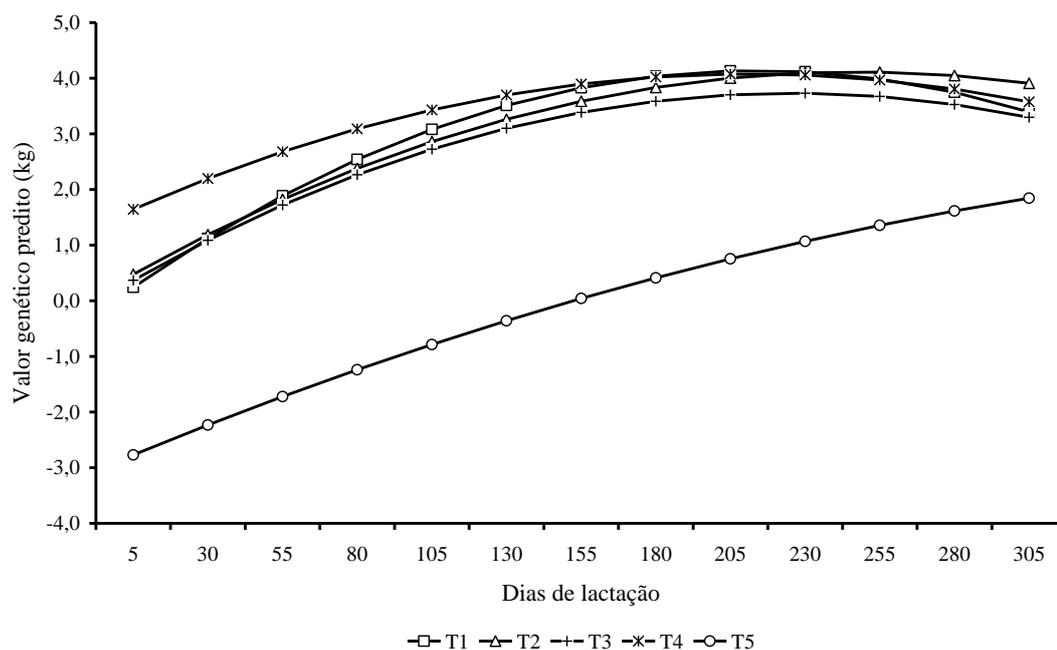


Figura 7. Valores genéticos preditos ao longo da lactação dos cinco melhores touros (T1 a T5) com mais de 25 filhas classificados para persistência da lactação (PS₇).

