

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

**DIFERENTES ABORDAGENS PARA MODELAR A
PRODUÇÃO DE LEITE DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ**

Daniel Jordan de Abreu Santos
Médico Veterinário

JABOTICABAL - SÃO PAULO - BRASIL

2011

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

**DIFERENTES ABORDAGENS PARA MODELAR A
PRODUÇÃO DE LEITE DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ**

Daniel Jordan de Abreu Santos

Orientador: **Prof. Dr. Humberto Tonhati**

Co-orientadora: **Dra. Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto**

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

JABOTICABAL - SÃO PAULO - BRASIL
2011

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

DANIEL JORDAN DE ABREU SANTOS – nascido em 20 de janeiro de 1984, na cidade de Cantagalo-RJ, filho de Francisco Antônio Ismério dos Santos e de Liliane Jordan de Abreu Santos. Iniciou em agosto de 2004 o curso de Medicina Veterinária no Centro Universitário Serra dos Órgãos – Teresópolis-RJ e em 18 de dezembro de 2008 obteve o título de Médico Veterinário. Em março de 2009 ingressou no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP – Campus de Jaboticabal-SP, obtendo o grau de Mestre em 29 de Abril de 2011 sob orientação do Prof. Dr. Humberto Tonhati.

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela minha vida e pela garantia de que tudo vai dar certo.

Aos meus pais, por creditar nos meus planos, pelo ensino e pelo bom humor passados para mim.

A minha irmã e aos meus outros familiares, pela força e apoio nesse período.

Ao professor Dr. Humberto Tonhati, pela orientação, ensinamentos, amizade e provisão durante o período de realização deste trabalho, muito obrigado.

A minha co-orientadora Dr. Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto, pela orientação, paciência, amizade e dedicação para a realização deste trabalho.

Ao meu amigo Raul Borquis, pela a amizade e pelas importantíssimas contribuições para a realização deste trabalho.

Aos componentes da banca examinadora, Dra. Lenira El Faro e Dr. Fernando Baldi, pela disponibilidade, correções e valiosas sugestões para a melhoria deste trabalho.

Ao Dr. Henrique Nunes de Oliveira, pelas correções e sugestões para o aprimoramento deste trabalho prestadas no exame de qualificação.

À UNESP e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, pela oportunidade de realizar mais uma etapa da minha vida.

Ao Conselho nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudo.

À Dra. Vânia Penna, pelo apoio, torcida e exemplo de profissionalismo.

À Embrapa Gado de Leite (CNPGL) e ao Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá pela concessão das informações utilizadas neste trabalho.

À Professora Lucia Galvão de Albuquerque e aos Professores do Departamento de ciências Exatas pelos conselhos e ensinamentos transmitidos.

Aos colegas de pós-graduação em melhoramento genético, Gregório, Naudim, Francisco, Efraim Enrique, Diercles, Patrícia, Fernanda, Dimas, Daniele, Rodrigo, Diogo, Annaiza, Luis Gabriel, Guilherme Band, Michele, Rafael e Luis Orlando pela ajuda e amizade.

A todos meus sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO

	Página
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
Introdução.....	1
Objetivos.....	2
Revisão de Literatura.....	2
Referências Bibliográficas.....	10
CAPÍTULO 2 – PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE NO DIA DO CONTROLE, PRODUÇÃO DE LEITE ATÉ 305 DIAS E DURAÇÃO DA LACTAÇÃO DE VACAS DA RAÇA GUZERÁ.....	19
Resumo.....	19
Introdução.....	20
Material e Métodos.....	21
Resultados e discussão.....	24
Conclusões.....	30
Referências.....	30
CAPÍTULO 3 – MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EMPREGANDO FUNÇÕES PARAMÉTRICAS PARA A PRODUÇÃO DE LEITE DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ.....	35
Resumo.....	35
Introdução.....	36
Material e Métodos.....	37
Resultados e Discussão.....	40
Conclusões.....	50
Referências.....	50
CAPÍTULO 4 – MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE DE VACAS DA RAÇA GUZERÁ.....	55

Resumo.....	55
Introdução.....	56
Material e Métodos.....	57
Resultados e Discussão.....	61
Conclusões.....	72
Referências.....	72
CAPÍTULO 5 – MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EMPREGANDO FUNÇÕES <i>B-SPLINES</i> PARA O AJUSTE DA PRODUÇÃO DE LEITE DE VACAS DA RAÇA GUZERÁ	
Resumo.....	77
Introdução.....	78
Materiais e Métodos.....	79
Resultados e Discussão.....	83
Conclusões.....	91
Referências.....	91
CAPÍTULO 6 – COMPARAÇÃO ENTRE DIFERENTES FUNÇÕES PARA MODELAR A CURVA DE LACTAÇÃO DE VACAS DA RAÇA GUZERÁ EMPREGANDO METODOLOGIA DE REGRESSÃO ALEATÓRIA.....	
Resumo.....	96
Introdução.....	97
Material e Métodos.....	99
Resultados e Discussão.....	104
Conclusões.....	120
Referências.....	121
CAPÍTULO 7 – PERSISTÊNCIA DA LACTAÇÃO EM VACAS DA RAÇA GUZERÁ, APLICANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	
Resumo.....	125
Introdução.....	126
Material e Métodos.....	127
Resultados e Discussão.....	131

Conclusões.....	137
Referências	137
CAPÍTULO 8 – IMPLICAÇÕES.....	140

DIFERENTES ABORDAGENS PARA MODELAR A PRODUÇÃO DE LEITE DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ

RESUMO – Parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle (PLDC) de primeiras lactações de vacas da raça Guzerá foram estimados utilizando modelo multicaracterísticas de dimensão finita (TMDO) e modelos de regressão aleatória (MRA). A produção acumulada em 305 dias (P305), duração da lactação (DL) e persistência da lactação (PS) também foram analisadas. Para o TMDO, foram analisadas as PLDC juntamente com a P305 e a DL, considerando como aleatórios, o efeito genético aditivo e o residual e, como fixo, o grupo de contemporâneos e a covariável idade da vaca ao parto. Para os MRA, foram considerados como aleatório, o efeito genético aditivo, de ambiente permanente e residual e como efeito fixo, o grupo de contemporâneos, os efeitos linear e quadrático da covariável idade ao parto e a curva média da população. Para os MRA foram consideradas as funções de ajuste de Wilmink (WL), Ali & Schaeffer (AS), uma combinação entre a função de Wilmink com polinômios ortogonais de Legendre (LM), polinômios ortogonais de Legendre (LEG) e funções *B-spline* (BS). Os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio destas funções, bem como a curva média da população, com a exceção dos modelos ajustados por funções BS que tiveram a curva média ajustada por polinômio de Legendre ou pela função de Ali & Schaeffer. O resíduo foi ajustado considerando variância homogênea ou em classes heterogêneas de variância residual. O modelo empregando funções BS cúbica com número de coeficientes de regressão aleatória igual cinco tanto para efeito genético aditivo como de ambiente permanente com a curva média modelada pela função de Ali & Schaeffer e resíduo ajustado por seis classes variância residual foi o mais adequado. Entretanto, os melhores MRA para cada função de ajuste, não apresentaram diferenças para as estimativas dos parâmetros genéticos e para correlação de ordem entre os valores genéticos estimados. Os resultados sugerem semelhança entre os MRA para classificação dos animais para diferentes critérios de seleção. Desta forma, o modelo empregando polinômio de Legendre de terceira

ordem para efeito genético aditivo de sexta ordem para o efeito de ambiente permanente, e seis classes heterogêneas de variâncias residuais e curva média da população ajustada por um polinômio de quarta ordem se mostrou a melhor opção, por ser considerado o mais parcimonioso e menos complexo. Doze medidas de persistência (PS) da lactação foram avaliadas com a utilização deste modelo. As estimativas de herdabilidade (h^2) para as PLDC obtidas com o modelo TMDO oscilaram de 0,17 a 0,26, para P305 0,26 e DL 0,16. As h^2 obtidas com os MRA oscilaram de 0,19 a 0,33. As h^2 para as medidas de persistência variaram de 0,19 a 0,49. Os resultados indicaram que a seleção para a produção de leite no dia de controle pode trazer ganhos para a produção em 305 dias, mas perdas para as PS.

Palavras-chaves: Funções de covariância, Parâmetros genéticos, Raças zebuínas, *Test-day model*

DIFFERENT APPROACHES FOR MILK PRODUCTION MODELLING OF THE GUZERAT DAIRY CATTLE

ABSTRACT - Genetic parameters for milk production in the test day model (PLDC) for Guzerat dams' first lactations were estimated by multitrait finite model (TMDO) and random regression models (MRA). The cumulative production at 305 days (P305), lactation length (DL) and lactation persistency (PS) were also analyzed. For TMDO, the PLDC were analyzed together with P305 and DL, considering the additive genetic effect and residual effect as random effects, the contemporary group as a fixed effect, and the age of dam at calving as a covariate. For MRA, additive genetic effect, permanent environmental effect and residual effect were considered as random effects and the contemporary group, the linear and quadratic covariate of age at calving and the average curve of the population as fixed effects. Also for the MRA, the Wilmink (WL) and the Ali & Schaeffer (AS) adjustment functions, a combination of the Wilmink function with Legendre orthogonal polynomials (LM), Legendre orthogonal polynomials (LEG) and B-spline functions (BS) were considered. The random additive genetic and permanent environmental effects were modeled by means of these functions, as well as the population average curve, with the exception of the adjusted models by the BS functions that had the average curve adjusted by the Legendre polynomial or by the Ali & Schaeffer function. The residual error was adjusted considering homogeneous variance or heterogeneous classes of residual variance. The model using cubic BS functions with random regression coefficient numbers equal to five for additive genetic effect as well as for permanent environmental with average curve modeled by the Ali & Schaeffer function and residual error adjusted for six classes of residual variance was the more appropriate. However, the best MRA for each adjustment function presented no differences in the estimates of genetic parameters and for order correlation between estimated breeding values. The results suggest similarities between the MRA for the classification of animals to different selection criteria. The results suggest similarities. Thus, the model using Legendre polynomials of third order for additive genetic effect of sixth order for the permanent environmental effect, and six classes of

heterogeneous residual variances and the population average curve fitted by a fourth order polynomial was the best option , viewed as the most parsimonious and less complex. Twelve measures of persistence (PS) of lactation were evaluated using this model. Estimates of heritability (h^2) for PLDC from model TMDO ranged from 0.17 to 0.26, for P305 0.26 and DL 0.16. The h^2 obtained with MRA ranged from 0.19 to 0.33. The h^2 for persistency measures ranged from 0.19 to 0.49. The results indicated that selection for milk production at test day can bring gains for the production at 305 days, but losses to the PS.

Keywords: Functions of covariance, genetic parameters, zebu breeds, Test-day model

CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS

1- INTRODUÇÃO

Entre as raças zebuínas trazidas para o Brasil, o Guzerá é uma raça considerada de dupla aptidão, por atender o propósito de produção de leite e carne. Sua origem encontra-se no norte da Índia, província de Gujarat e tem o Kankrej, como principal grupamento étnico formador da raça (SANTIAGO, 1960). Introduzida inicialmente no país no século XIX com a finalidade de servir de força motriz (trabalho), a raça passou a ser selecionada para produção de leite e carne por iniciativa dos criadores. Atualmente, auxiliando o progresso genético da raça para tais características, existem programas de melhoramento atuando em conjunto com ABCZ (responsável pelo registro genealógico dos animais).

O programa de Melhoramento do Guzerá para leite, executado pela Embrapa Gado de Leite e pelo Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá, é responsável pelas avaliações moleculares e genético-quantitativas das características ligadas à produção de leite, seja por teste progênie ou pelo núcleo MOET. Como na maioria dos países, a avaliação genética dos animais para produção de leite é feita por meio da produção de leite acumulada aos 305 dias de lactação (P305).

Como alternativa aos modelos de repetibilidade utilizados para avaliação da P305, os “Test Day Models” (TDM) têm sido propostos procurando contornar alguns problemas pela utilização da P305. Tais modelos permitem: um melhor detalhamento ao considerar efeitos ambientais específicos para cada controle leiteiro; inclusão nas avaliações genéticas de animais com lactação em andamento sem necessidade de ajuste da produção; aumento do número de informações por animal e maior acurácia na avaliação genética dos animais jovens.

Os TDM para avaliação da produção de leite utilizam os registros do dia do controle de produção de leite dos animais. De modo geral, os TMD podem ser analisados por meio de modelos de dimensão finita, onde cada controle é

considerado uma característica diferente, ou por meio de modelos de dimensão infinita, onde cada controle é considerado como uma medida repetida dos animais. Nos modelos de dimensão infinita, também conhecidos como modelos de regressão aleatória (MRA), o efeito fixo e aleatório tem suas trajetórias modelados por funções. Desta forma possibilitam então, a predição de valores genéticos para a produção de leite para qualquer ponto ou intervalo dentro do período de lactação, diferentemente dos modelos multicaracterísticas de dimensão finita, que possibilitam apenas predições pontuais. Uma outra possível vantagem da aplicação dos MRA é a predição de valores genéticos para a persistência da lactação, que é uma característica de grande importância econômica.

2- OBJETIVOS

Os objetivos do presente estudo foram:

- Estimar componentes de variância para a produção de leite de bovinos da raça Guzerá empregando “test-day models” de dimensão finita e infinita (MRA);
- Avaliar funções de ajuste para os MRA e a utilização desses para avaliação genética da raça;
- Verificar a possibilidade da utilização da produção de leite em controles parciais como critério de seleção para a produção total de leite e persistência da lactação na raça Guzerá;
- Analisar diferentes medidas de persistência da produção de leite e verificar a possibilidade de utilização desta característica como critério de seleção.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Medidas Repetidas no Tempo

Dados longitudinais são observações de uma característica em uma mesma unidade experimental, que ocorrem em estágios diferentes, determinados por outra

variável, seja tempo, espaço, ambiente e etc. Quando essas observações são obtidas seqüencialmente ao longo do tempo, são denominadas medidas repetidas no tempo, como é o caso das produções de leite em diferentes períodos da lactação. Esses dados podem assumir uma estrutura da matriz de covariância dentro de uma mesma unidade experimental não esférica, ou seja, podem não possuir covariância entre as medidas igual a zero (matriz de componentes de variância simples) ou simplesmente não possuir covariância constante entre as medidas (matriz de covariância homogênea), verificando assim correlações entre essas observações que, geralmente, são menores em tempos mais distantes (MALHEIROS, 2004).

As características que apresentam esse tipo de comportamento são denominadas de características longitudinais. Do ponto de vista genético, parte das diferenças entre as observações são devidas a alterações fisiológicas atribuídos à ação de diferentes genes ocorrida ao longo do tempo (SCHAEFFER, 2004).

As avaliações genéticas para características que apresentam esse comportamento são realizadas por modelos de repetibilidade (em que a correlação genética entre as medidas é igual à unidade), modelos múlticaracterísticas de dimensão finita e modelos de dimensão infinita. Estes últimos são os modelos que utilizam função de covariância, como os de regressão aleatória (MRA). Os MRA permitem a mudança gradual da covariância entre as características ao longo do tempo, onde a estrutura de covariância pode ser predita para qualquer ponto da trajetória, dispensando qualquer tipo de ajuste para produção.

3.2 Modelos utilizados nas avaliações genéticas para bovinos leiteiros

A produção de leite no dia do controle é o somatório de todos os registros de produção de leite durante um dia de uma vaca (PANDER et al. 1992; SCHAEFFER & JAMROZIK, 1996; FIRAT et al. 1997). Os controles leiteiros podem ser realizados em intervalos de tempo diferentes, sendo os intervalos semanal e mensal, os mais utilizados. Os resultados destes controles são usados para o cálculo da produção total ou para o período de 305 dias. A produção acumulada até os 305 dias é,

geralmente, o principal critério de seleção de bovinos de leite. Entretanto quando se utiliza a produção de leite acumulada é assumido que a forma das curvas de lactações entre as vacas não varia, reduzindo a variabilidade genética da produção (SHAHRBABA, 1997). No caso das lactações em andamento, estas podem ser projetadas. Por outro lado, a eliminação de lactações curtas ou incompletas pode gerar vícios nas estimativas dos parâmetros, devido à seleção dos dados. Visando contornar estes problemas, a adoção de modelos que considerem a produção no dia do controle (*test-day models*) vêm substituindo a P305 nas avaliações genéticas (FERREIRA, 1999).

3.3 Modelos de Regressão Aleatória

Os modelos de regressão aleatória foram sugeridos inicialmente por HENDERSON JR. (1982) e HENDERSON (1984) e, posteriormente, SCHAEFFER & DEKKERS (1994) propuseram a utilização dos MRA por meio de um modelo animal para avaliação de bovinos leiteiros. Segundo estes autores, os MRA permitem o ajuste da forma da curva de lactação dos efeitos aleatórios considerados de cada animal, expressa como desvio de uma curva média. E ainda, que a inclusão de colunas de covariáveis nas matrizes de incidência dos efeitos aleatórios, substituindo colunas de zeros e uns utilizados nos modelos tradicionais, possibilita descrever a estrutura de covariâncias dos efeitos aleatórios para qualquer ponto no período de lactação considerado. Entretanto, em virtude desta substituição, o sistema de equações fica mais denso, exigindo maior demanda computacional.

Os MRA, em contraste aos modelos multicaracterísticas, que fornecem apenas predições pontuais, possibilitam predição de valores genéticos para a curva de lactação como um todo, para qualquer período desejado e para funções da curva de lactação, permitindo a estimação de componentes de (co)variância entre os controles, incluindo períodos em que os controles não foram realizados (EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003). Isso também possibilita selecionar animais com curvas de lactação mais persistentes (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997).

Além disso, os MRA também permitem estimar um menor número de parâmetros, principalmente quando se objetiva obter parâmetros genéticos entre várias características, analisadas simultaneamente (REKAYA et al., 1999). Outra vantagem dos MRA é que a estrutura de covariâncias entre as medidas pode ser caracterizada por uma função de covariâncias, o que possibilita modelar de forma mais acurada a estrutura de covariâncias entre as características, dando maior flexibilidade na utilização de dados longitudinais (VAN der WERF & SCHAEFFER, 1997).

As funções de covariância, segundo KIRKPATRICK & HECKMAN (1989), são funções contínuas em relação ao tempo que representam as variâncias e as covariâncias de características mensuradas em diferentes pontos em uma trajetória. MEYER & HILL (1997) e MEYER (1998) mostraram que um modelo de regressão aleatória é um caso especial das funções de covariâncias e que os coeficientes das funções de covariâncias podem ser estimados diretamente dos MRA, por máxima verossimilhança restrita.

Inicialmente, nos estudos com MRA, em que era considerado para a modelagem do resíduo estrutura de variância homogênea, foram observados problemas na estimação dos componentes, como a superestimação das variâncias genéticas aditivas (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997). Estudos posteriores sugeriram a melhor modelagem dos resíduos por estrutura de variância heterogênea com agrupamentos em classes com variação semelhante ou através de função de variância residuais (OLORI et al., 1999; BROTHERSTONE et al., 2000; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; HERRERA et al., 2008; BIGNARDI et al., 2009; TAKMA & AKBAS, 2009).

Os modelos de regressão aleatória têm sido amplamente estudados para a estimação de parâmetros genéticos para bovinos de leite (JAMROZIK *et al.*, 1997; VAN der WERF *et al.*, 1998; OLORI et al., 1999; REKAYA et al., 1999; BROTHERSTONE et al., 2000; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; COBUCI et al., 2004; ARAUJO et al., 2006; COSTA et al., 2008; HERRERA et al., 2008; BIGNARDI et al., 2009) e na estimação de parâmetros genéticos para descrição de curvas de

crescimento em gado de corte (SAKAGUTI, 2000; MEYER, 2001; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; NOBRE *et al.*, 2002). BERRY *et al.* (2003) descreveram sua utilização para estimação dos efeitos de interação genótipo-ambiente e TSURUTA *et al.* (2002), para estimação de tendência genética.

3.3.1 Funções de ajuste para os Modelos de Regressão Aleatória

Para os MRA, as funções de regressão usadas são, em geral, lineares, e modelam trajetórias para média populacional (regressão fixa) e para cada animal (regressão aleatória). Dentre as principais funções que podem ser empregadas para o ajuste de curva de lactação destacam-se:

1. A função exponencial de Wilmink (Wilmink, 1987):

$$y = a_0 + a_1 t + a_2 \exp(a_3 t)$$

em que, a_0 , a_1 e a_2 são parâmetros da função associados, respectivamente, à produção inicial de leite, à taxa de declínio da produção de leite após o pico de lactação e à taxa de ascensão da produção de leite até atingir o pico de lactação enquanto o parâmetro a_3 está relacionado ao momento da lactação em que ocorre o pico. Para ambas as funções, t é o número de dias em lactação. A função de Wilmink modificada, obtida pela divisão de t por 100, reduz o intervalo das covariáveis com o intuito de melhorar certas propriedades numéricas.

2. Função de Ali & Schaeffer (Ali & Schaeffer, 1987):

$$y = a_0 + a_1 V + a_2 V^2 + a_3 Z + a_4 Z^2 \quad \text{e,} \quad V = \left(\frac{t}{305} \right) \quad Z = \ln \left(\frac{305}{t} \right)$$

em que, a_0 é o parâmetro relacionado ao pico de produção, a_1 e a_2 são os parâmetros relacionados à fase de declínio da curva e a_3 e a_4 , são relacionados à fase de aumento da produção até o pico.

3. Polinômios ortogonais de Legendre (KIRKPATRICK et al., 1990):

Os polinômios de Legendre são funções não paramétricas amplamente utilizadas para estudar a estrutura de covariância para efeitos aleatórios genéticos aditivos e de ambiente em dados longitudinais. Os polinômios de Legendre (P_j) podem ser calculados conforme a seguinte expressão:

$$P_j(t) = \frac{1}{2^j} \sqrt{\frac{2j+1}{2}} \sum_{m=0}^{[j/2]} (-1)^m \binom{j}{m} \binom{2j-2m}{j} (t)_j^{-2m}$$

onde j é a ordem do polinômio, e t é o tempo de lactação padronizado como:

$$t = -1 + 2 \left(\frac{\text{Dia do controle} - \text{Dia mínimo do controle}}{\text{Dia máximo do controle} - \text{Dia mínimo do controle}} \right)$$

Os polinômios de ordem n usualmente são normalizados da seguinte forma:

$$N_n = \left(\frac{2n+1}{2} \right)^{\frac{1}{2}} P_n(t)$$

4. Função LM (LIDAUER & MANTYSAARI, 1999) (uma combinação da curva de Wilmink com polinômio de Legendre de terceira ordem):

$$y = a_0 P_0 + a_1 P_1 + a_2 P_2 + a_3 \exp(-0,05t)$$

onde t corresponde aos dias em lactação e P é dado como:

$$P_j(t) = \frac{1}{2^j} \sqrt{\frac{2j+1}{2}} \sum_{m=0}^{\lfloor j/2 \rfloor} (-1)^m \binom{j}{m} \binom{2j-2m}{j} (t)_j^{-2m}$$

5. Função *B-splines*:

Os *splines* são funções polinomiais segmentadas, unidas entre si por pontos denominados de “nós”. Um tipo particular de *splines*, chamada de *B-spline*, tem sido considerada como adequada para modelar efeitos aleatórios em análises de modelos mistos (RICE & WU, 2001). Como descritas por MEYER (2005), as *B-splines* de grau $p=0$ têm valores iguais a unidade para todos os pontos (t) em um dado intervalo, e zero caso contrário.

Para o k -ésimo intervalo dado por nós T_k e T_{k+1} com $T_k < T_{k+1}$,

$$B_{k,0}(t) = \begin{cases} 1 & \text{se } T_k \leq t < T_{k+1}, \\ 0 & \text{caso contrário} \end{cases}$$

Funções bases de grau, $B_{k,p}$ para $p > 0$ podem ser representadas por:

$$B_{k,p}(t) = \frac{t - T_k}{T_{k+p} - T_k} B_{k,p} 1^{(t)} + \frac{T_{k+p+1} - t}{T_{k+p+1} - T_{k+1}} B_{k+1,p} 1^{(t)}$$

3.4 Persistências da Lactação

A curva de lactação é a representação gráfica das produções diárias de leite das fêmeas lactantes. Quando típica a curva, é possível distinguir no período de lactação três fases: a fase ascendente que ocorre entre o parto e o pico de lactação; a segunda que é o pico da lactação; e a terceira fase, que é descendente, e compreende o início do declínio da produção de leite após o pico, até o final da lactação. Em termos de tempo de duração, a segunda fase geralmente é a mais

curta e a última fase é a mais longa do período de lactação. Desta forma destaca-se a importância de reduzir o declínio da produção de leite dos animais nesta terceira fase. A persistência da lactação é a taxa na qual a produção de leite diminui a partir da produção máxima na lactação.

A literatura apresenta as seguintes importâncias do conhecimento da persistência lactação das vacas: 1) nos sistemas de produção em que o fornecimento de ração é feito com base nas produções anteriores dos animais, vacas que apresentam curvas de lactação com menores declínios após o pico necessitam de menores quantidades de concentrado, do que as que têm a mesma produção total, mas com curvas com maiores declínios; 2) vacas que apresentam altos picos de produção de leite podem sofrer esforços fisiológicos extras, causando diminuição no desempenho reprodutivo e aparecimento de doenças de origens metabólicas. Dessa forma, produções moderadas nesse período, combinadas a maiores persistências da lactação, seriam preferidas; 3) maior eficiência na alimentação, pois maiores respostas à alimentação são mais facilmente detectadas quando as vacas são agrupadas de acordo com a forma esperada da curva de lactação (MADSEN, 1975; SOLKNER & FUCHS, 1987; GENGLER et al., 1995 e GROSSMAN et al., 1999).

Pela literatura, quatro maneiras de medir a persistência são relatadas: 1) baseados em razões entre produção de leite, em diferentes fases da lactação (EI FARO & ALBUQUERQUE, 2004; HERRERA et al., 2008); 2) baseados na variação da produção de leite, ao longo da lactação (SÖLKNER & FUCHS, 1987; GENGLER et al., 1995); 3) baseados em parâmetros de funções matemáticas, que descrevem a curva de lactação (COBUCI et al., 2000; EI FARO & ALBUQUERQUE, 2002); 4) baseado nos valores genéticos preditos para dia ou períodos da lactação, obtidos por meio de regressão aleatória (JAMROZIK et al., 1997; DEKKERS et al., 1998; KISTMAKER, 2003; COBUCI et al., 2007).

As estimativas de herdabilidades das medidas de persistência utilizando MRA para vacas Holandesa variaram de 0,00 a 0,32 (JAKOBSEN et al., 2002; COBUCI et al., 2004; COBUCI et al., 2006). JAMROZIK et al. (2000) encontraram estimativas de

herdabilidade de 0,34 trabalhando com vacas da raça Jersey. Para a raça Gir PEREIRA (2009) encontrou valores variando de 0,09 à 0,40. Já para a raça Guzerá, FREITAS et al. (2010), encontraram valores variando de 0,20 a 0,42, para raça Guzerá.

Em relação às correlações genéticas das medidas de persistência obtidas por meio de MRA e a produção acumulada em 305 dias, JAKOBSEN *et al.* (2002) trabalhando com dados de vaca da raça Holandesa, estudaram cinco diferentes medidas de persistência. Os autores estimaram correlações genéticas positivas e baixas entre as diferentes medidas de persistência e a produção acumulada em 305 dias, variando de 0 a 0,47. COBUCCI et al. (2004), com dados da mesma raça, utilizando seis medidas de persistência, obtiveram correlações genéticas variando de -0,31 à 0,55. Já para raça Gir, PEREIRA (2009) relatou estimativas de correlação entre as medidas de persistência e a produção acumulada variando de -0,11 à -0,59.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, L.G., MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 79, n. 11, p. 2776– 2789, 2001.

ALI, T.E.; SCHAEFFER, R. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 67, n.3, p. 637-644, 1987.

ARAÚJO, C.V.; TORRES,R.B., COSTA, C.N.; TORRES FILHO, R.A; ARAÚJO, S.I.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J.; PEREIRA, C. S.; SARMENTO, J.L.R. Uso de modelos de regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.975-981, 2006.

BERRY, D.P.; BUCKLEY, F.; DILLON, P.; EVANS, R. D.; RATH, M.; VEERKAMP, R. F. Estimation of genotype x environment interactions, in a grass-based system, for milk yield, body condition score, and body weight using random regression models. **Livestock Production Science**. v.83, n.2-3, p. 191-203, 2003.

BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; CARDOSO, V. L.; MACHADO, P. F.; ALBUQUERQUE, L. G. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v. 123, n. 1, p. 1-7, 2009.

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

COBUCI, J. A.; EUCLYDES, R. F.; VERNEQUE, R. da S.; TEODORO, R. L.; LOPES, P. de S.; SILVA, M. de A. Curva de Lactação na Raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n.5, p. 1332-1339, 2000.

COBUCI, J.A.; EUCLYDES, R. F.; COSTA, C.N.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; PEREIRA, C. S. Análises da persistência na lactação de vacas da raça holandesa, usando produção no dia do controle e modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.2, p.546-554, 2004.

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

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

COSTA, C. N.; MELO, C. M. R.; PACKER, I. U.; FREITAS, A. F.; TEXEIRA, N. M; COBUCI, J. A. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 4, p. 602-608, 2008.

DEKKERS, J.C.M., GIBSON J. P. Applying breeding objectives to dairy cattle improvement. **Journal of Dairy Science**, v. 81, n. 1, p.19–35, 1998.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Comparação de alguns modelos matemáticos para o ajuste de lactação individuais de vacas da raça Caracu . **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.3, p.295-302, 2002.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle e produção acumulada até 305 dias, para as primeiras lactações de vacas da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.2, p.284-264, 2003.

EI FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Usando resultados de modelos de regressão aleatória para predizer os valores genéticos para produção de leite. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASIELIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga, SP. **Anais...Pirassununga:SBMA**, 2004.

FERREIRA, W. J.; TEIXEIRA, N. M.; EUCLYDES, R. F.; VERNEQUE, R. S.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; WENCESLAU, A. A.; SILVA, M. V. G. B.; MAGALHÃES JÚNIOR, M. N. Avaliação genética de bovinos da raça Holandesa usando a produção de leite no dia do controle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.2, p.295-303, 2003.

FIRAT, M.Z.; THEOBALD, C.M.; THOMPSON, R. Univariate analysis of test day milk yields of British Holstein-Friesian Heifers using Gibbs Sampling. **Acta Agriculturae Scandinavica**, Sect A, v.47, p.213-220, 1997.

FREITAS, L. S.; SILVA, M.A.; VERNEQUE, R. S.; VALENTE, B.D.; CORRÊA, G. S.; FERREIRA, R.F.; PEIXOTO, M.G.C.D. Avaliação da persistência na lactação da raça Guzerá, utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.62, n.2, p.401-408, 2010.

GENGLER, N., KEOWN, J.K., VAN VLECK, L.D. Various persistency measures and relationships with total, partial and peak milk yields. **Revista Brasileira de Genética**, v.18, p.237-243, 1995.

GROSSMAN, M.; HARTZ, S.M.; KOOPS, W.P. Persistency of lactation yield: A novel approach. **Journal Dairy Science**, v. 82, n. 10, p. 2192-2197, 1999.

HENDERSON JR., C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, non homogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v. 38, n.3, p.623-640, 1982.

HENDERSON, C.R. **Applications of Linear Models in Animal Breeding**. University of Guelph, 1984.

HERRERA, L. G. G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; MACHADO, C. H.C. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 9, p. 1584-1594, 2008.

JAKOBSEN, J. H., MADSEN, P.; JENSEN, J.; PEDERSEN, J.; CHRISTENSEN, L. G.; SORENSEN, D. A. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holstein estimated in random regression models using REML. **Journal of Dairy Science**, v. 85, n. 6, p. 1606-1616, 2002.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for production of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, n. 4, p.762-770, 1997.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, n. 6, p.1217-1226,1997.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, R.L.; JANSEN, G.B. Approximate accuracies of prediction from random regression models. **Livestock Production Science**, v. 66, p. 85-92, 2000.

KIRKPATRICK M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, n.4, p.429-450, 1989.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.4, p.979-993, 1990.

LIDAUER, M.; MANTYSAARI, E. A. Multiple trait reduced rank random regression test-day model for production traits. **Interbull bulletin**, v. 22, p. 74-80, 1999.

MADSEN, O. A comparison of some suggested measures of persistency of milk yield in dairy cows. **Animal Production**. v. 20, p. 191-197, 1975.

MALHEIROS, E. B. Precisão de testes F univariados usados em experimentos com medidas repetidas no tempo, quando a condição de esfericidade da matriz de covariâncias não é verificada. **Revista de Matemática e Estatística**, v.22, n.2, p.23-29, 2004.

MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, n. 3, p.185– 200, 1997.

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

MEYER, K. Estimating genetic covariance functions assuming a parametric correlation structure for environmental effects. **Genetic Selection Evolution**, v.33, n. 1, p.557-585, 2001.

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

OLORI, V. E.; HILL, W. G.; MCGUIRK, B. J.; BROTHERSTONE, S. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 61, n. 1, p. 53–63, 1999.

PANDER, B. L.; HILL, W. G.; THOMPSON, R. Genetic parameters of test day records of British Holstein-Friesian heifers. **Animal Production**, v.55, n. 1, p. 11-21, 1992.

REKAYA, R.; CARABANO, M.J.; TORO, M.A. Random regression in animal models for test-day production in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION 5, 1994, Guelph. **Proceedings...** Guelph, 1994. p.443-446.

RICE, J.A., WU C.O. Nonparametric mixed effects models for unequally sampled noisy curves. **Biometrics**, v. 57, p.253-259, 2001.

SAKAGUTI, E. S. **Funções de covariâncias e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã**. 2000. 81 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

SANTIAGO, A. A.. **A Epopéia do Zebu**: A seleção das Raças Gir, Guzerá, Nelore, Indubrasil e Sindi. São Paulo, SP:Empresa Gráfica Carioca S/A, 1960. 559p.

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

- SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, J. Multiple-trait prediction of lactation yields for dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v 79, n.11, p.244-255, 1996.
- SCHAEFFER, L.R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v.86, n.1-3, p.35–45, 2004.
- SHAHRBABA, M.M. **Feasibility of random regression models for Iranian Holstein testday records**. 138f. Thesis (PHD) – University of Guelph, Guelph, Canadá.,1997.
- SÖLKNER, J.; FUCHS, W. A comparison of different measures of persistency with special respect to variation of Test-day milk yields. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.16, n. 3, p.305-319, 1987.
- TAKMA, C.; AKABAS Y. Heterogeneity of residual variances of test day milk yields estimated by random regression model in Turkish Holsteins. **Journal of Animal and Veterinary Advances**. v.8, n.4, p. 782-787, 2009.
- TSURUTA, S.; et al. Estimation of changes of genetic parameters over time for type traits in Holsteins using random regression models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings...1 CD-ROM**.
- VAN DER WERF, J. H. J.; GODDARD, M. E.; MEYER, K. The use of functions and random regressions for genetic sions and effects affecting regressions. evaluation of milk production based on test day records. **Interbull Bulletin**, v. 20, n. 1 p. 93–102, 1998.
- VAN DER WERF, J.; SCHAEFFER, L. **Random Regression in Animal Breeding. Course Notes**, Ontário: University of Guelph, p.70, 1997.

WILMINK, J. B. M. Efficiency of selection for different cumulative milk, fat and protein yields in first lactation. **Livestock Production Science**, v. 17, n. 1, p. 211-224, 1987.

CAPÍTULO 2 - PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE NO DIA DO CONTROLE, PRODUÇÃO DE LEITE ATÉ 305 DIAS E DURAÇÃO DA LACTAÇÃO DE VACAS DA RAÇA GUZERÁ

RESUMO – Foram estimados parâmetros genéticos para produção de leite acumulada até 305 dias (P305), produção de leite no dia do controle (PLDC) e duração da lactação (DL) de 2816 primeiras lactações de vacas Guzerá. O grupo de contemporâneos (GC) foi definido como rebanho, ano e estação de controle para PLDC e como rebanho, ano e estação do parto para P305 e DL. A P305, DL e as PLDC foram analisadas por meio de um modelo animal multicaracterísticas. Para as PLDC o modelo incluiu o efeito aleatório genético aditivo e, os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, idade da vaca ao parto e a covariável dias em lactação (regressão linear). Para a P305 e a DL foi usado o mesmo modelo, excluindo os dias em lactação e utilizando a idade da vaca ao primeiro parto como covariável (regressão linear e quadrática). Os componentes de variância foram estimados pelo método de máxima verossimilhança restrita. As estimativas de herdabilidade obtidas para as PLDC variaram entre 0,19 e 0,26. Para P305 e para DL as estimativas de herdabilidade foram 0,26 e 0,16, respectivamente. As correlações genéticas foram elevadas e positivas, variando de 0,49 a 0,94 entre as PLDC, de 0,78 a 0,95 entre as PLDC e P305 e de 0,54 a 0,85 entre as PLDC e DL. A correlação genética entre P305 e DL foi de 0,86. Os resultados sugerem que as PLDC poderão ser utilizadas como critério de seleção para produção de leite da raça Guzerá. Maior resposta correlacionada para a produção aos 305 dias, pode ser obtida usando-se o terceiro controle. Entretanto maior resposta à seleção para produção de leite acumulada até 305 dias pode ser obtida por meio da seleção direta para esta característica. A seleção direta para produção de leite levou a um aumento na duração da lactação.

Palavras-chaves: zebuínos, componentes de variância, ganho genético, produção de leite, *test-day models*.

INTRODUÇÃO

As avaliações genéticas para a produção de leite, tradicionalmente, têm sido baseadas na produção acumulada até 305 dias de lactação (P305). Uma das razões para esta avaliação era a limitada capacidade computacional que permitia análise genética eficiente de uma só característica, principalmente através dos modelos de repetibilidade. Recentemente, os avanços tecnológicos na área computacional permitem análises multicaracterísticas eficientes, destacando os “test-days models” como alternativa para avaliação da produção de leite sobre este tipo de abordagem.

As produções de leite no dia do controle (PLDC) são definidas como a somatória de todas as pesagens de leite de uma vaca, durante o período de 24 horas (SCHAEFFER & JAMROZIK, 1996). Nos “test-days models” de dimensão finita ou ordinários, as PLDC são analisadas como características distintas. Dentre as vantagens da utilização desta metodologia para avaliação genética da produção de leite, destacam-se estimar com maior acurácia os fatores ambientais que agem sobre a produção de leite em períodos parciais da lactação; a possibilidade de incluir na avaliação animais com lactação em andamento, sem utilizar fatores de ajustamento; incluir nas avaliações animais que tiveram perda de controles intermediários; utilizar dados reais e não estimados nas avaliações, e aumentar o número de informações e, principalmente, a acurácia das estimativas dos valores genéticos dos animais jovens (EI FARO & ALBUQUERQUE, 2003).

Entre as raças zebuínas importadas para o Brasil, o Guzerá é uma das raças de maior aptidão leiteira, possuindo uma alta porcentagem de gordura e proteína no leite, além de servir também ao propósito da produção de carne. A raça possui também extrema rusticidade, sendo muito utilizada em cruzamentos estratégicos

para formação de produtos adaptados às condições tropicais brasileiras que mantenham níveis de produção economicamente viáveis. O melhoramento do Guzerá no Brasil visa atender à dupla aptidão da raça (MELO & PENNA, 2000). Neste sentido, considerando a característica produção de leite, os “Test-days models” podem trazer ganhos consideráveis, principalmente em termos de acurácia, uma vez que estes modelos permitem a utilização de um maior número de informações por animal.

Um fator limitante da produção de leite para a raça Guzerá, como também de todas as raças zebuínas, é a curta duração da lactação (DL). Apesar da DL e as PLDC serem características de interesse econômico, são poucos os trabalhos com zebuínos que estudam os parâmetros genéticos para estas características.

Visando estudar critérios alternativos de seleção para produção de leite dos animais da raça Guzerá, bem como o impacto destes sobre a duração da lactação da raça, objetivou-se com este trabalho estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para produção de leite no dia de controle e suas relações com a produção aos 305 dias e duração da lactação, utilizando-se as informações de primeiras lactações da raça Guzerá.

MATERIAL E MÉTODOS

A base de dados constou de 20.524 registros de controles da primeira lactação de 2.816 vacas da raça Guzerá com idades entre 23 a 65 meses de idade, com partos registrados entre 1987 a 2009, filhas de 371 touros e distribuídas em 28 rebanhos. O arquivo de genealogia foi constituído de 10.753 animais provenientes do Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para leite, sob coordenação da Embrapa gado de leite em parceria com o Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá e a ABCZ.

Foram considerados controles de produção entre o 6º e o 305º dias de lactação, sendo que vacas com duração da lactação superior a 305 dias tiveram os

dados das produções no controle truncado neste dia. A produção de leite no dia de controle foi dividida em classes mensais, totalizando dez classes (PLDC1-PLDC10) e foi estabelecido que as vacas tivessem no mínimo quatro controles.

Os grupos de contemporâneos para a P305 e DL foram definidos pelas variáveis rebanho, ano e estação do parto e, para as PLDC, por rebanho, ano e estação do controle. Para todas as características aplicou-se a restrição de que cada GC deveria conter, no mínimo, três observações.

As características P305, DL e as PLDC foram analisadas por meio de um modelo animal, multicaracterísticas. Para as PLDC, o modelo incluiu o efeito aleatório genético aditivo e, os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, idade da vaca ao parto e a covariável dias em lactação (regressão linear). Para a P305 e a DL foi usado o mesmo modelo, excluindo os dias em lactação e utilizando a idade da vaca ao primeiro parto como covariável (regressão linear e quadrática). O modelo pode ser representado em sua forma matricial por:

$$y = Xb + Za + e$$

Em que:

y = vetor da produção de leite acumulada até 305 dias ou em cada controle leiteiro e duração da lactação;

b = vetor das soluções para efeitos fixos;

a = vetor das soluções para os efeitos aleatórios genéticos aditivos;

X e Z = matrizes de incidência, para os efeitos fixos e efeito aleatório de animal, respectivamente;

e = vetor do efeito aleatório residual.