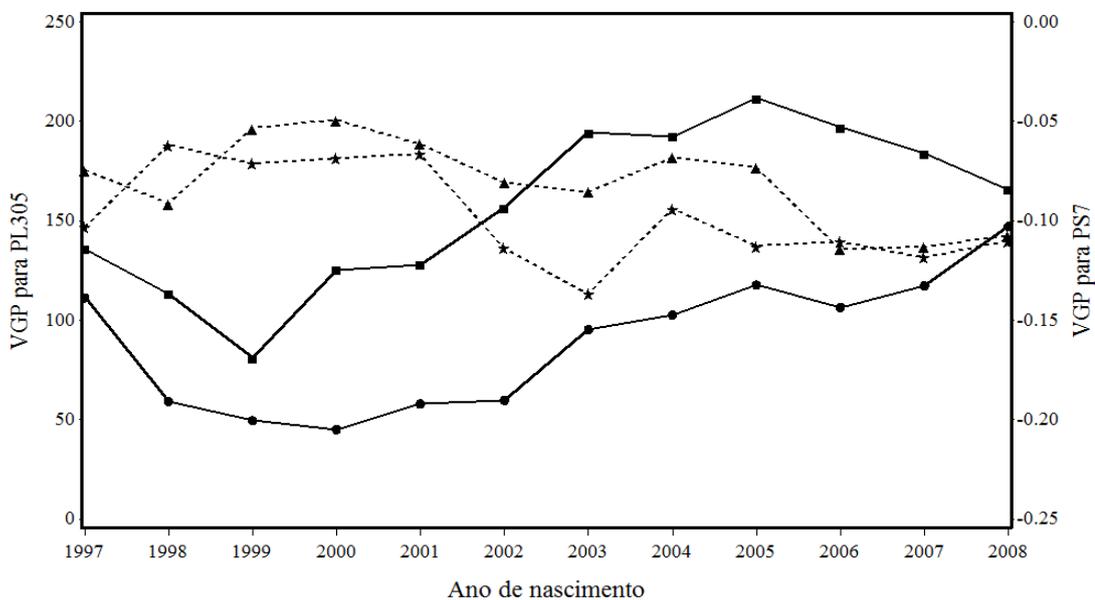


Figura 8. Média dos valores genéticos preditos (VGP) para produção de leite até 305 dias (PL305) e persistência da lactação (PS₇) de touros [PL305 (■) e PS₇ (★)] e vacas [PL305 (●) e PS₇ (▲)].

As estimativas de tendência genética anual para PL305 de touros e vacas foram positivas e de magnitude moderada, porém negativas para PS₇ (Tabela 8). Em geral, os resultados revelam significativo progresso genético para PL305 na população Girolando durante o período avaliado, tendência que foi mais expressiva nos touros que em vacas, com 31,73% de aumento ao longo do período avaliado (Figura 8). Esses resultados indicam eficiência no programa de melhoramento genético da raça Girolando.

Os valores de tendência genética obtidos neste estudo são próximos a 6,71 e 7,53 kg/leite por ano relatados por Ferreira et al. (2006) e Silva et al. (2001) na raça Holandesa e no ecótipo Mantiqueira, respectivamente, mas menores que 9,51 kg/leite por ano obtido por Boligon et al. (2005) na raça Holandesa. Entretanto, as tendências genéticas anuais para persistência da lactação para touros e vacas foram negativas e de baixa magnitude (Tabela 8), indicando que não houve progresso genético para esta característica no período de 1997 a 2008. Esses resultados eram esperados, uma vez que a correlação genética entre PL305 e PS₇ foi próxima de zero (0,02, Tabela 6), confirmando que seleção para PL305 não conduz à melhoria na persistência da lactação. Similares tendências foram observadas por Cobuci et al. (2007) na raça Holandesa e por Pereira et al. (2012) na raça Gir. À luz desses resultados, uma alternativa para o melhoramento de ambas as características implicaria no uso de índices de seleção que combinem persistência da lactação e PL305 e que permitam a seleção simultânea de animais mais produtivos e persistentes para produção de leite (Chaves, 2009).

Tabela 8. Estimativas de tendência genética anual (b), erros-padrão (EP) e coeficiente de determinação (R²) para produção de leite até 305 (PL305) e persistência da lactação (PS₇) de touros e vacas da raça Girolando

Característica	Touros			Vacas		
	b	EP	R ²	b	EP	R ²
PL305	8,5168**	2,31	0,58	6,4653*	2,09	0,49
PS ₇	-0,0042*	0,00	0,37	-0,0039*	0,00	0,41

* p<0,05, ** p<0,01.

CONCLUSÕES

O uso da medida de persistência PS₇ proposta por Kistemaker (2003), sob o modelo de regressão aleatória empregando funções polinomiais de ordens 3 e 5 para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente seria a opção