As pressuposições em relação às esperanças e variâncias para a análise multicaracterísticas são:

$$\mathbf{E} \begin{bmatrix} y \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{Xb} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix} \text{ e } \mathbf{V} \begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{G} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix};$$

onde: \mathbf{G} é a matriz de (co)variâncias genéticas aditivas entre as características e \mathbf{R} é a matriz de (co)variâncias residuais entre as características.

O ganho genético e a resposta correlacionada esperada foram calculados para as características estudadas, considerando-se uma mesma intensidade de seleção (igual a unidade) . As fórmulas usadas podem ser representadas por:

$$\Delta G = h_1^2 i \sigma_1$$

$$RC_2 = r_a h_1 h_2 i \sigma_2$$

$$ER = (RC_2 / \Delta G) \times 100$$

em que:

ΔG = ganho genético por seleção direta para a característica 1;

RC_2 = ganho genético para a característica 2, mediante seleção direta para a característica 1;

σ = desvio padrão fenotípico da característica a ser selecionada;

i = intensidade de seleção para a característica a ser selecionada;

r_a = correlação genética entre as características 1 e 2;

ER = eficiência relativa de seleção.

Os componentes de variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, que utiliza um algoritmo livre de derivadas, usando o *software* REMLF90 (MIZTAL, 2007). O critério de convergência admitido foi de 1×10^{-9} .

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os valores das médias, desvios padrão e coeficientes de variação calculados para as produções de leite no dia do controle (PLDC1 até PLDC10), produção de leite acumulada até 305 dias (P305) e duração da lactação (DL) estão na Tabela 1. As PLDC apresentaram um ligeiro aumento da produção de leite do primeiro mês (8,13) para o segundo mês (8,39), onde ocorreu um discreto pico de lactação, decrescendo nos meses subseqüentes. Tendências parecidas foram relatados por COBUCI et al. (2000) para a raça Guzerá e por HERRERA et al. (2008), para a raça Gir. As médias e coeficiente de variação para P305 e DL estão próximos, embora de menor magnitude, aos valores relatados para raça pela literatura como COBUCI et al. (2000) , CRUZ et al. (2009) e PEIXOTO et al. (2010), que encontraram 2359 e 290, 2438 e 275 e 2076 e 273 respectivamente para P305 e DL. Entretanto, nestes trabalhos foram consideradas várias ordens de parto, diferentemente deste estudo que considerou apenas o primeiro.

Tabela 1 – Estatísticas para as produções de leite no dia do controle (PLD1 a PLDC10), dias em lactação, produção acumulada até 305 dias (P305) e duração da lactação (DL).

Característica	Número de Observações	Estatísticas			Dias em Lactação	
		Média	DP	CV	Média	DP
PLDC1	1815	8,13	2,94	36,18	19,33	6,81
PLDC2	2443	8,39	2,85	33,94	45,42	8,70
PLDC3	2453	7,93	2,68	33,84	75,96	8,55
PLDC4	2466	7,43	2,63	35,39	106,59	8,80
PLDC5	2389	6,94	2,51	36,20	136,96	8,44
PLDC6	2293	6,48	2,36	36,46	167,19	8,66
PLDC7	2096	6,12	2,25	36,79	197,93	8,60
PLDC8	1915	5,69	2,21	38,82	228,27	8,60
PLDC9	1513	5,37	2,08	38,63	258,67	8,35
PLDC10	1186	5,12	2,04	39,90	288,18	8,51
P305	2658	1788,99	723,38	40,44	254,12	56,30
DL	2658	273,81	62,37	22,78		

As estimativas dos componentes de variância e das herdabilidades para as PLDC, P305 e DL estão na Tabela 2. As variâncias genéticas aditivas das PLDC tenderam a aumentar até o segundo mês (1,12), diminuindo gradativamente até o sétimo e oitavo mês, aumentando novamente a partir do nono ao décimo mês (1,11). Já as estimativas de variâncias fenotípicas tenderam a diminuir do primeiro mês até o sexto mês e aumentaram a partir do sétimo mês até o final. Este aumento das variâncias fenotípicas nos meses finais, possivelmente é devido ao menor número de informações para esses meses.

Tabela 2 – Estimativas dos componentes de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$), fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$) e dos coeficientes de herdabilidades (\hat{h}^2), para as produções de leite no dia do controle (PLDC1 a PLDC10), para produção de leite acumulada até 305 dias (P305), e duração da lactação (DL).

Controles	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	\hat{h}^2
PLDC1	0,92	3,82	4,73	0,19
PLDC2	1,12	3,22	4,34	0,26
PLDC3	1,00	3,00	4,01	0,25
PLDC4	0,83	3,18	4,01	0,21
PLDC5	0,89	3,04	3,93	0,23
PLDC6	0,76	2,66	3,42	0,22
PLDC7	0,70	2,78	3,48	0,20
PLDC8	0,70	3,05	3,75	0,19
PLDC9	0,94	3,17	4,11	0,23
PLDC10	1,11	3,71	4,82	0,23
P305	83160	236600	319760	0,26
DL	483,10	2523,00	3006,10	0,16

Os valores das estimativas de herdabilidade para as PLDC variaram entre 0,19 a 0,26, com maiores valores observados no segundo e terceiro mês de lactação. Os menores valores ocorreram para as PLDC no primeiro e no oitavo mês, apresentando uma tendência parecida com a observada para a variância genética aditiva para essas características. Desta forma, os valores das estimativas de herdabilidade variaram principalmente em função da variância genética aditiva, com a exceção do primeiro controle, em que o aumento da variância residual foi o que

mais influenciou para a diminuição da herdabilidade. CRUZ et al. (2006), trabalhando com oito controles de vacas raça Guzerá, observaram valores de herdabilidade entre 0,03 (quinto controle) e 0,29 (oitavo controle). HERRERA et al. (2008), estudando vacas da raça Gir leiteiro, observaram valores para a estimativa de herdabilidade entre 0,14 e 0,34 analisando a primeira lactação e LEDIC et al. (2002), valores de 0,14 a 0,24, analisando até a terceira lactação. Apesar de serem observadas neste trabalho, magnitudes das estimativas de herdabilidade próximas às encontradas por estes dois últimos autores, estes relataram maior herdabilidade, para o primeiro mês. Possivelmente o valor encontrado neste trabalho para o primeiro mês é resultado de diferentes tipos de manejos para o pós parto, além da alta produção das vacas no primeiro mês, que também contribui para o aumento da variância fenotípica. Na raça Holandesa BIGNARDI et al. (2006) encontraram estimativas entre 0,07 a 0,19 e MELO et al. (2005), de 0,22 a 0,36.

A estimativa de herdabilidade para P305 encontradas neste trabalho foi de 0,26. Para a raça Holandesa, vários autores encontraram estimativa de herdabilidade de 0,26 para a P305 (BIGNARDI et al., 2008; MELO et al., 2005; e FERREIRA et al., 2003). Na raça Gir leiteiro, HERRERA et al. (2008) encontraram estimativas de herdabilidade de 0,29 e LEDIC et al. (2002) de 0,19. Para raça Caracu, EL FARO & ALBUQUERQUE (2003) encontraram 0,27. Já PEIXOTO et al. (2010) encontraram herdabilidade de 0,34 para raça Guzerá, utilizando todas as lactações das vacas.

Para a duração da lactação a herdabilidade foi de 0,16, próxima a valores encontrados na literatura por BALIERO et al. (2000), de 0,11 para Gir, VERCESI FILHO et al. (2007) que encontraram 0,19 para mestiços zebuínos. Na raça Caracu, QUIRINO et al. (1998) estimaram herdabilidade de 0,24. O valor para herdabilidade para DL foi de baixa magnitude, possivelmente porque apesar de ser uma característica produtiva, a DL está também relacionada a características reprodutivas, que geralmente apresentam herdabilidade baixa.

As estimativas das correlações fenotípicas (Tabela 3) foram todas positivas entre as PLDC e os valores variaram de 0,37 (entre o PLDC1 e PLDC10) a 0,82 (entre PLDC5 e PLDC6 e PLDC6 e PLDC7). Os valores das correlações fenotípicas

entre os controles diminuíram conforme a distância entre os controles aumentou. As correlações fenotípicas (não mostradas) entre as PLDC e a P305 variaram de 0,67 (primeiro mês) a 0,86 (sétimo mês); entre as PLDC e DL as correlações tenderam aumentar com o aumento do mês de controle, variando de 0,28 (primeiro mês) a 0,76 (último mês) e entre P305 e DL 0,73.

As estimativas das correlações genéticas entre as PLDC variaram de 0,49 a 0,94, com as maiores estimativas observadas entre os controles adjacentes. De modo geral, apesar de serem de alta magnitude, as estimativas foram menores que as encontradas por HERRERA et al. (2008) em vacas Gir que variaram de 0,56 a 1,00 e por BIGNARDI et al. (2008) e MELO et al. (2005) em vacas Holandesa que variaram respectivamente, de 0,30 a 1,00 e 0,64 a 1,00.

Tabela 3 – Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre as produções de leite no dia do controle (PLDC).

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,84	0,81	0,75	0,73	0,70	0,61	0,62	0,49	0,51
2	0,70	-	0,92	0,88	0,83	0,80	0,75	0,73	0,56	0,55
3	0,66	0,79	-	0,94	0,91	0,86	0,83	0,80	0,68	0,66
4	0,59	0,74	0,80	-	0,93	0,88	0,85	0,82	0,68	0,67
5	0,55	0,69	0,75	0,81	-	0,94	0,89	0,85	0,75	0,72
6	0,53	0,64	0,70	0,76	0,82	-	0,91	0,87	0,78	0,77
7	0,47	0,60	0,66	0,70	0,76	0,82	-	0,92	0,84	0,81
8	0,42	0,51	0,59	0,63	0,70	0,74	0,81	-	0,83	0,81
9	0,40	0,46	0,52	0,56	0,61	0,64	0,72	0,79	-	0,91
10	0,37	0,45	0,48	0,53	0,59	0,62	0,67	0,73	0,84	-

As estimativas das correlações genéticas entre P305 (Tabela 4) e as PLDC foram positivas e elevadas variando de 0,78 (primeiro mês) a 0,95 (quinto e sexto mês), sugerindo que a seleção direta baseada nas produções parciais traria ganhos para a produção acumulada em 305 dias. Estes valores estão de acordo com MACHADO et al. (1997) que estimaram valores entre 0,78 a 1,00; GADINI et al. (1997), cujas estimativas variaram de 0,72 a 0,99 e FERREIRA et al. (2003), com valores entre 0,76 a 1,00 para raça Holandesa e LEDIC et al. (2002) de 0,84 a 1,00 e HERRERA et al. (2008) de 0,68 a 1,00, para raça Gir.

As correlações genéticas entre DL e as PLDC (Tabela 4) foram também altas e positivas (0,54 a 0,85) tendendo a aumentar gradativamente com o mês de controle.

Uma restrição para não se utilizar as produções parciais como seleção indireta para a produção acumulada em 305 dias era um possível efeito negativo desta seleção sobre a duração de lactação, uma vez que a raça Guzerá apresenta média de duração inferior a 305 dias. Este resultado para correlações genéticas entre as características sugere que a seleção para produção parcial interfere positivamente na duração da lactação das vacas da raça. A correlação genética entre DL e P305 foi de 0,86, indicando que a seleção para P305 seria acompanhada por acréscimos na duração da lactação.

As maiores respostas correlacionadas para P305 (Tabela 4), ocorreriam pela utilização da PLDC3, PLDC5 e PLDC6, respectivamente, como critério de seleção. A eficiência relativa de seleção para P305, selecionando-se com base nestas PLDC, na mesma ordem seria de 90,15%, 88,38% e 87,35%, respectivamente. Na raça Gir, HERRERA et al. (2008) relataram maior eficiência relativa de seleção (ER) para P305 ocorrendo nas PLDC1 e PLDC6 e LEDIC et al. (2002) nas PLDC2 e PLDC4. Para raça Holandesa BIGNARDI et al. (2006) relataram maior eficiência relativa de seleção nas PLDC3 e PLDC9, MELO et al. (2005) nas PLDC3 e PLDC4 e RIBAS & PEREZ (1990) nas PLDC5 e PLDC6.

As respostas correlacionadas para PLDC (RC-cont) obtidas por seleção direta para P305 foram maiores que os ganhos genéticos obtidos pela seleção direta das PLDC no período intermediário da lactação (PLDC4-PLDC8) e menores nos períodos inicial e final. Isto indica que a seleção para P305 proporcionaria ganhos para PLDC por seleção indireta, sendo possivelmente uma forma eficaz para selecionar as PLDC de um modo geral, por sugerir melhores ganhos para cinco das PLDC quando comparado à própria seleção direta.

Para a DL, as respostas correlacionadas, bem como a eficiência relativa de seleção, tiveram uma leve tendência de aumentar com o decorrer da lactação, mostrando valores para eficiência relativa maiores que 100% para as PLDC9 e

PLDC10. A maior eficiência relativa de seleção para DL foi observado para seleção direta da P305, indicando ser 10,52 % superior à própria seleção direta para DL. As ER acima de 100% são consequência das elevadas correlações genéticas entre as características e pelas maiores herdabilidades estimadas para as PLDC em relação a DL. Desta forma é mais viável a seleção indireta para DL, via seleção para P305 e para produção de leite dos últimos controles. A resposta correlacionada para PLDC e P305 selecionando-se para DL foram todas inferiores ao ganho genético pela seleção direta para estas características. Isto sugere que a seleção direta para DL não deve ser praticada.

Tabela 4 Estimativas do ganho genético (ΔG) devido a seleção direta para cada característica, correlações genéticas (r_a) entre as produções de leite no dia do controle (PLDC), produção de leite até 305 dias (P305) e duração da lactação (DL); resposta correlacionada (RC) e a eficiência relativa de seleção (ER%) para P305 e DL realizando seleção direta para as produções em cada controle e resposta correlacionada (RC-cont) para cada controle, selecionando-se para P305 e DL.

Característica	ΔG (Kg)	P305				DL			
		r_a	RC (Kg)	ER (%)	RC-cont (Kg)	r_a	RC (Kg)	ER (%)	RC-cont (Kg)
PLDC1	0,42	0,78	98,77	67,16	0,38	0,54	5,23	59,35	0,21
PLDC2	0,54	0,87	126,73	86,17	0,47	0,61	6,85	77,74	0,26
PLDC3	0,50	0,92	132,57	90,15	0,47	0,67	7,36	83,52	0,27
PLDC4	0,41	0,92	120,36	81,84	0,43	0,68	6,79	77,06	0,25
PLDC5	0,45	0,95	129,98	88,38	0,46	0,74	7,73	87,68	0,28
PLDC6	0,41	0,95	128,45	87,35	0,42	0,77	7,95	90,25	0,27
PLDC7	0,37	0,92	119,26	81,10	0,39	0,75	7,37	83,68	0,25
PLDC8	0,36	0,90	112,51	76,51	0,39	0,74	7,08	80,31	0,25
PLDC9	0,47	0,85	117,33	79,78	0,42	0,85	8,93	101,38	0,33
PLDC10	0,50	0,83	115,06	78,24	0,45	0,85	8,93	101,38	0,36
P305	147,06	1,00	-	100,00	-	0,86	9,60	108,94	99,00
DL	8,81	0,86	99,00	67,32	9,60	1,00	-	100,00	-

Os resultados apresentados neste estudo sugerem a possibilidade de utilização das produções no dia de controle como critério de seleção para produção de leite na raça Guzerá, sendo a PLDC3 a mais indicada por possuir uma das maiores herdabilidades e proporcionar maiores ganhos na produção acumulada aos 305 dias, quando comparados aos ganhos proporcionados pela seleção para outras

PLDC. Embora a ER seja menor que 100%, a possibilidade de se realizar seleção para produção de leite antes do término lactação (principalmente no terço inicial) tem como consequência a antecipação das avaliações genéticas, que traria também ganhos genéticos por reduzir o intervalo de geração. Apesar deste trabalho não ter abordado a relação da PLDC3 com a persistência, que é uma característica de grande relevância para a raça Guzerá, sua relação com a duração da lactação se mostrou positiva sugerindo uma eficiência relativa de seleção acima de 80%. Vale destacar que embora a duração da lactação necessite de melhorias na raça, os resultados indicaram que um programa que envolve a seleção para produção de leite seleciona, indiretamente, para a duração da lactação.

CONCLUSÕES

As produções de leite no dia do controle podem ser utilizadas como critério de seleção proporcionando ganhos indiretos para a produção acumulada até 305. Maior resposta correlacionada para produção aos 305 dias pode ser obtida utilizando a seleção direta do terceiro controle. Entretanto, maior resposta à seleção para produção de leite acumulada até 305 dias pode ser obtida por seleção direta desta característica.

A seleção direta para produção de leite nos controles parciais ou em 305 dias leva um aumento na duração da lactação, principalmente quando a seleção for para a produção acumulada aos 305 dias.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BALIEIRO, E. S.; PEREIRA, J.C.C.; VALENTE, J.; VERNEQUE, R. da S.; BALIERO, J.C.C., FERREIRA, W.J. Estimativa de parâmetros genéticos e de tendências fenotípicas e de ambiente de algumas características produtivas da raça Gir Leiteiro. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.52, n.3, p.266-275, 2000.

BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G.; CARDOSO, V. L.; MACHADO, P. F. Modelos de dimensão finita para a estimação de parâmetros genéticos para a produção de leite de primeiras lactações de vacas da raça Holandesa. **Ciência Rural**, v. 32, n.6, p. 1705-1710, 2008.

COBUCI, J. A.; EUCLYDES, R. F.; VERNEQUE, R. da S.; TEODORO, R. L.; LOPES, P. de S.; SILVA; M. de A. Curva de Lactação na Raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.5, p. 1332-1339, 2000.

CRUZ, G.R.B.; RIBEIRO, M.N.; PIMENTA FILHO, E.C.; SARMENTO, J. L. R. Avaliação genética de bovinos Guzerá utilizando-se a produção de leite e de gordura no dia do controle. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.1, p. 103-108, 2006.

CRUZ, G.R.B.; RIBEIRO, M.N.; PIMENTA FILHO, E.C. Estimativas de parâmetros de curvas de lactação de bovinos. **Archivos de Zootecnia**, v.58 n.224, p. 695-704, 2009.

EL FARO, L.; Albuquerque, L.G. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle e produção acumulada até 305 dias, para as primeiras lactações de vacas da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.2, p.284-264, 2003.

FERREIRA, W. J.; TEIXEIRA, N. M.; EUCLYDES, R. F.; VERNEQUE, R. S.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; WENCESLAU, A. A.; SILVA, M. V. G. B.; MAGALHÃES JÚNIOR, M. N. Avaliação genética de bovinos da raça Holandesa usando a produção de leite no dia do controle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.2, p.295-303, 2003.

GADINI, C.H.; KEWON, J.F.; VAN VLECK, L.D. Correlações Entre Produções No Dia Do Controle E Em 305 Dias De Lactação De Vacas Da Raça Holandesa. In: Reunião Anual Da Sociedade Brasileira De Zootecnia, 34., 1997 Juiz De Fora. **Anais...** Juiz De Fora: Sociedade Brasileira De Zootecnia P.44-46, 1997.

HERRERA, L. G. G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; MACHADO, C. H. C. Parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle e para produção de leite até 305 dias nas primeiras lactações de vacas da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 10, p. 1774-1780, 2008.

LEDIC, I.L; TONHATI H; VERNEQUE, R.S.; EL FARO, L.; MARTINEZ, M. L.; COSTA, C.N.; PEREIRA, J. C. C.; FERNADES, L. O.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de parâmetros Genéticos, Fenotípicos e Ambientales para as produções de leite no Dia do Controle e em 305 Dias de Lactação de Vacas da Raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 5, p. 1953-1963, 2002.

MELO, V. J.; PENNA, V.M. Programas de Melhoramento da raça Guzerá. In: III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 2000, Belo Horizonte. **Anais do III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal**, Belo Horizonte: III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 2000. p. 219-220.

MELO, C. M. R.; PACKER, I. U.; COSTA, C. N.; MACHADO, P. F. Parâmetros genéticos para as produções de leite no dia do controle e da primeira lactação de vacas da raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n.3, p.796-806, 2005.

MISZTAL, I. 2007. **REMLF90**. Disponível em:

< <http://nce.ads.uga.deu/~ignacy/newprograms.html>>. Acessado em: 27 set. 2010.

PEIXOTO, M.G.C.D.; VERNEQUE, R. S.; PEREIRA, R.L; PENNA, V. M.; MACHADO, C. H. C.; MACHADO, M. A.; LÔBO, R. B.; CARVALHO, M. R. S. **Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para leite: resultados do Teste de Progênie**, do Arquivo Zootécnico Nacional e do Nucleio MOET. Juiz de Fora, Embrapa Gado de Leite, 2010. p. 60.(*Documentos 138*).

QUIRINO, C. R.; PEREIRA, C. C.; PEREIRA, C. S.; BERGMANN, J.A.G. Avaliação da produção de diária média de leite na primeira lactação na raça Caracu utilizando o modelo animal. **Archivos Latinoamericanos de Produccion Animal**, v.6, n.1, p.71-78, 1998.

RIBAS, M.; PEREZ, B. Monthly test day milk records and yield at 244 days. II. Genetic parameters in first lactation. **Cuban Journal of Agricultural Science**, v.24, n.2, p.129-144, 1990.

RODRIGUES, A. E. ; MARQUES, J. R. F.; ARAÚJO, C. V.; CAMARGO JÚNIOR, R. N.C.; DIAS, L.N.S. Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas em búfalos na Amazônia Oriental. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.62, n.3, p.712-717, 2010.

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

VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F. E.; ALBUQUERQUE L. G.; FREITAS, A.F.; BORGES, L. E.; FERREIRA, J.J.; TEODORO, R. L.; FARIA, F.J.C.. Parâmetros genéticos entre características de leite, de peso e a idade ao primeiro parto em gado mestiço leiteiro (*Bos tauros x Bos indicus*). **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, v.4, p. 983-990, 2000.

CAPÍTULO 3 – MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EMPREGANDO FUNÇÕES PARAMÉTRICAS PARA A PRODUÇÃO DE LEITE DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ

RESUMO – Os modelos de regressão aleatória vêm sendo amplamente estudados como alternativa para avaliação genética para produção de leite. Com o objetivo de buscar modelos de regressão aleatória mais apropriados para análises da produção de leite no dia do controle (PLDC), foram utilizados 20.524 registros de PLDC de 2816 primeiras lactações de vacas da raça Guzerá. As PLDC foram agrupadas em 10 classes mensais e analisadas por meio de modelo de regressão aleatória (MRA), cujos efeitos aleatórios foram o genético aditivo, de ambiente permanente e o residual e como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos, a covariável idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático) e a curva média de lactação da população. Os efeitos genético-aditivo e de ambiente permanente foram modelados usando as funções de Wilmink (WI), Wilmink modificada (WIm) (com o segundo termo dividido por 100), uma função que combinava um polinômio de Legendre de terceira ordem com o último termo da função de Wilmink (LM) e a função de Ali e Schaeffer (AS). As variâncias residuais foram modeladas por meio de uma, quatro, seis ou dez classes heterogêneas, com exceção da função LM onde foram agrupadas em uma, três, seis ou dez classes. Os modelos apresentaram estimativas de herdabilidades semelhantes variando de 0,20 a 0,33. As correlações genéticas foram elevadas entre os controles adjacentes, diminuindo quando a distância entre controles aumentou, sendo negativa entre o primeiro e o último controle. O modelo empregando a função AS, com seis classes de variância residual foi mais adequado para o ajuste dos dados do presente estudo, de acordo com os critérios estatísticos utilizados.

Palavras-chaves: função de covariância, parâmetros genéticos, produção de leite no dia do controle.

INTRODUÇÃO

As funções de covariâncias, inicialmente descritas por KIRKPATRIC et al. (1990), permitem descrever as mudanças da covariância entre as medidas ocorridas ao longo do tempo, podendo prever as variâncias para pontos da trajetória com pouca ou nenhuma informação. As funções de covariâncias são obtidas nos modelos de regressão aleatória (MRA) através da matriz de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória (MEYER, 1999). Diferentes funções de regressão podem ser empregadas para o ajuste da trajetória de produção.

Entre as funções utilizadas pela metodologia de regressão aleatória, as mais usadas são as paramétricas e os polinômios ortogonais de Legendre. Esses polinômios de Legendre são flexíveis possibilitando adequação de curva independente da característica em estudo. As funções paramétricas baseiam-se em componentes da curva típica tendendo a impor um formato característico o que pode resultar em ajustes adequados quando os dados tendem a apresentar esta forma, mas ajustes inadequados quando a característica possui trajetória diferente.

Dentre as funções paramétricas usadas nos MRA para estudo da produção de leite no dia de controle, destacam-se a função exponencial de Wilmink e a logarítmica de Ali & Schaeffer (LOPEZ-ROMERO & CARABAÑO, 2003; MELO et al., 2007; HERRERA et al., 2008; PEREIRA et al., 2009). Para a função de Wilmink tem sido propostas modificações com intuito de melhorar o ajuste aos dados. Neste sentido, JAKCBOSEN et al. (2002) propuseram a divisão do segundo termo por 100 para reduzir a amplitude da covariável, esperando melhorar as propriedades numéricas do modelo. BROTHERSTONE et al. (2000) alteraram o valor do parâmetro a_3 , comparando o valor padrão (-0,05) com -0,068 e -0,10 e concluíram que o valor -0,068 foi o valor que melhor ajustou para a raça Holandesa além de ter obtido o maior valor para o logaritmo da máxima verossimilhança e a menor incidência de correlações negativas entre os controles iniciais e finais da lactação. Freitas (2003), estudando a raça Girolando testou os mesmos valores e concluiu que -0,05 foi o melhor valor. LINDAUER & MANTYSAARI (1999) propuseram uma função

formada pela combinação entre a função de Wilmink e polinômios ortogonais de Legendre de terceira ordem para melhor descrição da forma da curva de lactação.

Para uma adequada partição da variação total, estudos com MRA concluíram que a heterogeneidade de variâncias residuais deve ser considerada (EI FARO & ALBUQUERQUE, 2003; BIGNARDI et. al., 2009; TAKMA & AKBAS, 2009). Os MRA que consideram a heterogeneidade das variâncias residuais são mais adequados para o ajuste aos dados que os modelos que consideram variância residual como homogênea, uma vez que estes predispõem a superestimação da variância aditiva (JAMROZIK et al., 1997).

O presente estudo teve por objetivo comparar modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas de variância residual para análise da produção de leite de primeiras lactações de vacas Guzerá, utilizando funções paramétricas de Wilmink , Ali & Schaeffer e a combinação do polinômio de Legendre de terceira ordem com a função de Wilmink.

MATERIAL E MÉTODOS

A base de dados utilizadas nas análises constituiu de 20.524 registros de controles da primeira lactação de 2.816 vacas da raça Guzerá, com partos registrados entre 1987 a 2009 e idades entre 23 a 65 meses. O arquivo de genealogia foi constituído por 10753 animais. Os dados foram provenientes do Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite, coordenado pela Embrapa Gado de Leite em parceria com o Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá e a ABCZ.

Foram considerados controles de produção entre o 6º e o 305º dias de lactação. A produção de leite no dia de controle foi dividida em classes mensais, totalizando 10 classes. Foi estabelecido que as vacas tivessem, no mínimo, quatro controles.

Os grupos de contemporâneos foram formados por rebanho, ano e época de controle, sendo esta, dividida em duas, abril-setembro (época seca) e outubro-março

(época chuvosa). Foram mantidos os grupos contemporâneo que possuíam, no mínimo, três animais em cada grupo. A descrição dos dados se encontra na Tabela 1.

Tabela 1. Sumário da estrutura dos dados.

Informação	Estatística
Número de controles	20524
Número de animais com controles	2816
Número de touros	371
Número de mães	1774
Número de rebanhos	28
Número de grupos de contemporâneos	401
Média por controle (Kg)	6,76
Desvio Padrão (Kg)	2,45

As análises foram realizadas por meio de um modelo uni-característica de regressão aleatória. O modelo utilizado incluiu como efeitos aleatórios, o genético aditivo direto, de ambiente permanente e o residual. Além disso, foram considerados como efeitos fixo, o grupo de contemporâneos, os efeitos linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população. Os componentes de variância foram estimados pelo Método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o programa Wombat (MEYER, 2006).

Foi também realizado ajuste pela função logarítmica de Ali & Schaeffer (AS) (Ali & Schaeffer, 1987), exponencial de Wilmink (WI) (WILMINK, 1987), Wilmink modificada (WIm), com o segundo termo dividido por 100 (JAKCBOSEN et al., 2002) e uma combinação entre a função (LM) de Wilmink com polinômios de Legendre de terceira ordem (LINDAUER & MANTYSAARI, 1999). A curva fixa da população bem como as regressões aleatórias genética aditiva e de ambiente permanente foram modeladas de acordo com a função utilizada.

Em relação à estrutura das variâncias residuais foram consideradas estruturas homogêneas e heterogêneas com números diferentes de classes. O modelo com 10 classes considerou cada mês uma classe diferente, e os modelos com classes inferiores, foram agrupados de acordo com a semelhança entre as variâncias. Sendo assim, o modelo ajustado por Ali & Schaeffer com seis classes de variância residual, foi agrupado da seguinte forma: 1,2,3-5,6-7,8-9,10; e com quatro classes: 1,2,3-9,10. O modelo ajustado pela função de Wilmink (WI) e Wilmink modificada (WI*) com seis classes de variância residual, teve as classes agrupadas por: 1,2-3,4,5-8,9,10; e o modelo com quatro classes: 1,2-8,9,10. O modelo ajustado pela combinação da função de Wilmink com polinômio de Legendre (LM) com seis classes foi agrupado: 1-2, 3, 4-5, 6-7, 8-9, 10; e o modelo com três classes: 1-2, 3-9, 10.

Na função exponencial de Wilmink dada por $y = a_0 + a_1 t + a_2 \exp(a_3 t)$, em que t é igual ao número de dias em lactação, o parâmetro a_3 está relacionado ao formato da curva e ao momento do pico na lactação. Este foi considerado como uma constante, reduzindo o número de parâmetros a serem estimados pelos modelos. Foram avaliados, pela estimativa do valor do logaritmo da função de máxima verossimilhança os seguintes valores para o parâmetro a_3 : -0,06; -0,05 (padrão); -0,04; -0,03; -0,025; -0,02; -0,015 e -0,01.

O modelo de regressão aleatória utilizado pode ser representado matricialmente como:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

em que: y = vetor das N observações, medidas em N_a animais; b = vetor de efeitos fixos que inclui as soluções para grupo contemporâneo e para a covariável idade da vaca ao parto (regressão linear e quadrática); a = vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivos; ap = vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios de ambiente permanente; e = vetor dos N diferentes resíduos; X , Z , W =matrizes de incidência para os efeitos fixos, aleatórios genético-diretos e de ambiente permanente, respectivamente.

As pressuposições em relação aos componentes do modelo são:

$$E \begin{bmatrix} y \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{ap} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{Xb} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix} \text{ e } \begin{aligned} V(\mathbf{a}) &= \mathbf{K}_A \otimes \mathbf{A}; \\ V(\mathbf{ap}) &= \mathbf{K}_{AP} \otimes \mathbf{I}_{Nd}; \\ V(\mathbf{e}) &= \mathbf{R}, \end{aligned}$$

Em que:

\mathbf{K}_A e \mathbf{K}_{AP} são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético-aditivos e de ambiente permanente, respectivamente;

\mathbf{A} é a matriz de parentesco entre os indivíduos;

\mathbf{I}_{Nd} é uma matriz identidade;

\mathbf{R} representa uma matriz contendo as variâncias residuais.

A comparação entre os modelos foi feita pelos critérios de informação de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1973) e o critério de informação bayesiano Schwarz (BIC) (SCHWARZ,1978) onde os menores valores para este critérios indicam o melhor modelo (WOLFINGER , 1993).

Os critérios de informação podem ser representados como:

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

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

onde p é o número de parâmetros do modelo, N é o número total de informações e r é o posto da matriz de incidência de efeitos fixos no modelo e $\log L$ é o logaritmo da função de verossimilhança.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2 estão apresentados os resultados do logaritmo da função de máxima verossimilhança para os modelos considerando homogeneidade de variâncias, ajustados pela função exponencial de Wilink (WI) com diferentes valores para o parâmetro a_3 . O melhor valor encontrado para o parâmetro a_3

comparando esses modelos foi -0,025, pois obteve o maior valor para o logaritmo da função de verossimilhança. Resultado semelhante, foi encontrado por PEREIRA et al. (2009), trabalhando com a raça Gir leiteiro. Na função exponencial de Wilmink o parâmetro a_3 está relacionado ao momento do pico, sendo o valor padrão para esse parâmetro -0,05, que é o valor médio que ajusta lactações principalmente de raças taurinas. Nas raças zebuínas, o pico de lactação é mais restrito ao início da lactação, explicando provavelmente o melhor ajuste com o menor valor para este parâmetro.

Tabela 2. Valor do logaritmo da função de verossimilhança (log L) dos modelos ajustados pela função exponencial de Wilmink com diferentes valores para o parâmetro a_3 .

a_3	log L
-0,06	-16.323
-0,05	-16.308
-0,04	-16.291
-0,03	-16.276
-0,025	-16.273
-0,02	-16.276
-0,015	-16.292
-0,01	-16.327

Valor em negrito indica o melhor modelo com base no log L.

O resumo das análises com os valores do logaritmo da função de verossimilhança (log L), o critério de informação de Akaike (AIC), e o bayesiano de Schwarz (BIC) estão apresentados na Tabela 3.

Tabela 3. Número de classes de variância residual (e), número de parâmetros (p), valor do logaritmo da função de verossimilhança (log L) e critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), para os modelos de regressão aleatória empregando funções paramétricas de Wilmink, Wilmink modificada, pela combinação dos polinômios de Legendre com a função de Wilmink e pela função de Ali & Schaeffer.

Modelo	e	p	log L	AIC	BIC
Wilmink					
WI-1	1	13	-16.273	32.572	32.675
WI-4	4	16	-16.264	32.561	32.687
WI-6	6	18	-16.243	32.522	32.664
WI-10	10	22	-16.217	32.479	32.653
Wilmink modificada					
WIm-1	1	13	-16.268	32.563	32.666
WIm-4	4	16	-16.260	32.552	32.678
WIm-6	6	18	-16.238	32.513	32.655
WIm-10	10	22	-16.213	32.470	32.644
Legendre + Wilmink					
LM-1	1	21	-16.023	32.089	32.256
LM-3	3	23	-15.999	32.045	32.227
LM-6	6	26	-15.976	32.005	32.211
LM-10	10	30	-15.975	32.011	32.249
Ali & Schaeffer					
AS-1	1	31	-15.925	31.912	32.157
AS-4	4	34	-15.916	31.901	32.170
AS-6	6	36	-15.900	31.873	32.157
AS-10	10	40	-15.899	31.879	32.196

Valor em negrito indica os menores valores para os critérios de AIC e BIC.

No presente estudo, os valores do log L melhoraram com o aumento do número de parâmetros. Os valores dos testes de AIC e BIC para comparação dos modelos mostraram que os modelos que consideravam a homogeneidade de variâncias residuais promoveram os piores ajustes quando comparados aos modelos que consideraram heterogeneidade de variância residual, independente da função utilizada. Entretanto o modelo que considerou homogeneidade de variância ajustado pela função de Ali & Schaeffer (AS-1) apresentou o melhor BIC juntamente com o AS-6. No entanto, este último modelo obteve melhores valores para o log L e AIC. Os resultados indicam que a variância residual tem comportamento diferenciado no decorrer da lactação. Estes resultados estão de acordo com COSTA et al. (2005), HERRERA et al. (2008), e PEREIRA et al. (2009) que estudaram funções paramétricas para a produção de leite na raça Gir.

Com a função de Wilmink obteve-se os piores valores de log L, AIC e BIC em relação à função Wilmink modificada, ambas com mesmo número de parâmetros. O modelo que melhor representou a função de Wilmink foi o modelo com a função modificada com dez classes de variâncias residuais (Wlm-10) tanto pelo AIC e pelo BIC. O melhor modelo combinando os polinômios de Legendre com a função de Wilmink foi o que continha seis classes de variâncias residuais. Já em relação à função de Ali & Schaeffer (AS) o modelo com seis classes de variâncias residuais (AS-6) foi o que obteve os menores valores tanto para os critérios de AIC como o de BIC, sendo, portanto, considerado como o melhor modelo. O BIC é um critério mais rigoroso que o AIC e tende a indicar os modelos mais parcimoniosos, então o modelo com homogeneidade de variâncias (AS-1) foi considerado nas análises seguintes por possuir valor do BIC igual ao do modelo AS-6 e menor número de parâmetros que este.

Os modelos ajustados pela combinação entre polinômios de Legendre com a função de Wilmink obtiveram melhores resultados que a função de Wilmink e de sua modificação, entretanto a função de Ali & Schaeffer se mostrou superior em relação às outras funções paramétricas, pelos critérios avaliados, concordando com a maioria dos estudos de literatura (MELO et al., 2007; HERRERA et al. 2009; PEREIRA et al., 2009).

Tabela 4. Estimativas de variâncias (diagonal), covariância (acima da diagonal) e correlações (abaixo da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória e autovalores (λ) da matriz dos coeficientes de regressão aleatória para efeito genético aditivo e de ambiente permanente para os melhores modelos de cada função.

	α_0	α_1	α_2	α_3	α_4	α_0	α_1	α_2	α_3	α_4
	Genético aditivo					Ambiente permanente				
WIm-10										
α_0	3,18	-1,13	-2,36	-	-	3,92	-0,98	-2,68	-	-
α_1	-0,88	0,51	0,75	-	-	-0,73	0,46	0,92	-	-
α_2	-0,67	0,53	3,83	-	-	-0,57	0,58	5,54	-	-
λ	6,19	1,24	0,09	-	-	7,88	1,80	0,19	-	-
LM-6										
α_0	2,02	-0,70	0,10	-2,01	-	3,79	-0,77	0,25	-2,55	-
α_1	-0,57	0,74	-0,03	0,80	-	-0,35	1,24	-0,63	3,57	-
α_2	0,27	-0,13	0,07	-0,06	-	0,15	-0,64	0,79	-2,80	-
α_3	-0,83	0,55	-0,14	2,89	-	-0,34	0,82	-0,80	15,3	-
λ	4,79	0,48	0,38	0,06	-	17,17	3,29	0,38	0,25	-
AS-6										
α_0	93,56	-131,95	41,706	-56,41	9,27	1148,6	-1787,4	656,85	-673,91	104,52
α_1	-0,99	189,81	-62,737	79,76	-13,24	-0,99	2820,6	-1063,4	1042,7	-160,87
α_2	0,88	-0,93	23,869	-25,26	4,26	0,94	-0,97	421,66	-377,98	57,66
α_3	-0,98	0,97	-0,871	35,27	-5,87	-0,97	0,98	-0,92	398,42	-62,06
α_4	0,96	-0,97	0,877	-0,99	0,98	0,99	-0,97	0,90	-0,99	9,69
λ	337,25	4,88	1,07	0,30	0,00	4751,92	45,10	1,27	0,71	0,00

Os modelos ajustados pela função de Ali & Schaeffer obtiveram as maiores magnitudes dos valores das covariâncias e das correlações entre os coeficientes de regressão aleatória (Tabela 4). As covariâncias envolvendo o parâmetro α_1 dos coeficientes genéticos aditivos e de ambiente permanente comparando a função Wilmink (WI10) (não mostrado) e a Wilmink modificada, foram 100 vezes maior no modelo modificado e a variância de α_1 10000 maior, tornando os valores da matriz de covariâncias mais regulares, sem alterar as correlações entre esses coeficientes. Entretanto a modificação de Wilmink aumentou a explicação do terceiro autovalor de zero para 1,25 % e 1,88 % para efeito genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente. O último autovalor dos modelos ajustados pela função de Ali & Schaeffer explicaram 0 % da variação total dos efeitos genéticos aditivos e de

ambiente permanente. Isto indica que esses modelos estão super-parametrizados, apesar de adequados ao ajuste aos dados.

O primeiro autovalor da matriz de covariâncias entre os coeficientes de regressão, explicou maior proporção da variação total nos modelos ajustados pela função de Ali & Schaeffer (mais de 96%) tanto para o efeito genético como para o de ambiente permanente. Para os demais modelos, o primeiro autovalor foi responsável por mais de 78% da variação total.

As variâncias fenotípicas e genéticas aditivas estimadas pelos modelos Wlm-10, LM-6, AS-1 e AS-6 tiveram tendências semelhantes, sendo coincidentes em muitos pontos (Figura 1). Em relação à variância de ambiente permanente, foram também observadas tendências parecidas entre os modelos. Entretanto, a estimativa da variância de ambiente permanente para o primeiro mês de controle obtido com o modelo AS-6 foi menor que as estimadas com os demais modelos.

As variâncias residuais apresentaram uma tendência semelhante e constante a partir do terceiro mês até o nono. LOPEZ-ROMERO & CARABAÑO (2002) relataram que para o intervalo entre 75 a 275 dias em lactação, pode-se assumir homogeneidade de variâncias residuais. Isso pode explicar o ajuste adequado pelo modelo AS-1 que considerou a variância constante e de valor próximo ao obtidos pelos outros modelos para esse intervalo. Para o modelo AS-6 as estimativas de variância residual foram maiores no primeiro mês e menores no segundo e no último mês, quando comparado aos outros modelos, sendo o modelo que obteve a maior magnitude das diferenças entre as estimativas. Os modelos Wlm-10 e o LM-6 tenderam a apresentar as maiores estimativas para o segundo mês, mas divergiram no último mês de lactação onde o Wlm-10 apresentou maior estimativa e o LM-6 menor estimativa de variância residual.