mais adequada para a avaliação da persistência e da produção de leite na lactação de animais da raça Girolando. As tendências genéticas revelaram que a seleção para aumento da produção de leite em até 305 dias não promoveu progresso genético para persistência da lactação nos animais Girolando. O uso de índices de seleção para a avaliação simultânea de ambas as características pode ser uma alternativa viável.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Associação Brasileira dos Criadores de Girolando ABCG (2012). Girolando - A raça mais versátil do mundo tropical. Disponível em: [<http://www.girolando.com.br/site/ogirolando/performance.php>]. Acesso em: 12 mai. 2012.
- Akaike H (1973). Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In: Petrov BN, Csaki F editor. Proc. 2nd Int. Symp. Information Theory. Hungary: Akademia Kiado, Budapest. p.267–281.
- Biassus IO, Cobuci JA, Costa CN, Rorato PRN, et al. (2010). Persistence in milk, fat and protein production of primiparous Holstein cows by random regression models. *R. Bras. Zootec.* 39(12): 2617–2624.
- Biassus IO, Cobuci JA, Costa CN, Rorato PRN, et al. (2011). Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. *R. Bras. Zootec.* 40(1): 85–94.
- Bignardi AB, El Faro L, Cardoso VL, Machado PF, et al. (2009). Random regression models to estimate testday milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. *Livest. Sci.* 123(1): 1–7.
- Bohmanova J, Miglior F, Jamrozik J, Misztal I, et al. (2008). Comparison of random regression models with Legendre polynomials and linear splines for production traits and somatic cell score of Canadian Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 91(9): 3627–3638.
- Boligon AA, Rorato PRN, Ferreira GBB, Weber T, et al. (2005). Herdabilidade e Tendência Genética para as Produções de Leite e de Gordura em Rebanhos da Raça Holandesa no Estado do Rio Grande do Sul. *Rev. Bras. Zootec.* 34(5): 1512–1518.
- Bozdogan H (2000). Akaike's information criterion and recent developments in information complexity. *J. Math. Psychol.* 44(1): 62–91
- Chaves LCS (2009). Avaliação genética em bubalinos leiteiros utilizando modelo de regressão aleatória. Dissertação (Doutorado), Universidade Federal de Viçosa, MG, Brazil. 66p.
- Costa CN, Melo CMR, Machado CHC, Freitas AF, et al. (2005). Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. *R. Bras. Zootec.* 34(5): 1519–1530.
- Costa CN, Cobuci JA, Freitas AF, Silva MVGB, et al. (2012). Parâmetros Genéticos para a Produção de Leite do Dia do Controle da Primeira Lactação de Vacas Girolando Estimados por Regressão Aleatória com Polinômios de Legendre. IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012.

- Cobuci JA, Euclides RF, Costa CN, Lopes PS, et al. (2004). Analysis of persistency in the lactation of Holstein cows using test-day yield and random regression model. *R. Bras. Zootec.* 33 (3): 546–554.
- Cobuci JA, Costa CN, Teixeira NM e Freitas AF (2006). Utilização dos polinômios de Legendre e da função de Wilmink em avaliações genéticas para persistência na lactação de animais da raça Holandesa. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 58(4): 614–623.
- Cobuci JA, Euclides RF, Costa CN, Torres RA, et al. (2007). Genetic evaluation for persistency of lactation in Holstein cows using a random regression model. *Genet. Mol. Biol.* 30(2): 349–355.
- Cobuci JA e Costa CN (2012). Persistency of lactation using random regression models and different fixed regression modeling approaches. *R. Bras. Zootec.* 41(9): 1996–2004.
- De Roos APW, Harbers AGF e De Jong G (2004). Random Herd Curves in a Test-Day Model for Milk, Fat, and Protein Production of Dairy Cattle in The Netherlands. *J. Dairy Sci.* 87(8): 2693–2701.
- Dorneles CKP, Cobuci JA, Rorato PRN, Weber T, et al. (2009a). Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite de vacas da raça Holandesa via regressão aleatória. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 61(2): 407–412.
- Dorneles, CKP, Rorato PRN, Cobuci JA, Lopes JS, et al. (2009b). Persistência na lactação para vacas da raça Holandesa criadas no Estado do Rio Grande do Sul via modelos de regressão aleatória. *Ciênc. rural.* 39(5): 1485–1491.
- Ferreira WJ, Teixeira NM, Torres RA e Barra RB (2006). Estimação de tendência genética para produção de leite na raça Holandesa no estado de Minas Gerais. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 58(4): 599–606.
- Freitas LS, Silva MA, Verneque RS, Valente BD, et al. (2010). Avaliação da persistência na lactação da raça Guzerá, utilizando modelos de regressão aleatória. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 62(2): 401–408.
- Jakobsen JH, Madsen P, Jensen J, Pedersen J, et al. (2002). Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. *J. Dairy Sci.* 85(6): 1607–1616.
- Jamrozik J, Schaeffer LR e Dekkers JCM (1997). Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. *J. Dairy Sci.* 80(6): 1217–1226.
- Khorshidie R, Shadparvar AA, Ghavi Hossein-Zadeh N e Joezy Shakalgarabi S (2012). Genetic trends for 305-day milk yield and persistency in Iranian Holsteins. *Livest. Sci.* 144(3): 211–217.
- Kistemaker GJ (2003). Comparison of persistency definitions in random regression test day models. Proc. Interbull Technical Workshop. Beltsville, MD. *Interbull Bull* 30: 96–98.