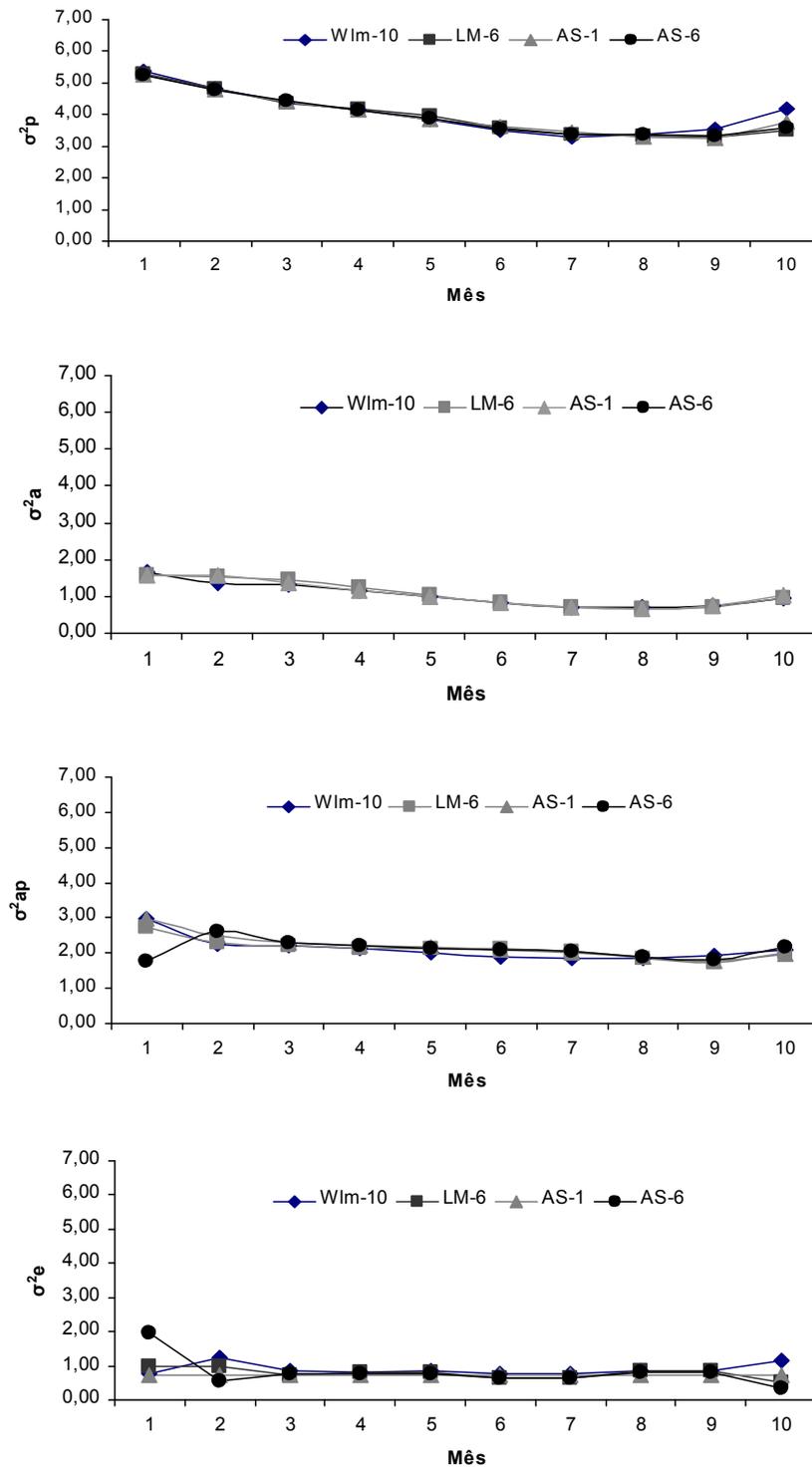


Figura 1. Estimativas das variâncias fenotípicas (σ^2_p), genéticas aditivas (σ^2_a), de ambiente permanente (σ^2_{ap}) e residual (σ^2_e) para as produções de leite no dia do controle de vacas da raça Guzerá, para os modelos Wlm-10, LM-6, AS-1 e AS-6 ao longo da lactação.

As estimativas de herdabilidade para os modelos Wlm-10, LM-6, AS-1, e AS-6 apresentaram comportamento semelhante (Figura 2). O modelo Wlm-10 obteve estimativas herdabilidade menores que os demais modelos no segundo e no último mês. As amplitudes de variação das estimativas de herdabilidade, foram similares entre os modelos, variando de 0,20 a 0,33, com as menores estimativas de herdabilidade acontecendo no oitavo mês e as maiores no segundo ou terceiro mês. FREITAS (2008) trabalhando com os dados da mesma raça, encontraram resultados semelhantes, entretanto foram observados valores de herdabilidade maiores no início da lactação. Estimativas de herdabilidade semelhantes às encontradas neste estudo foram relatadas por HERRERA et al. (2008), cujo os valores variaram de 0,15 a 0,31, e por PEREIRA et al. (2009), que variaram de 0,09 a 0,33, utilizando as funções de Wilmink e Ali & Schaeffer para produção de leite da raça Gir leiteiro. Também ARAÚJO et al. (2006) encontraram para a raça Holandesa estimativas de herdabilidade variando de 0,15 a 0,31, com as mesmas funções.

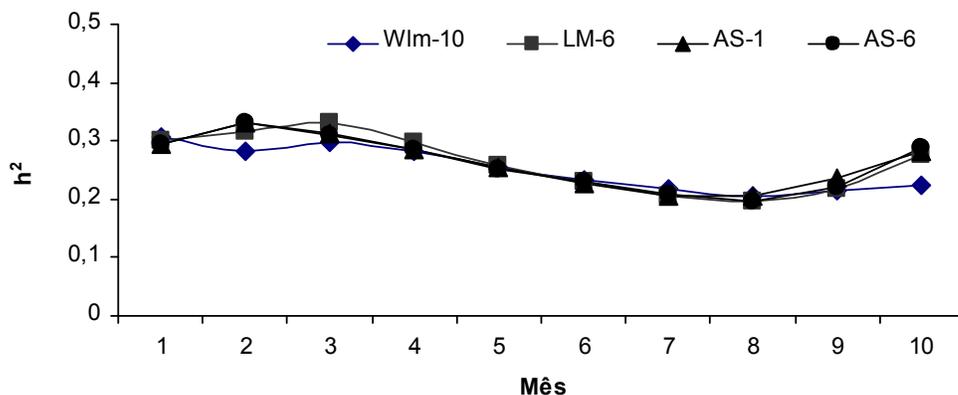


Figura 2. Estimativas de herdabilidade para as produções de leite de vacas da raça Guzerá, para os modelos Wlm-10, LM-6, AS-1 e AS-6 ao longo da lactação.

As estimativas das correlações genéticas e fenotípicas entre os controles obtidas pelos modelos Wlm-10, LM-6 e AS-6 estão respectivamente nas Tabelas 5, 6, e 7. Foram observadas, para todos os modelos, que as correlações genéticas foram altas e próximas à unidade entre as produções de controles adjacentes e

foram diminuindo à medida que o intervalo entre os controles aumentou. Este resultado concorda com resultados encontrados por BIGNARDI et al. (2009), para raça Holandesa e por KETTUNEN et al. (2000) para a raça Ayrshire, todos com MRA. Todos os modelos apresentaram correlação genética negativa entre as produções de leite do primeiro e o último mês de controle, sendo que o modelo Wlm-10 apresentou a menor das correlações além de também apresentar correlação negativa entre os controles do primeiro e o nono mês. Estimativas negativas para as correlações genéticas, quando MRA foram ajustados por funções paramétricas também foram encontrados por REKAYA et al. (1999), BROTHERSTONE et al. (2000), LÓPEZ-ROMERO & CARABAÑO (2003) e MELO et al. (2007) para a raça Holandesa, por KETTUNEN et al. (2000) para a raça Ayrshire, e por COSTA et al. (2005), PEREIRA et al. (2009) para a raça Gir Leiteiro. Entretanto, COBUCI et al. (2005) não observaram correlação negativa trabalhando com a função de Wilmink para ajustar os efeitos genéticos aditivos e de ambiente permanente em dados da raça Holandesa e HERRERA et al. (2008) com a raça Gir, utilizando a função de Wilmink e Ali & Schaeffer. As correlações negativas obtidas neste estudo possivelmente foram devido ao menor número de informações no início e no final da lactação.

Tabela 5. Correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) e genéticas (acima da diagonal) entre os meses de produção de leite para o modelo Wlm-10.

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,83	0,68	0,57	0,49	0,39	0,27	0,13	-0,02	-0,15
2	0,68	-	0,97	0,92	0,86	0,77	0,63	0,44	0,23	0,02
3	0,59	0,76	-	0,99	0,95	0,88	0,76	0,58	0,37	0,14
4	0,52	0,72	0,80	-	0,99	0,94	0,84	0,68	0,48	0,27
5	0,48	0,68	0,77	0,78	-	0,98	0,91	0,79	0,61	0,41
6	0,44	0,64	0,73	0,76	0,77	-	0,97	0,89	0,75	0,58
7	0,39	0,58	0,67	0,71	0,74	0,76	-	0,97	0,88	0,75
8	0,33	0,49	0,58	0,63	0,67	0,72	0,75	-	0,97	0,89
9	0,27	0,40	0,48	0,54	0,60	0,66	0,72	0,74	-	0,97
10	0,20	0,28	0,35	0,42	0,49	0,57	0,64	0,69	0,73	-

Tabela 6. Correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) e genéticas (acima da diagonal) entre os meses de produção de leite para o modelo LM-6.

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,87	0,73	0,62	0,51	0,39	0,26	0,13	0,01	-0,06
2	0,68	-	0,97	0,92	0,85	0,76	0,63	0,47	0,3	0,13
3	0,61	0,79	-	0,99	0,95	0,88	0,77	0,62	0,42	0,22
4	0,54	0,73	0,8	-	0,99	0,94	0,86	0,71	0,52	0,3
5	0,48	0,66	0,75	0,78	-	0,98	0,92	0,8	0,62	0,4
6	0,44	0,59	0,7	0,76	0,8	-	0,98	0,89	0,73	0,52
7	0,4	0,53	0,63	0,71	0,76	0,81	-	0,97	0,86	0,68
8	0,35	0,45	0,55	0,62	0,68	0,74	0,76	-	0,96	0,84
9	0,3	0,4	0,48	0,53	0,58	0,64	0,69	0,72	-	0,96
10	0,25	0,34	0,38	0,4	0,43	0,48	0,55	0,63	0,74	-

Tabela 7. Correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) e genéticas (acima da diagonal) entre os meses de produção de leite para o modelo AS-6.

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,84	0,74	0,62	0,51	0,38	0,26	0,13	0,03	-0,03
2	0,69	-	0,97	0,9	0,83	0,74	0,62	0,47	0,28	0,1
3	0,61	0,8	-	0,98	0,94	0,88	0,77	0,62	0,42	0,21
4	0,54	0,72	0,8	-	0,99	0,95	0,86	0,72	0,52	0,3
5	0,47	0,65	0,75	0,79	-	0,99	0,93	0,81	0,62	0,4
6	0,43	0,59	0,69	0,76	0,8	-	0,98	0,89	0,74	0,53
7	0,38	0,53	0,62	0,69	0,75	0,8	-	0,97	0,86	0,68
8	0,32	0,47	0,53	0,6	0,67	0,73	0,77	-	0,96	0,84
9	0,28	0,4	0,46	0,51	0,57	0,64	0,69	0,73	-	0,96
10	0,22	0,32	0,38	0,41	0,43	0,48	0,55	0,63	0,76	-

Para o modelo AS-1 (não mostrado), as estimativas das correlações genéticas foram ligeiramente mais baixas que para o modelo AS-6. Já as estimativas de correlações fenotípicas foram ligeiramente mais altas. Os modelos WIm-10 e WI-10 não apresentaram diferenças relevantes entre as estimativas das correlações genéticas e fenotípicas.

Pelos critérios estatísticos e pelas estimativas dos parâmetros genéticos avaliados (correlação genética, principalmente) a função de Wilmink promoveu os piores ajustes, sendo a função menos indicada para descrever a curva de produção de leite da raça Guzerá. A combinação entre o polinômio de Legendre e a função de

Wilmink apresentou estimativas dos parâmetros genéticos semelhantes aos demais modelos, contendo um menor número de parâmetros que o modelo AS-6, podendo ser usado para ajuste da curva de lactação da raça em avaliação genética, apesar de ter apresentado resultado inferior a este modelo para os critérios estatísticos adotados (AIC e BIC). Os modelos ajustados pela função de Ali & Schaeffer promoveram os melhores ajustes, sendo o modelo com seis classes de variâncias residuais o mais adequado. O modelo ajustado pela função de Ali & Schaeffer com variância residual homogênea apresentou estimativas dos parâmetros genéticos e variâncias residuais próximas às obtidas pelo melhor modelo (AS-6) na maior parte da lactação, podendo assim também ser usado como alternativa de modelo parcimonioso para o ajuste aos dados.

CONCLUSÕES

Os resultados obtidos pelo estudo indicam a necessidade de considerar-se heterogeneidade de variâncias residuais para as funções de Wilmink e para a função que combina polinômios de Legendre e a função de Wilmink. A função de Ali & Schaeffer proporcionou melhor ajuste entre as funções avaliadas, sendo os modelos por esta, adequados aos dados do presente estudo, independente da estrutura de variância residual.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALI, T.E.; SCHAEFFER, R. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 67, n.3, p. 637-644, 1987.

ARAÚJO, C.V.; TORRES, R.B., COSTA, C.N.; TORRES FILHO, R.A; ARAÚJO, S.I.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J.; PEREIRA, C. S.; SARMENTO, J.L.R. Uso de modelos de regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.975-981, 2006.

BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; CARDOSO, V. L.; MACHADO, P. F.; ALBUQUERQUE, L. G. de. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v. 123, n.1, p. 1-7, 2009.

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

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

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

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para a produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.

FREITAS, M. S. **Utilização de modelos de regressão aleatória na avaliação genética de animais da raça Girolando**. 2003. 78f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2003.

HENDERSON Jr., R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v.38, n.3, p.623, 1982.

HERRERA, L. G. G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; MACHADO, C. H. C. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 9, p. 1584-1594, 2008.

JAKOBSEN J.H.; MADSEN P.; JENSEN J.; PEDERSEN J.; CHRISTENSEN L.G.; SORENSEN D.A.. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. **Journal of Dairy Science** v.85, p. 1607-1616, 2002.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.4, p.762-770, 1997.

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

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.4, p.979-993, 1990.

LIDAUER, M.; MANTYSAARI, E. A. Multiple trait reduced rank random regression test-day model for production traits. **Interbull bull**, v. 22, p. 74-80, 1999.

LOPEZ-ROMERO, P.; CARABAÑO, M.J. Comparison of random regression tes-day models and analysis of the residual variance along days in milk using Bayesian procedures. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier, 2002. I CD-ROM.

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

MELO, C. M. R.; PACKER, I. U.; COSTA, C. N.; MACHADO, P.F. Genetic parameters for test day milk yields of first lactation Holstein cows by random regression models. **Animal**, v.1, p. 325-334, 2007.

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

MEYER, K. **WOMBAT – A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood**. User notes. Amidale: Animal Genetics and Breeding Unit, 2006.

PEREIRA, R. J. ; SANTANA JÚNIOR, M. L. ; LOPES, P. S. ; VERNEQUE, R. S. ; LAGROTTA, M. R. ; TORRES, R. A. ; PEIXOTO, M. G. C. D. Avaliação de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir Leiteiro. In: **46ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, 2009, Maringá. **Anais...** Maringá: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2009.

REKAYA, R.; CARABANO, M.J.; TORO, M.A. Random regression in animal models for test-day production in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 1999, Guelph. **Proceedings...** Guelph, 1999. p.443-446.

TAKMA, C.; AKABAS Y.. Heterogeneity of residual variances of test day milk yields estimated by random regression model in Turkish Holsteins. **Journal of Animal and Veterinary Advances**. v.8, n.4, p. 782-787, 2009.

WILMINK, J.B.M. Adjustment of test-day milk, fat and protein yields for age, season and stage of lactation. **Livestock Production Science**, v. 16, p. 335-348, 1987.

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

CAPÍTULO 4 – MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE DE VACAS DA RAÇA GUZERÁ

RESUMO – A produção de leite é uma característica repetida no tempo, tornando possível sua avaliação genética por meio de modelos de regressão aleatória. Com objetivo de estimar parâmetros genéticos por modelos de regressão aleatória, foram utilizados 20.524 registros de produção de leite no dia do controle (PLDC) de 2.816 primeiras lactações de vacas da raça Guzerá. As PLDC foram agrupadas em 10 classes mensais e analisadas por meio de modelo de regressão aleatória (MRA), cujos efeitos aleatórios foram o genético aditivo, de ambiente permanente e o residual e, como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos (GC), a covariável idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático) e a curva média de lactação da população, modelada por um polinômio de Legendre de quarta ordem. As trajetórias para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram modeladas por meio de função de covariância empregando polinômios ortogonais de Legendre, variando de terceira a sexta ordens. As variâncias residuais foram consideradas em uma, quatro, seis e dez classes de variância. A melhor estrutura para as variâncias residuais continha seis classes de variância. As estimativas de herdabilidade obtidas para as PLDC variaram de 0,19 a 0,32. O modelo de regressão aleatória que utilizou um polinômio de Legendre de terceira ordem para o efeito genético aditivo e um polinômio de sexta ordem para o efeito de ambiente permanente foi o mais adequado para o ajuste dos dados do presente estudo. Entretanto, o modelo que utilizou um polinômio de Legendre de terceira ordem para o efeito genético aditivo e de quinta ordem para o efeito de ambiente permanente poderia ser adotado nas análises.

Palavras-chaves: funções de covariância, curva de lactação, *test-day model*

INTRODUÇÃO

Características repetidas no tempo, como a produção de leite e o peso corporal, são melhores avaliadas por modelos que consideram a produção no dia do controle. Dentre esses modelos, os modelos de regressão aleatória consideram as informações sobre a característica como curva, fornecendo os valores aleatórios como coeficientes de regressão. Desta forma os modelos de regressão aleatória (MRA) permitem o ajuste de curvas aleatórias para cada indivíduo, expressas como desvios de uma curva média da população ou de grupos de indivíduos.

Funções de covariância (FC), segundo VAN der WERF & SCHAEFFER (1997), são conceituadas como funções contínuas que fornecem as covariâncias entre características medidas em diferentes pontos de uma trajetória (lactação), descrevendo as covariâncias entre as medidas tomadas em determinadas idades (dias em lactação) como uma função destas idades. KIRKPATRICK & HECKMAN (1989), propuseram o uso de funções de covariância utilizando polinômios de Legendre para modelar a estrutura de variância de dados longitudinais e para estimação de componentes de variância genética aditiva e de ambiente permanente. MEYER & HILL (1997) e VAN der WERF et al. (1998) verificaram a equivalência entre MRA e FC, uma vez que a matriz de covariâncias entre os coeficientes de regressão descrevem a estrutura de covariância ao longo do tempo. Desta forma, os modelos de regressão possibilitam estimar os valores genéticos para a produção de leite em qualquer período de lactação.

Dentre as funções usadas para modelar a curva fixa e as trajetórias para os efeitos aleatórios nos MRA, destacam-se os polinômios ortogonais. Os polinômios ortogonais possuem a vantagem computacional de reduzir a correlação entre os coeficientes estimados, facilitando a convergência (KIRKPATRICK, et al., 1990; SCHAEFFER & JAMROZIK, 2008). Os polinômios ortogonais de Legendre, especificamente, têm sido utilizados extensivamente em modelos de regressão aleatória, para estimar funções de covariância em estudos de curva de lactação de bovinos leiteiros (OLORI et al., 1999; KETTUNEN et al., 2000, EL FARO &

ALBUQUERQUE, 2003; ARAUJO et al., 2006; BIGNARDI et al., 2009; TAKMA & AKBAS, 2009).

Em geral, polinômios de Legendre de diferentes ordens são usados para modelar as trajetórias para os efeitos aleatórios. BROTHERSTONE et al. (2000) relataram que, em situações em que não há limite computacional, os polinômios de alta ordem são mais eficientes para modelar os efeitos aleatórios. Entretanto, alguns autores reportaram que a terceira ordem do polinômio de Legendre é a que melhor ajusta a curva de lactação para os efeitos genéticos e de ambiente permanente (VAN der WERF et al., 1998; POOL & MEUWISSEN et al., 1999; OLORI et al., 1999; VEERKAMP & THOMPSON, 1999; KETUNEN et al., 2000; STRABEL et al., 2003; TAKMA & AKBAS, 2009).

Estudos aplicando polinômios de Legendre em MRA, ressaltaram a necessidade de se considerar no modelo a estrutura heterogênea de variância residual para melhor modelagem do resíduo (OLORI et al., 1999; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; TAKMA e AKMA, 2009). Os MRA que consideram a heterogeneidade das variâncias residuais ajustam melhor os dados por não superestimarem a variância aditiva (JAMROZIK et al., 1997).

Sabendo que a raça Guzerá e seus mestiços têm uma importante participação na pecuária leiteira brasileira, como animais rústicos e adaptados às condições tropicais, o objetivo do presente estudo foi estimar funções de covariância para os efeitos genético-aditivo e de ambiente permanente e, subseqüentemente, os parâmetros genéticos para produções de leite mensais de vacas da raça Guzerá utilizando a regressão aleatória com polinômios de Legendre. Para tanto, foram consideradas diferentes estruturas de variância residual.

MATERIAL E MÉTODOS

A base de dados constou de 20.524 registros de controles da primeira lactação de 2.816 vacas da raça Guzerá, com partos registrados entre 1987 a 2009, filhas de 371 touros, com idades entre 23 a 65 meses de idade, distribuídas em 28

rebanhos. O arquivo de genealogia constituiu-se de 10753 animais. Os dados são provenientes do Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para leite, coordenado pela Embrapa Gado de leite em parceria com o Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá e a ABCZ.

Foram considerados controles de produção entre o 6º e o 305º dias de lactação. A produção de leite no dia de controle foi dividida em classes mensais. Foi estabelecido que seriam incluídas as lactações de vacas que tivessem, no mínimo, quatro controles.

Os grupos contemporâneos (GC) foram formados por fazenda, ano e época de controle, sendo esta, dividida em duas, abril-setembro (seca) e outubro-março (chuva). Foram considerados GC que possuíam no mínimo três animais. Na Figura 1, são apresentados os números de registros, as médias, desvios padrões e coeficientes de variação das produções de leite no dia de controle em cada mês de lactação.

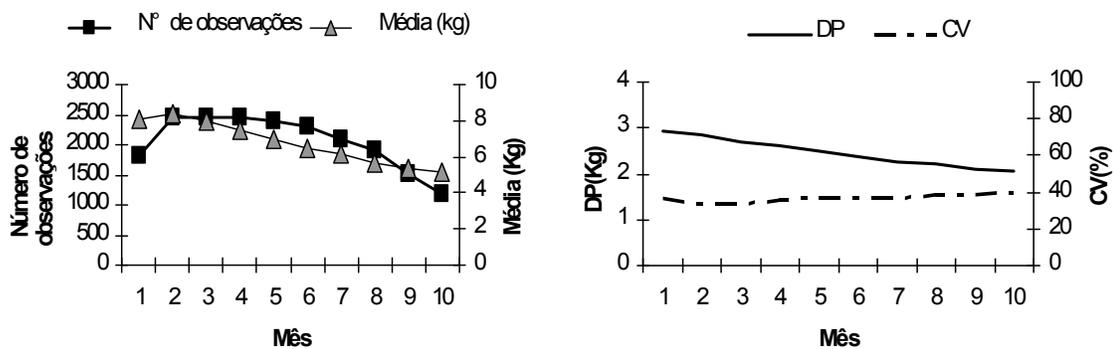


Figura 1. Número de observações, média (Kg), desvio padrão (DP) (Kg) e coeficiente de variação (CV) da produção de leite no mês do controle de vacas da raça Guzerá.

As análises de regressão aleatória foram realizadas por meio de um modelo unicaracterística. O modelo incluiu como efeitos aleatórios, o genético aditivo direto, de ambiente permanente e o residual. Além disso, foram considerados como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos, os efeitos linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população. Os componentes de

variância foram estimados pelo Método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o programa Wombat (MEYER, 2006).

A curva de lactação fixa da população foi modelada por um polinômio de Legendre de quarta ordem. Os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de polinômios ortogonais de Legendre variando da ordem cúbica até a sêxtupla. A estrutura das variâncias residuais foi considerada homogênea ou heterogênea, esta última contendo dez, seis ou quatro classes de variâncias. O modelo com dez classes (Leg-10) considerou cada mês como uma classe diferente, e os modelos com seis e quatro, foram agrupados de acordo com a semelhança entre as variâncias. Sendo assim, o modelo com seis classes (Leg-6), foi agrupado da seguinte maneira: 1,2,3-5,6,7,8-10; e o modelo com quatro classes: 1,2-5,6-7,8-10.

Na forma matricial o modelo pode ser representado por:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

em que: y = vetor das N observações, medidas em N_a animais; b = vetor de efeitos fixos que inclui as soluções para grupo contemporâneo e para a covariável idade da vaca ao parto (regressão linear e quadrática); a = vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios genético-aditivos; ap = vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios de ambiente permanente; e = vetor dos N diferentes resíduos; X , Z , W =matrizes de incidência para os efeitos fixos, aleatórios genético-diretos e de ambiente permanente, respectivamente.

As pressuposições em relação aos componentes do modelo são:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ ap \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} e \quad \begin{aligned} V(a) &= K_A \otimes A; \\ V(ap) &= K_{AP} \otimes I_{Nd}; \\ V(e) &= R, \end{aligned}$$

Em que:

\mathbf{K}_A e \mathbf{K}_{AP} são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético-aditivos e de ambiente permanente, respectivamente;

\mathbf{A} é a matriz de parentesco entre os indivíduos;

\mathbf{I}_{Nd} é uma matriz identidade;

\mathbf{R} representa uma matriz contendo as variâncias residuais.

A comparação entre os modelos foi feita pelos critérios de informação de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1973) e de informação bayesiano Schwarz (BIC) (SCHWARZ, 1978) e LRT (WOLFINGER, 2003).

Os critérios de informação podem ser representados como:

$$AIC = -2\log L + 2p,$$

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

no qual, p é o número de parâmetros do modelo, N é o número total de informações e r é o posto da matriz de incidência de efeitos fixos no modelo e $\log L$ é o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita.

O Teste da razão de verossimilhança (LRT) foi utilizado para comparação de diferentes estruturas residuais. No LRT a significância da diferença do $\log L$ é dada pelo teste de qui-quadrado, com o grau de liberdade igual a diferença entre o número de parâmetros dos modelos (HUELSENBECK & BULL, 1996).

Para comparar os resultados obtidos pelos modelos de regressão aleatória, foram realizadas, no mesmo conjunto de dados, análise multicaracterísticas utilizando o modelo de dimensão finita (TDMO) de todas as PLDC por meio de um modelo animal que incluiu como aleatório o efeito genético-aditivo, como efeitos fixos o grupo de contemporâneos e as covariáveis idade da vaca ao parto (regressão linear e quadrática) e dias em lactação (regressão linear).

A notação dos modelos ajustados pelos polinômios ortogonais de Legendre segue o padrão: Leg. k_a . k_{ap} . R , com k_a e k_{ap} referindo-se ao grau do polinômio para modelar efeitos genético-aditivos e de ambiente permanente, respectivamente, e R é o número de classes de variância residual.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo dos resultados das análises com o valor do logaritmo da função de máxima verossimilhança (log L), o critério de Akaike (AIC), o critério bayesiano de Schwarz e o teste da razão da máxima verossimilhança (LRT) são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Número de parâmetros (p), logaritmo da função de verossimilhança (log L), critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) e teste da razão de verossimilhança (LRT).

Modelo	p	Polinômio de Legendre			
		log L	AIC	BIC	LRT
1) Leg3.3.1	13	-16256,805	32539,610	32642,43	(2-1) 238
2) Leg3.3.4	16	-16137,754	32307,508	32434,058	(3-2) 78**
3) Leg3.3.6	18	-16098,332	32232,664	32375,032	(4-3) 4 ^{ns}
4) Leg3.3.10	22	-16096,008	32236,016	32410,022	-
5) Leg3.4.6	22	-16003,640	32051,280	32225,284	(6-5)122**
6) Leg3.5.6	27	-15942,464	31938,928	32152,480	(7-6) 64**
7) Leg3.6.6	33	-15910,165	31886,330	32147,338	-
8) Leg4.3.6	22	-16022,206	32088,412	32262,416	(8-7)56**
9) Leg4.4.6	26	-15993,842	32039,684	32245,326	(9-8) 122**
10) Leg4.5.6	31	-15932,546	31927,092	32172,282	(10-9) 66**
11) Leg4.6.6	37	-15899,519	31873,038	32165,684	-
12) Leg5.3.6	27	-15981,911	32017,822	32231,374	(13-12) 63**
13) Leg5.4.6	31	-15950,057	31962,114	32207,304	(14-13) 45**
14) Leg5.5.6	36	-15927,227	31926,454	32211,19	(15-14) 66**
15) Leg5.6.6	42	-15893,881	31871,762	32203,952	-
16) Leg6.3.6	33	-15947,777	31961,554	32222,562	(17-16) 68**
17) Leg6.4.6	37	-15913,543	31901,086	32193,732	(18-17) 51**
18) Leg6.5.6	42	-15887,997	31859,994	32192,186	(19-18)26**
19) Leg6.6.6	48	-15874,503	31845,006	32224,654	-

Teste da razão de verossimilhança entre os modelos aninhados: **: $P < 0,01$; ^{ns}: não significativo. Valores em negrito indicam o melhor modelo com base no AIC e BIC.

Comparando-se apenas os modelos 1 até 4 (Tabela 1), para verificar qual a melhor estrutura de variância residuais o LRT indicou que o modelo que considerou homogeneidade de variância residual promoveu o pior ajuste, indicando que as variâncias residuais possuem comportamento diferenciado ao longo da lactação.

Autores que trabalharam com polinômios de Legendre, como EL FARO & ALBUQUERQUE (2002) com a raça Caracu, BIGNARDI et al. (2009) estudando a raça holandesa e COSTA et al. (2005) com a raça Gir leiteiro, chegaram à mesma conclusão. Dentre os modelos que consideravam diferentes classes de variância residual, o modelo com seis classes de variância residual foi o modelo que melhor ajustou-se aos dados pelo AIC, BIC e LRT. O modelo com seis classes e o modelo com 10 classes não apresentaram diferenças significativas de acordo com LRT (Tabela 4). Os resultados sugerem que seis classes de variâncias residuais heterogêneas são suficientes para modelar a estrutura de variâncias residuais no decorrer da lactação.

Após a escolha da estrutura de variâncias residuais, foram comparados modelos combinando diferentes ordens dos polinômios para os efeitos genéticos aditivos e de ambiente permanente. Comparando modelos com mesma ordem de polinômios para modelar o efeito genético aditivo, foram observadas melhorias no valor de log L, AIC e BIC quando a ordem do polinômio para modelar o efeito de ambiente permanente aumentou. A mesma tendência foi relatada por BIGNARDI et al. (2009) e EL FARO et al. (2008).

O modelo Leg6.6.6 obteve os melhores valores de log L e de AIC. Entretanto, o modelo Leg3.6.6 apresentou o melhor BIC e possui quinze parâmetros a menos que o modelo Leg6.6.6. O BIC é considerado um critério mais rigoroso que o AIC e tende a penalizar modelos parametrizados e selecionar modelos mais parcimoniosos. Portanto, o modelo Leg6.6.6 (melhor AIC), Leg 3.6.6 (menor BIC) e o modelo Leg 3.5.6 (segundo menor BIC e alternativa de modelo parcimonioso) foram escolhidos para comparações dos parâmetros genéticos estimados.

As variâncias fenotípicas estimadas pelos modelos Leg3.5.6, Leg3.6.6 e Leg6.6.6 foram muito próximas e tiveram a mesma tendência que as estimadas pelo TMDO, apresentando um comportamento decrescente em função dos meses em lactação, sendo que para os MRA, o último mês teve uma leve tendência de aumento (Figura 2). Possivelmente a estimativa elevada da variância fenotípica no primeiro mês e ao final seja devida ao menor número de informação nestes meses, sendo

que, para o último mês, nem todas as vacas conseguiram atingi-lo, pela curta duração da lactação.

Em relação às variâncias genéticas, os MRA Leg3.5.6 e Leg3.6.6 apresentaram tendências semelhantes para todo o período de lactação. O MRA Leg6.6.6 apresentou estimativas maiores do segundo ao quarto mês de lactação em relação aos demais MRA. Na segunda metade da lactação os MRA tenderam a apresentar tendências e valores semelhantes. A diferença observada nos meses iniciais para as estimativas da variância genética aditiva possivelmente é resultado da utilização de um polinômio de maior ordem para modelar o efeito genético aditivo. Isto indica, que a modelagem da fase inicial da lactação é susceptível à variação de ordem do polinômio para este efeito, sugerindo maior dificuldade para modelar a variação nessa fase. Os MRA e TMDO apresentaram tendências semelhantes e estimativas próximas nos cinco meses finais da lactação, e também no terceiro mês. Entretanto, apresentaram tendências diferentes nos meses iniciais, com estimativas de maior magnitude sendo obtidas pelos MRA.

As estimativas das variâncias ambientais, representadas pela soma variâncias de ambiente permanente e temporário ($\sigma^2_{ap} + \sigma^2_e$ ou σ^2_e) foram muito próximas para todos os MRA e TMDO.

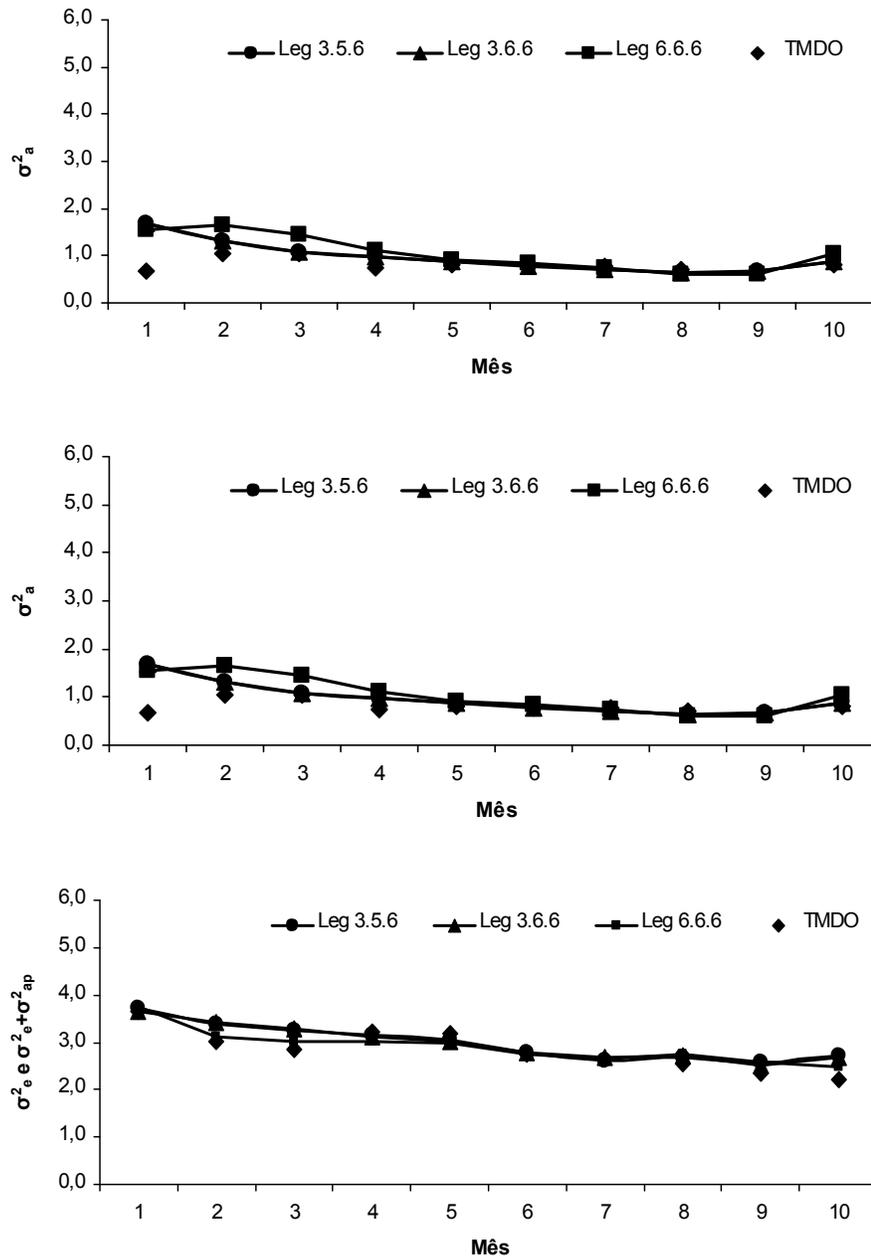


Figura 2. Estimativas das variâncias genética (σ^2_a), fenotípicas (σ^2_p) e ambientais ($\sigma^2_{ap} + \sigma^2_e$ ou σ^2_e) obtidas com os modelos Leg3.5.6, Leg3.6.6, Leg6.6.6 e TMDO para os meses de controle.

As estimativas de herdabilidade obtidas pelos MRA (Leg3.5.6, Leg3.6.6 e Leg6.6.6) e pelo TMDO encontram-se na Figura 3. Comparando os MRA, o modelo Leg6.6.6 obteve estimativas maiores de herdabilidade entre o segundo e o quarto

mês, possivelmente como resultado da maior estimativa das variâncias genéticas aditivas para esse período. As estimativas de herdabilidade obtidas pelo TDMO variaram de 0,15 (primeiro mês) a 0,27 (terceiro mês), sendo que para fase inicial da lactação, as estimativas foram inferiores às obtidas pelos MRA. As estimativas de herdabilidade obtidas pelos MRA Leg3.5.6 e Leg3.6.6 foram muito próximas variando de 0,19 (oitavo mês) a 0,32 (primeiro mês). Já para o modelo Leg6.6.6 as estimativas de herdabilidade variaram de 0,18 (oitavo mês) a 0,35 (segundo mês). Possivelmente, as causas das elevadas estimativas de herdabilidade obtidas pelos MRA para os meses iniciais, foram devidas a dificuldade de modelagem e ao menor número de informações nesses meses. Em relação ao aumento das estimativas de herdabilidade nos último mês, possivelmente também é devido ao menor número de informação nesse mês uma vez que as estimativas obtidas pelo TDMO também apresentaram aumento neste período. Autores trabalhando com polinômios de Legendre como KETTUNEN et al. (2000); EL FARO & ALBUQUERQUE (2003), relataram a tendência das estimativas serem maiores nos extremos da lactação.

A magnitude das estimativas de herdabilidade encontradas neste trabalho foi semelhante às relatadas por BIGNARDI et al. (2009); OLORI et al. (1999); COBUCI et al. (2005) na raça Holandesa. FREITAS (2007), trabalhando com os dados da mesma raça, encontrou resultados semelhantes, e valores maiores no início da lactação do que os encontrados neste estudo, variando de 0,19 a 0,46. Na raça Gir leiteiro, HERRERA et al. (2008) encontraram estimativas semelhantes às estimadas neste estudo. COSTA et al. (2005), utilizando polinômios de Legendre também para a raça Gir, encontraram herdabilidades maiores variando de 0,71 no início a 0,21 no final da lactação. Estimativas de herdabilidade inferiores foram relatadas por EL FARO et al. (2008) para a raça Caracu e ARAÚJO et al. (2005) para a raça Holandesa, utilizando MRA.

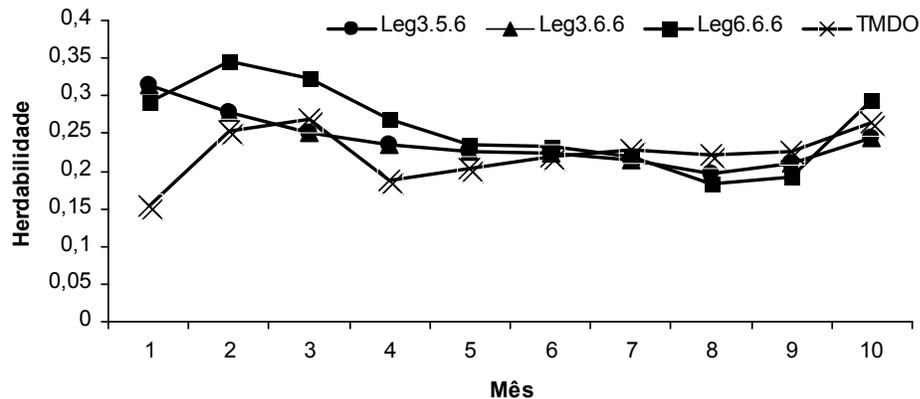


Figura 3. Estimativas de herdabilidade para as produções de leite no dia do controle de vacas da raça Guzerá, obtidas com os modelos Leg3.5.6, Leg3.6.6, Leg6.6.6 e TMDO para os meses de controle.

As correlações fenotípicas estimadas pelos modelos Leg3.5.6, Leg3.6.6 e Leg6.6.6 e TMDO foram muito semelhantes, variando, respectivamente, de 0,24 a 0,81; 0,26 a 0,82; 0,25 a 0,85 e 0,43 a 0,81; com maiores valores entre os controles adjacentes no meio da lactação e menores, entre os primeiros e últimos controles (Tabelas 2, 3, 4 e 5 respectivamente).

As estimativas das correlações genéticas para os MRA foram altas e próximas à unidade entre os controles adjacentes, sendo que os valores foram diminuindo à medida que a distância entre os controles aumentou (Tabelas 2, 3 e 4). Esta tendência para os MRA também foi relatada por BIGNARDI et al. (2009), para raça Holandesa, por KETTUNEN et al. (2000), para a raça Ayrshire e por HERRERA et al. (2008), para raça Gir. Os três MRA apresentaram estimativas de correlações genéticas negativas entre a produção de leite do primeiro e do último controle, porém de baixas magnitudes. O modelo Leg6.6.6 tendeu a apresentar menores estimativas de correlações genéticas da produção de leite do primeiro mês de controle com os demais meses, que os outros MRA, obtendo valor negativo e próximo a zero (-0,003) para a estimativa de correlação genética entre o primeiro e nono mês. A obtenção de estimativas de correlações genéticas negativas pode ser atribuído à dificuldade dos MRA em modelar as produções de leite no dia do controle do início e do final da

lactação (que possuem menor número de informações), uma vez que a estimativa obtida pelo TMDO foi positiva e de média magnitude (0,59) entre a PLDC do início e fim da lactação (Tabela 5). Correlações negativas foram também relatadas por BIGNARDI et al. (2009) e EL FARO et al. (2008), trabalhando com polinômios de Legendre.