- López-Romero P e Carabaño MJ (2003). Comparing alternative random regression models to analyse first lactation daily milk yield data in Holstein Friesian cattle. *Livest. Prod. Sci.* 82(1): 81–96.
- Madsen O (1975). A comparison of some suggested measures of persistency of milk yield in dairy cows. *Anim. Prod.* 20(2): 191–197.
- Meyer K (2007). WOMBAT: a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *J. Zhejiang Univ. Sci. B.* 8(11): 815–821.
- Pelicioni LC, Albuquerque LG e Queiroz AS (2009). Estimação de componentes de co-variância para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzerá empregando-se modelos de regressão aleatória. *R. Bras. Zootec.* 38(1): 50–60.
- Pereira RJ, Lopes PS, Verneque RS, Santana Júnior ML, et al. (2010). Funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir leiteiro. *Pesq. Agrop. Bras.* 45(11): 1303–1311.
- Pereira RJ, Verneque RS, Lopes PS, Santana Júnior ML, et al. (2012). Milk yield persistency in Brazilian Gyr cattle based on a random regression model. *Genet. Mol. Res.* 11(2): 1599–1609.
- Pool MH, Janss LLG e Meuwissen THE (2000). Genetic Parameters of Legendre Polynomials for First Parity Lactation Curves. *J. Dairy Sci.* 83(11): 2640–2649.
- Santellano-Estrada E, Becerril-Pérez CM, Alba J, Chang YM, et al. (2008). Inferring Genetic Parameters of Lactation in Tropical Milking Criollo Cattle with Random Regression Test-Day Models. *J. Dairy Sci.* 91(11): 4393–4400.
- Schwarz G (1978). Estimating the dimension of the model. *Ann. Stat.* 6(2): 461–464
- Silva MVGB, Ferreira WJ, Cobuci JA, Guaragna GP, et al. (2001). Estimativas de Tendência Genética para Características Produtivas em um Rebanho do Ecótipo Mantiqueira. *Rev. Bras. Zootec.* 30(5): 1466–1475.

CONCLUSÕES GERAIS

- a) A endogamia nos rebanhos da raça Girolando é de pequena magnitude, indicando que as práticas de acasalamento foram adequadas durante o período avaliado. Os valores do tamanho efetivo da população e do número efetivo de fundadores e ancestrais encontram-se acima dos valores críticos, comprovando que não houve perda significativa da diversidade genética da população Girolando.
- b) A inclusão dos registros de lactações curtas (maior que 100 dias) causa pouca variação nos componentes de variância e nas herdabilidades das características estudadas. Recomenda-se a utilização do modelo com efeito fixo do grupo genético da vaca e a inclusão de registros provenientes de lactações curtas na avaliação genética para produção de leite em até 305 dias, idade ao primeiro parto e primeiro intervalo de partos de bovinos da raça Girolando.
- c) Observou-se associação genética antagônica entre produção de leite em até 305 dias e primeiro intervalo de partos. As amplas variações genéticas da raça Girolando para produção de leite e características reprodutivas podem permitir ganhos genéticos moderados para essas características, contribuindo, a longo prazo para melhoria da eficiência produtiva e reprodutiva dos rebanhos.
- d) Os resultados de tendências genéticas comprovaram que o programa de melhoramento genético da raça promoveu melhoria na produção de leite e redução na idade da vaca no primeiro parto, não tendo impacto sobre o primeiro intervalo de partos das vacas Girolando.
- e) O uso da medida de persistência PS_7 proposta por Kistemaker (2003) em modelos de regressão aleatória empregando polinômios de Legendre de ordens 3 e 5 para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, seria a opção mais adequada para a avaliação da persistência e da produção de leite na lactação de animais da raça Girolando.