As estimativas das correlações de ambiente permanente estimadas pelos MRA foram próximas sendo que o modelo Leg6.6.6, tendeu a apresentar estimativas levemente mais altas para as correlações entre as produções de leite do primeiro mês de controle com os demais meses, que os outros modelos (Tabela 6 e 7).

Tabela 2. Estimativa correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre os meses de controles para o Leg3.5.6.

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,97	0,89	0,77	0,64	0,50	0,37	0,23	0,09	-0,03
2	0,69	-	0,97	0,90	0,80	0,68	0,55	0,40	0,21	0,02
3	0,62	0,79	-	0,98	0,92	0,83	0,71	0,55	0,33	0,08
4	0,55	0,72	0,80	-	0,98	0,93	0,84	0,68	0,45	0,17
5	0,49	0,64	0,74	0,80	-	0,98	0,92	0,79	0,57	0,28
6	0,45	0,58	0,68	0,76	0,81	-	0,98	0,89	0,69	0,42
7	0,41	0,52	0,62	0,70	0,75	0,80	-	0,96	0,82	0,58
8	0,35	0,47	0,54	0,60	0,65	0,71	0,77	-	0,94	0,77
9	0,30	0,42	0,48	0,51	0,55	0,61	0,69	0,76	-	0,94
10	0,24	0,34	0,39	0,41	0,43	0,48	0,55	0,63	0,75	-

Tabela 3. Estimativa correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre os meses de controles para o Leg3.6.6.

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,97	0,89	0,77	0,64	0,51	0,38	0,24	0,09	-0,03
2	0,69	-	0,97	0,90	0,80	0,69	0,56	0,40	0,21	0,01
3	0,62	0,80	-	0,98	0,92	0,83	0,71	0,55	0,33	0,08
4	0,55	0,72	0,80	-	0,98	0,93	0,84	0,68	0,45	0,17
5	0,49	0,64	0,74	0,80	-	0,98	0,92	0,79	0,57	0,27
6	0,44	0,59	0,68	0,75	0,81	-	0,98	0,89	0,69	0,41
7	0,40	0,54	0,62	0,68	0,75	0,82	-	0,96	0,82	0,58
8	0,34	0,47	0,54	0,59	0,64	0,71	0,77	-	0,94	0,77
9	0,29	0,40	0,48	0,52	0,55	0,59	0,66	0,75	-	0,94
10	0,26	0,34	0,39	0,42	0,45	0,49	0,55	0,63	0,76	-

Tabela 4. Estimativa correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre os meses de controles para o Leg6.6.6.

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,83	0,71	0,62	0,49	0,35	0,23	0,11	0,00	-0,06
2	0,68	-	0,97	0,92	0,84	0,75	0,65	0,52	0,28	0,15
3	0,61	0,80	-	0,98	0,93	0,86	0,77	0,63	0,38	0,21
4	0,54	0,72	0,81	-	0,98	0,93	0,84	0,71	0,45	0,28
5	0,48	0,64	0,74	0,80	-	0,98	0,92	0,80	0,55	0,40
6	0,43	0,60	0,69	0,75	0,81	-	0,98	0,89	0,66	0,54
7	0,39	0,55	0,62	0,68	0,75	0,82	-	0,96	0,79	0,69
8	0,34	0,48	0,55	0,59	0,65	0,71	0,77	-	0,92	0,84
9	0,29	0,41	0,48	0,52	0,55	0,59	0,67	0,75	-	0,94
10	0,25	0,34	0,39	0,43	0,45	0,50	0,56	0,63	0,76	-

Tabela 5. Estimativa correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre os meses de controles para o TMDO.

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,91	0,92	0,89	0,93	0,89	0,79	0,74	0,60	0,59
2	0,70	-	0,95	0,95	0,96	0,93	0,84	0,79	0,67	0,56
3	0,65	0,78	-	0,95	0,94	0,92	0,83	0,79	0,72	0,69
4	0,61	0,70	0,75	-	0,96	0,95	0,90	0,91	0,81	0,75
5	0,61	0,69	0,72	0,77	-	0,99	0,88	0,87	0,72	0,66
6	0,63	0,68	0,71	0,74	0,79	-	0,91	0,91	0,78	0,74
7	0,59	0,68	0,69	0,71	0,73	0,81	-	0,96	0,93	0,85
8	0,55	0,61	0,65	0,62	0,66	0,73	0,78	-	0,94	0,89
9	0,48	0,55	0,56	0,57	0,57	0,63	0,69	0,75	-	0,95
10	0,43	0,51	0,54	0,54	0,55	0,58	0,60	0,65	0,76	-

Tabela 6. Estimativa correlações de ambiente permanente entre os meses de controle para os modelos Leg3.5.6 (abaixo da diagonal) e Leg3.6.6 (acima da diagonal).

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,86	0,76	0,70	0,65	0,62	0,60	0,59	0,54	0,53
2	0,85	-	0,95	0,86	0,78	0,73	0,70	0,68	0,60	0,58
3	0,73	0,97	-	0,96	0,89	0,81	0,75	0,72	0,66	0,61
4	0,68	0,90	0,97	-	0,97	0,89	0,82	0,76	0,69	0,63
5	0,64	0,80	0,90	0,97	-	0,97	0,90	0,82	0,69	0,63
6	0,62	0,73	0,82	0,92	0,98	-	0,97	0,88	0,70	0,64
7	0,60	0,70	0,77	0,85	0,93	0,98	-	0,95	0,78	0,68
8	0,58	0,69	0,73	0,78	0,83	0,89	0,96	-	0,92	0,77
9	0,54	0,67	0,69	0,70	0,72	0,77	0,86	0,96	-	0,88
10	0,49	0,61	0,63	0,63	0,63	0,65	0,71	0,80	0,91	-

Tabela 7. Estimativa correlações de ambiente permanente entre os meses de controle para o modelo Leg6.6.6.

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1		0,93	0,84	0,75	0,70	0,67	0,65	0,62	0,56	0,55
2			0,95	0,85	0,77	0,71	0,68	0,66	0,60	0,56
3				0,96	0,89	0,80	0,74	0,71	0,67	0,61
4					0,97	0,90	0,82	0,76	0,70	0,62
5						0,97	0,91	0,82	0,70	0,61
6							0,97	0,88	0,72	0,61
7								0,96	0,80	0,65
8									0,93	0,75
9										0,88
10										

As correlações entre os coeficientes de regressão para os efeitos genético-aditivos e de ambiente permanente foram de baixa magnitude e muito similares para os MRA (Tabela 8). Para todos MRA, os autovalores da matriz de coeficientes de efeitos de ambiente permanente foram maiores do que para os dos efeitos genético-aditivos. Estes resultados são semelhantes aos encontrados por BROTHERSTONE et al. (2000); POOL et al. (2000), LÓPEZ-ROMERO & CARABAÑO (2003) com a raça Holandesa e El FARO et al. (2008), trabalhando com bovinos da raça Caracu. Isto possivelmente indica que as ordens dos polinômios para modelar os efeitos de ambiente permanente devem ser superiores às ordens para o efeito genético aditivo.

O último autovalor da matriz dos coeficientes de regressão aleatória para efeito genético aditivo, obtido para os modelos Leg6.6.6 (Tabela 7) e Leg5.6.6 (não mostrados) e Leg4.6.6 (não mostrado) foram zero, indicando nenhuma contribuição da adição destes parâmetros para a variação total para esse efeito. Esse resultado sugere que um polinômio de terceira ordem é suficiente para modelar os efeitos genéticos aditivos para os dados do presente estudo. A magnitude dos autovalores dos coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético aditivo dos três modelos foi próxima, sendo que o primeiro autovalor representou mais de 75 % da variação total. Para os efeitos de ambiente permanente, a soma dos três primeiros autovalores obtidos para os três MRA foram também semelhantes representando 96% da variação total deste efeito.

Tabela 8. Estimativas de variância (diagonal), covariância (acima da diagonal) e correlações (abaixo da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória e autovalores (λ) da matriz dos coeficientes de regressão aleatória para os modelos Leg3.5.6, Leg3.6.6 e Leg6.6.6.

	α_0	α_1	α_2	α_3	α_4	α_5	α_0	α_1	α_2	α_3	α_4	α_5
Leg3.5.6												
	Genético aditivo						Ambiente permanente					
α_0	1,323	-0,228	-0,114				3,646	-0,172	-0,213	0,103	-0,047	
α_1	-0,298	0,441	-0,004				-0,143	0,398	0,003	-0,074	0,004	
α_2	-0,334	-0,022	0,087				-0,232	0,010	0,231	-0,001	-0,048	
α_3							0,179	-0,392	-0,006	0,091	-0,017	
α_4							-0,117	0,028	-0,470	-0,263	0,044	
λ	1,39	0,39	0,08				3,67	0,4	0,23	0,08	0,03	
Leg3.6.6												
	Genético aditivo						Ambiente permanente					
α_0	1,313	-0,232	-0,111				3,651	-0,190	-0,217	0,092	-0,053	0,033
α_1	-0,306	0,439	-0,004				-0,152	0,425	0,009	-0,059	0,009	-0,029
α_2	-0,3297	-0,019	0,087				-0,231	0,030	0,240	0,011	-0,052	-0,012
α_3							0,144	-0,270	0,072	0,112	-0,012	-0,030
α_4							-0,126	0,061	-0,478	-0,164	0,050	0,003
α_5							0,099	-0,249	-0,141	-0,503	0,081	0,032
λ	1,38	0,38	0,07				3,68	0,43	0,25	0,11	0,03	0,02
Leg6.6.6												
	Genético aditivo						Ambiente permanente					
α_0	1,469	-0,310	-0,120	0,070	-0,052	0,069	3,545	-0,121	-0,210	0,035	-0,020	-0,028
α_1	-0,384	0,444	0,006	-0,007	0,017	-0,008	-0,099	0,422	-0,002	-0,055	-0,005	-0,023
α_2	-0,336	0,031	0,087	-0,015	0,005	-0,011	-0,228	-0,006	0,238	0,021	-0,055	-0,003
α_3	0,748	-0,129	-0,638	0,006	-0,005	0,002	0,057	-0,259	0,133	0,106	-0,007	-0,030
α_4	-0,423	0,247	0,150	-0,644	0,010	-0,004	-0,052	-0,041	-0,554	-0,109	0,041	0,007
α_5	0,575	-0,121	-0,365	0,296	-0,347	0,010	-0,100	-0,235	-0,048	-0,627	0,219	0,022
λ	1,57	0,36	0,08	0,01	0,01	0	3,68	0,43	0,25	0,11	0,03	0,02

As autofunções estimadas para os autovetores da matriz dos coeficientes de regressão aleatória para efeito genético aditivo do modelo 3.6.6 são apresentadas na Figura 4. O mesmo padrão para todo o período foi observado pelo modelo 3.5.6. A

primeira autofunção foi positiva para todo período de lactação. OLORI et al. (1999); EL FARO et al. (2008) e ARAÚJO et al. (2003) também relataram que a primeira autofunção foi também positiva e constante durante toda lactação. Isso indica que os mesmos fatores genéticos atuam com igual intensidade para todo o período de lactação. O segundo componente foi negativo até o quinto mês e positivo nos meses posteriores. Esse contraste indica uma relação antagônica entre a produção de leite inicial e produção durante o restante da lactação, sendo então possivelmente o componente relacionado à persistência da lactação. A terceira autofunção foi positiva nos três primeiros meses e nos dois meses finais, e negativa nos meses intermediários da lactação, indicando efeitos contraditórios entre as fases de lactação. Entretanto, esta a autofunção representou uma pequena proporção da variação genética aditiva (4%).

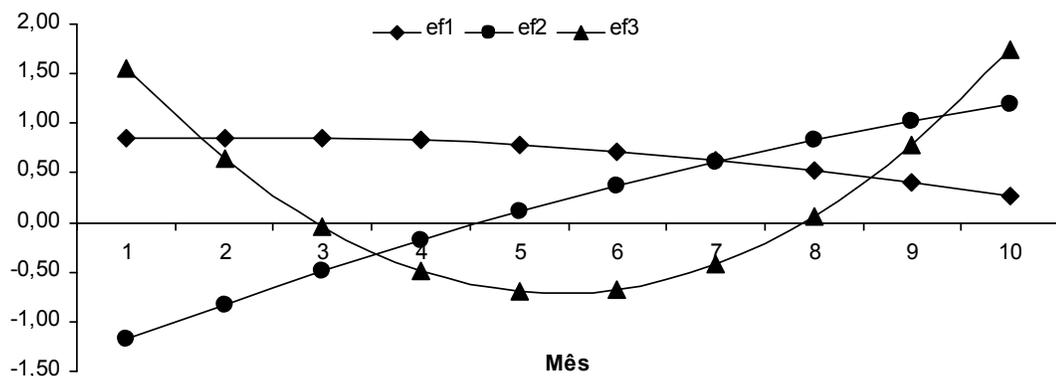


Figura 4. Autofunções estimadas para o primeiro (ef1), segundo (ef2) e terceiro (ef3) autovalores da matriz dos coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivo obtido com o modelo Leg6.6.6.

O presente estudo considerou apenas ajuste pelos polinômios ortogonais de Legendre, indicando, pelos critérios adotados o modelo com polinômio de terceira ordem para o efeito genético aditivo, de sexta ordem para o efeito de ambiente permanente e com seis classes de variâncias residuais. Sugeriu também que melhor adequação dos modelos aos dados da raça podem ser obtidos pelo aumento da

ordem do polinômio para os efeitos de ambiente permanente. Entretanto, foi verificado que um polinômio de quinta ordem para os efeitos de ambiente permanente não alterou as estimativas dos parâmetros genéticos. Desta forma, este modelo com polinômio de quinta ordem pode ser usado como alternativa de modelo parcimonioso e suficiente para ajuste dos dados.

CONCLUSÕES

Há necessidade de se considerar a heterogeneidade de variâncias residuais para ajuste da produção de leite no dia do controle na raça Guzerá. O modelo que considerou seis classes de variâncias residuais foi o que melhor descreveu o comportamento da trajetória para o efeito residual ao longo do tempo.

O modelo de regressão aleatória, utilizando um polinômio de Legendre de terceira ordem para o efeito genético aditivo e de sexta ordem para o efeito de ambiente permanente, foi o mais adequado para o ajuste dos dados do presente estudo. Entretanto, o modelo que utilizou um polinômio de Legendre de terceira ordem para o efeito genético e quinta ordem para o efeito de ambiente permanente poderia ser suficiente.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKAIKE, H. information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In. INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON INFORMATION THEORY, 2., 1973, Budapest. **Proceedings...**Budapest: Academiai Kiado, 1973, p.267-281.

ARAÚJO, C.V.; TORRES,R.B., COSTA, C.N.; TORRES FILHO, R.A; ARAÚJO, S.I.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J.; PEREIRA, C. S.; SARMENTO, J.L.R. Uso de modelos de regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.975-981, 2006.

BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; CARDOSO, V. L.; MACHADO, P. F.; ALBUQUERQUE, L. G. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v. 123, v.1, p. 1-7, 2009.

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

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

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

EL FARO, L.; Albuquerque, L.G. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle e produção acumulada até 305 dias, para as primeiras lactações de vacas da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.2, p.284-264, 2003.

EI FARO, L.; CARDOSO, V. L.; ALBUQUERQUE, L.G.. Variance component estimates applying random regression models for test-day milk yield in Caracu heifers (*Bos taurus Artiodactyla*, Bovidae). **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, n.3, p. 665-673, 2008.

FREITAS, M. S. **Utilização de modelos de regressão aleatória na avaliação genética de animais da raça Girolando**. 2003. 78f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2003.

HERRERA, L. G. G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H.; MACHADO, C. H.C. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 9, p. 1584-1594, 2008.

HUELSENBECK, J. P.; BULL, J.J.. A likelihood ratio test to detect conflicting phylogenetic signal. **Systematic Biology** . v.45 p. 92-98, 1996.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.4, p.762-770, 1997.

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

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, n.4, p.429-450, 1989.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.4, p.979-993, 1990.

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

MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v. 47, n.3, p. 185-200, 1997.

OLORI, V. E.; HILL W. G.; MCGUIRK, B. J.; BROTHERSTONE S. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**, v.61, n.1, p.53-63, 1999.

POOL, M. H.; MEUWISSEN, T.H.E.. Reduction of the number of parameters needed for a polynomial random regression test day model. **Livestock Science**, v. 64, p. 133-145, 1999.

SCHAWARZ, G. Estimating the dimension of the model. **Annals Statistics**, v.6, n.2, p. 461-464, 1978.

SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, Random regression models: a perspective. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.125, p.145-146, 2008.

STRABEL, T.; SZYDA, J.; PTAK E. e JAMROZICK, J. Comparison of random regression test-day models for production traits of dairy cattle in Poland. **Interbull bull**, v.31, p.197-200, 1999.

TAKMA, C.; AKABAS Y.. Heterogeneity of residual variances of test day milk yields estimated by random regression model in Turkish Holsteins. **Journal of Animal and Veterinary Advances**. v.8, n.4, p. 782-787, 2009.

VAN DER WERF, J.H.J.; SCHAEFFER, L.R. **Random regression in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1997. 58 p. (Course Notes).

VAN DER WERF, J.H.J.; GODDARD, M.E; MEYER K. The Use of Covariance Functions and Random Regressions for Genetic Evaluation of Milk Production Based on Test Day Records. **Journal of Dairy Science**, v.81, p.3300-3308, 1998.

VEERKAMP , R. F.; THOMPSON R. A Covariance Function for feed Intake, live weight, and milk yield estimated using a Random Regression Model. **Journal of Dairy Science**, v.82, p.1565-1573, 1999.

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

CAPÍTULO 5 – MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EMPREGANDO FUNÇÕES *B-SPLINES* PARA O AJUSTE DA PRODUÇÃO DE LEITE DE VACAS DA RAÇA GUZERÁ

RESUMO – Considerando a importância dos zebuínos na pecuária leiteira tropical o objetivo do presente estudo foi comparar modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle (PLDC), ajustados por funções *B-splines*. Para tanto, foram utilizados 20.524 registros de PLDC de 2.816 primeiras lactações de vacas da raça Guzerá. As PLDC foram agrupadas em 10 classes mensais e analisadas por meio de modelo de regressão aleatória (MRA). Os efeitos aleatórios incluídos nos MRA foram o genético-aditivo, de ambiente permanente e o residual e como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos (GC), a covariável idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático) e a curva média de lactação da população, sendo esta ajustada por meio de um polinômio de Legendre de quarta ordem (PL4) ou por meio da função de Ali & Schaeffer (AS). Os efeitos genético-aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de funções *B-splines*. As variâncias residuais foram modeladas considerando-se seis classes heterogêneas. O melhor ajuste da curva média foi obtido com a utilização da função de Ali & Schaeffer. Pelos critérios estatísticos adotados, o melhor modelo foi o que empregou funções *B-splines* cúbicas com número de coeficientes de regressão aleatória igual a cinco tanto para o efeito genético aditivo como de ambiente permanente, e dois segmentos. Entretanto, entre os modelos que tiveram a curva média ajustada por um polinômio de Legendre de quarta ordem, o MRA empregando funções *B-splines* quadrática com número de coeficientes de regressão aleatória igual a cinco, também poderia ser adotado, uma vez que estimativas dos parâmetros genético foram semelhantes às obtidas com o modelo de ordem cúbica.

Palavras-chaves: função paramétrica, regressão aleatória, parâmetros genéticos, produção de leite no dia do controle.

INTRODUÇÃO

Tradicionalmente, a produção acumulada em 305 dias tem sido usada como critério em avaliação genética para seleção de animais em rebanhos leiteiros. Para obtenção da produção acumulada em 305 dias, é feita a somatória das aproximações das produções diárias, calculada a partir de medidas realizada normalmente uma vez por mês. Já para lactações em andamento são utilizados fatores de extensão. Problemas pelo viés das aproximações e da extensão da lactação podem ser resolvidos pelo uso dos modelos baseados no dia controle, do inglês *test-day model* (TDM), que também fornecem uma melhor discriminação dos efeitos ambientais que atuam nos diferentes controles (EI FARO & ALBUQUERQUE, 2005). Esses modelos permitem estimar com maior acurácia os fatores ambientais que agem sobre a produção de leite em períodos parciais da lactação; incluir, nas avaliações genéticas, animais com lactação em andamento, sem utilizar fatores de ajustamento; incluir nas avaliações os animais que tiveram perda de controles em períodos intermediários da lactação; utilizar dados reais e não estimados nas avaliações e aumentar o número de informação, e principalmente a acurácia de animais jovens (EI FARO & ALBUQUERQUE, 2005).

Dentre os TDM estão os modelos de regressão aleatória (MRA), que apresentam a vantagem de considerar a forma da curva, analisar os diferentes controles por meio de uma estrutura unicaracterística, fornecer a curva de lactação genética de cada animal, além de permitir a seleção animais mais persistentes (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997). Usualmente para produção de leite, são utilizadas funções paramétricas e polinômios ortogonais de Legendre (OLORI et al., 1999; REKAYA et al., 1999; VEERKAMP et al., 1999; BROTHERSTONE et al., 2000; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; COBUCI et al., 2004; ARAUJO et al.,

2006; COSTA et al., 2008; BIGNARDI et al., 2009). Entretanto, os polinômios ortogonais de Legendre apresentam problemas de consistência das estimativas de variância e covariância para os períodos extremos da curva. Ultimamente, as funções *spline* têm surgido como funções alternativas aos polinômios ortogonais para modelagem de algumas funções biológicas. As funções *spline* podem ser modeladas por diferentes bases. Dependendo da escolha, elas podem proporcionar redução da multicolinearidade, possuir interpretação biológica simples e ser de fácil estimação. As funções *spline* têm sido utilizadas em modelos de regressão aleatória para ajustar a curva de lactação de vacas leiteiras (WHITE et al., 1999).

Um tipo particular de *splines*, chamado de *B-spline*, é preferido a outros tipos de *spline*, devido suas ótimas propriedades numéricas (RUPERT et al., 2003). As funções *B-splines* são adequadas para modelar efeitos aleatórios em análises de modelos mistos, sendo eficientes na estimação de funções de covariância (RICE & WU, 2005).

Os *splines*, por ajustar os segmentos de uma curva com diferentes graus de uma função, permitem uma boa descrição desta curva, sendo então esta função, indicada também para formas de curvas atípicas, como é o caso de vacas zebuínas que apresentam curva de lactação característica, com curta duração de lactação. O objetivo do presente estudo foi aplicar funções *B-spline* em modelos de regressão aleatória para ajuste da produção de leite de primeiras lactações de vacas Guzerá, visando obter melhor modelagem e interpretação biológicas dos efeitos considerados.

MATERIAL E MÉTODOS

A base de dados utilizadas nas análises constituiu de 20.524 registros de controles da primeira lactação de 2.816 vacas da raça Guzerá, com partos registrados entre 1987 a 2009 e idades entre 23 a 65 meses. A genealogia utilizada foi constituída por 10753 animais. Os dados são provenientes do Programa Nacional

de Melhoramento do Guzerá para Leite, coordenado pela Embrapa Gado de Leite em parceria com o Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá e a ABCZ.

Foram consideradas as produções entre o 6º e o 305º dias de lactação, sendo que vacas com duração da lactação superior a 305 dias tiveram sua lactação truncada neste dia. A produção de leite no dia de controle foi dividida em classes mensais, totalizando 10. Foi estabelecido que seriam incluídas as lactações de vacas que tivessem, no mínimo, quatro controles.

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados por fazenda, ano e época de controle, sendo esta, abril-setembro (época seca) e outubro-março (época chuvosa), possuindo no mínimo três animais em cada grupo. A descrição dos dados se encontra na Tabela 1. Na Figura 1 se encontram o número de observações e a média da produção de leite em cada controle, utilizado nas análises.

Tabela 1. Sumário da estrutura dos dados de produção de leite no dia do controle de vacas da raça Guzerá.

Informação	Estatística
Número de controles	20524
Número de animais com controles	2816
Número de touros	371
Número de rebanhos	28
Número de grupo contemporâneo	401

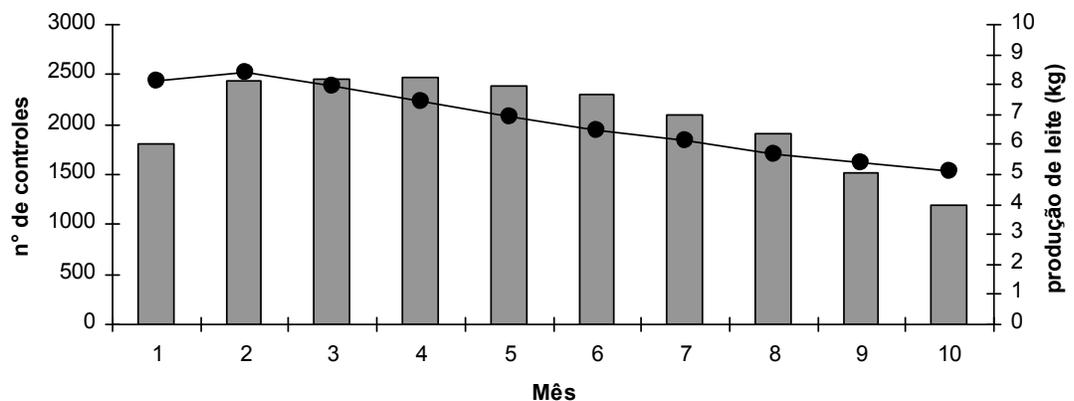


Figura 1. Número de observações (barra) e produção de leite (linha) no dia do controle de vacas da raça Guzerá.

As análises de regressão aleatória foram realizadas por meio de um modelo uni-característica de regressão aleatória. O modelo incluiu como efeitos aleatórios, o genético aditivo direto, de ambiente permanente e o residual. Os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de funções *B-splines* (linear, quadrático e cúbico), com nós equidistantes. O grupo de contemporâneos, os efeitos linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população, modelada por meio de um polinômio ortogonal de quarta ordem ou por meio da função de Ali & Schaeffer, foram considerados como efeito fixo. A estrutura de variância residuais foi considerada heterogênea, contendo seis classes de variâncias, sendo que os meses de lactação foram agrupados da seguinte forma: 1,2,3-5,6-7,8,9-10, para os modelos em que curva fixa era modelada por um polinômio de quarta ordem (PL4) e 1,2,3-5,6-7,8-9,10 para os que tiveram a curva média ajustadas pela função de Ali & Schaeffer (AS). Os componentes de variância foram estimados pelo Método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o programa Wombat (MEYER, 2006).

A função “*B-spline*” pode ser definida recursivamente (MEYER, 2005). Funções bases de grau $p=0$ tendo valores um para todos os pontos em um dado intervalo, e zero caso contrário.

Para o k -ésimo intervalo dado por nós T_k e $T_k < T_{k+1}$,

$$B_{k,0}(t) = \begin{cases} 1 & \text{se } T_k \leq t < T_{k+1}, \\ 0 & \text{caso contrário} \end{cases}$$

Funções bases de alto grau, $B_{k,p}$ para $p > 0$, podem ser representadas por:

$$B_{k,p}(t) = \frac{t - T_k}{T_{k+p} - T_k} B_{k,p}^1(t) + \frac{T_{k+p+1} - t}{T_{k+p+1} - T_{k+1}} B_{k+1,p}^1(t)$$

Foram considerados polinômios de ordens linear (L), quadrática (Q) e cúbica (C) para cada segmento individual, com funções base, respectivamente, de graus

$p=1, 2$ e 3 . Polinômios de mesmo grau foram considerados no modelo para todos os efeitos aleatórios.

O modelo de regressão aleatória utilizado pode ser representado matricialmente como:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

em que: y = vetor das N observações, medidas em N_a animais; b = vetor de efeitos fixos que inclui as soluções para grupo contemporâneo e para a covariável idade da vaca ao parto (regressão linear e quadrática); a = vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivos; ap = vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios de ambiente permanente; e = vetor dos N diferentes resíduos; X, Z, W =matrizes de incidência para os efeitos fixos, aleatórios genético-diretos e de ambiente permanente, respectivamente.

As pressuposições em relação aos componentes do modelo são:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ ap \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e} \quad \begin{aligned} V(a) &= K_A \otimes A; \\ V(ap) &= K_{AP} \otimes I_{Nd}; \\ V(e) &= R, \end{aligned}$$

Em que:

K_A e K_{AP} são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético-aditivos e de ambiente permanente, respectivamente;

A é a matriz de parentesco entre os indivíduos;

I_{Nd} é uma matriz identidade;

R representa uma matriz contendo as variâncias residuais.

A comparação entre os modelos foi feita pelos critérios de informação de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1973), o de informação bayesiano Schwarz (BIC)

(WOLFINGER, 1993) e por meio das estimativas das variâncias residuais (JAMROZICK & SCHAEFFER, 2002).

A estimativa da variância residual (VRP) é dada como:

$$VRP = \frac{1}{TS} \sum_{l=1}^f \hat{\sigma}_{el}^2 NS_l$$

em que TS=número total de meses em lactação (10), $\hat{\sigma}_{el}^2$ = variância residual estimada para l^{ésima} classe; f= número de resíduos para cada modelo (6 classes); NS_l = número de meses existentes na l^{ésima} classe.

A citação dos MRA seguem o padrão BSXk:

em que X = L, Q, e C são os graus do segmento polinomial (linear, quadrático e cúbico, respectivamente), k especifica o número de coeficiente de regressão aleatória tanto para o efeito genético aditivo como para o efeito de ambiente permanente.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo das análises com o logaritmo da função de verossimilhança (log L) e os critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano (BIC) é apresentado na Tabela 2. Foram ajustados modelos “*B-spline*”, com segmentos lineares, quadráticos e cúbicos, considerando sempre a mesma ordem para os efeitos aleatórios, genético aditivo e de ambiente permanente. O número de parâmetros variou de 18 a 48 parâmetros.

Tabela 2. Número de parâmetros (p), posição dos nós (pn) nos meses, número de segmentos (ns), logaritmo da função de verossimilhança (log L), critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) e estimativas das variâncias residuais (VRP) para os modelos ajustados pelas funções *B-splines*.

Modelo*	p	pn	ns	log L	AIC	BIC	VRP
<i>B-spline com a curva média ajusta por PL4</i>							
BSL3.3	18	1, 5, 10	2	-16105,417	32246,834	32389,202	0,94821
BSL4.4	26	1,4,7,10	3	-16006,095	32064,190	32269,832	0,86674
BSL5.5	36	1,3,5,8,10	4	-15992,261	32056,522	32341,256	0,81501
BSL6.6	48	1,3,5,6,8,10	5	-15904,783	31905,566	32285,212	0,79544
BSQ4.4	26	1,5,10	2	-15989,802	32031,604	32237,246	0,84008
BSQ5.5	36	1,4,7,10	3	-15931,206	31934,412	32219,148	0,78308
BSQ6.6	48	1,3,5,8,10	4	-15885,287	31866,574	32246,220	0,83489
BSC5.5	36	1,5,10	2	-15932,128	31936,256	32220,990	0,79841
BSC6.6	48	1,4,7,10	3	-15878,514	31853,028	32232,674	0,74980
<i>B-spline com a curva média ajusta pela função de AS</i>							
BSL4.4	26	1,4,7,10	3	-15961,532	31975,06	32180,706	0,86410
BSL5.5	36	1,3,5,8,10	4	-15894,405	31860,81	32145,546	0,78951
BSL6.6	48	1,3,5,6,8,10	5	-15852,787	31801,57	32181,222	0,75508
BSQ4.4	26	1,5,10	2	-15933,487	31918,97	32124,616	0,81435
BSQ5.5	36	1,4,7,10	3	-15866,736	31805,47	32090,208	0,72138
BSQ6.6	48	1,3,5,8,10	4	-15839,797	31775,59	32155,242	0,70107
BSC5.5	36	1,5,10	2	-15862,364	31796,73	32081,464	0,70033
BSC6.6	48	1,4,7,10	3	-15842,399	31780,8	32160,446	0,70243

Valores em negrito indicam os menores valores dentro de cada grupo.

Comparando os MRA ajustados para mesma ordem da função *B-spline* foi observado que os valores do logL melhoraram à medida que o número de segmentos aumentou (Tabela 1). Foi também observado que o aumento da ordem da função influenciou no aumento do log L, mas não influenciou muito os valores obtidos pelos critérios estatísticos adotados. Esse resultado pode ser atribuído ao pequeno número de classes de produção utilizada nas análises, que limita o tamanho dos segmentos, podendo estes segmentos então ser modelados por funções mais simples.

Também foi verificado que os modelos que tiveram a curva média ajustada pela função de AS foram superiores, em todos os critérios adotados, aos modelos que tiveram a curva média ajustada por um polinômio de Legendre de quarta ordem, quando se comparou modelos de mesmo número de parâmetros e segmentos. A

função de AS, por possuir um parâmetro a mais que o polinômio de quarta ordem, descreve melhor a curva de lactação média da raça além do fato de ser uma função própria (paramétrica) para ajuste de curva de lactação. Como o formato dos segmentos modelados pelos polinômios se dá pelo desvio da forma da curva ajustada, a imposição de uma curva mais rígida em relação ao formato, proporcionou o melhor ajuste pela função *B-spline*.

Os critérios AIC, BIC e VRP indicaram modelos diferentes, como os melhores, quando se ajustou a curva média por um polinômio de Legendre de quarta ordem e pela função AS. Dentre os modelos com a curva média ajustada por PL4 o modelo o modelo BSC6.6 obteve menor valor de AIC e para VRP e o modelo BSQ5.5 obteve menor valor de BIC. Já para os modelos que tiveram a curva média ajustada pela função AS o modelo BSQ6.6 obteve o melhor valor para AIC e o modelo BSC5.5 os melhores valores para BIC e VRP. O BIC, entretanto, indicou modelos com mesmo número de parâmetros, seja para a função AS ou para PL4, ou seja, com 36 parâmetros.

O modelo BSC5.5 pelos critérios adotados, é considerado o melhor entre os modelos avaliados. Apesar de todos os modelos que tiveram a curva média ajustado por PL4 serem considerados inferiores, o modelo BSQ5.5 foi considerado para comparação com o modelo BSC5.5 nas análises dos parâmetros por ter obtido o melhor valor para o BIC entre os modelos que tiveram a curva média ajustada por PL4 e possuir o mesmo número de parâmetros que o modelo BSC5.5, embora tenha um número maior de segmentos.

A Figura 2 apresenta a curvas médias observada e estimadas pelas funções AS e por PL4 para os modelos BSC5.5 e BSQ5.5, respectivamente. O período de pico ocorreu entre o primeiro e o segundo mês, concordando com os resultados relatados por COBUCI et al. (2000), estudando curvas de lactações de vacas da raça Guzerá.

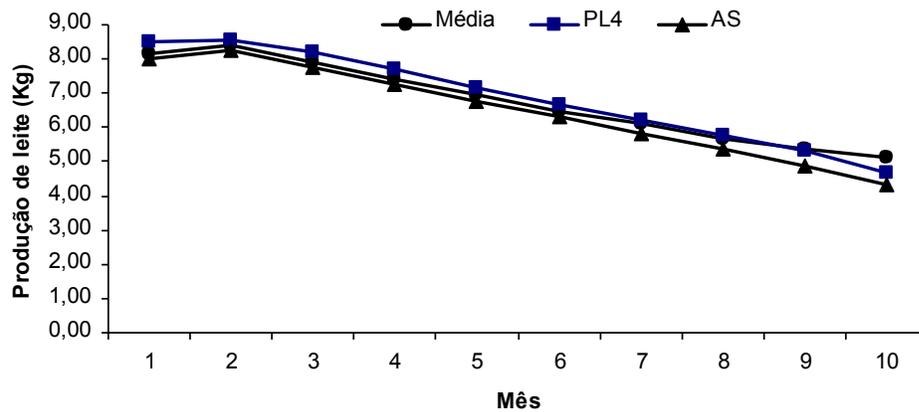


Figura 2. Representação da curva média de produção de leite observada e das curvas estimadas (curva fixa) por um polinômio de Legendre de quarta ordem (PL4) e pela função de Ali & Schaeffer (AS).

Apesar da PL4 ter proporcionado o melhor ajuste da curva média para o último mês da lactação, o modelo BSC5.5 com 2 segmentos e com curva média ajustado pela função AS, obteve o menor valor para variância residual para esse período (Figura 3). Considerando que a raça possui duração da lactação relativamente curta e que por isso nem todas as vacas atingem a produção no último mês, o modelo BSC5.5 foi o que melhor ajustou aos dados para esse período.

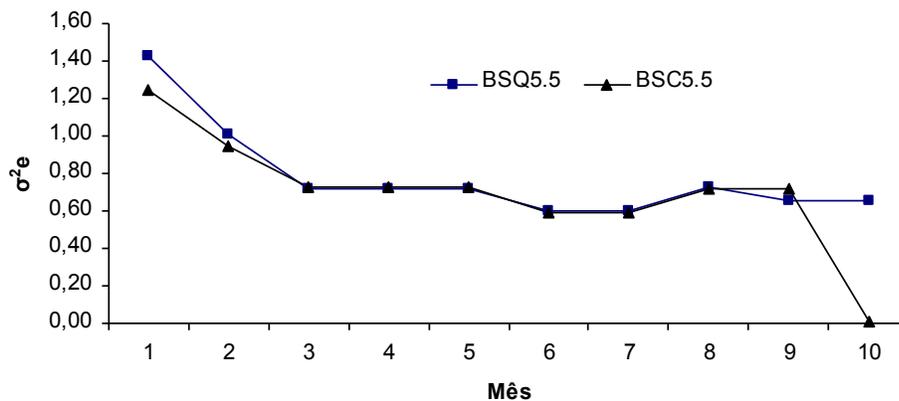


Figura 3. Estimativas das variâncias residuais obtidas com os modelos BSQ5.5 e BSC5.5.

As variâncias fenotípicas, genéticas e de ambiente permanente dos dois modelos são apresentadas na Figura 4. As variâncias fenotípicas estimadas pelos dois modelos foram semelhantes e tenderam a ser mais altas nos meses iniciais, com

um leve aumento no último mês. A diminuição da variância fenotípica é dada pela diminuição da produção ao longo da lactação e o aumento no último mês, ocorreu possivelmente devido à baixa duração da lactação da raça, já que as vacas apresentaram maiores variação para a produção neste último mês.

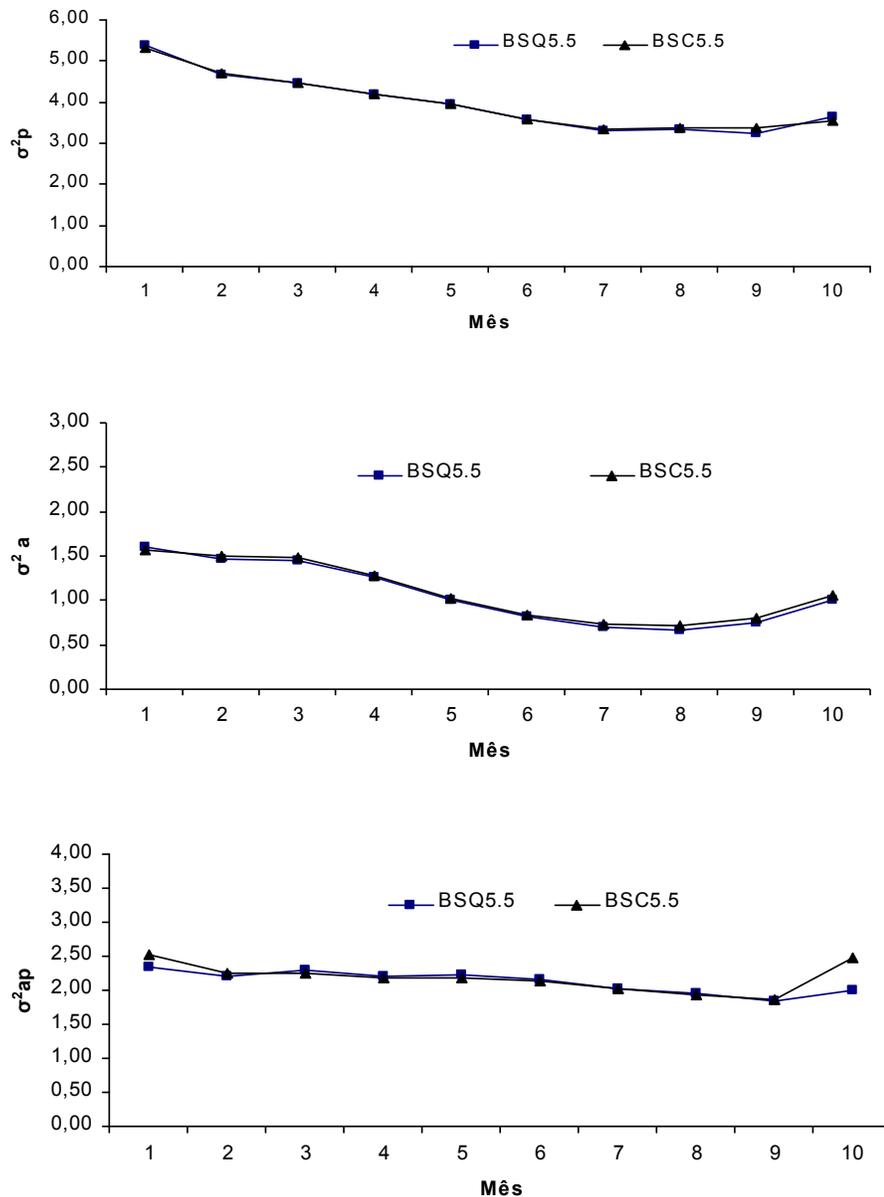


Figura 4. Estimativas das variâncias fenotípicas (σ^2_p), genéticas (σ^2_a) e de ambiente permanente (σ^2_{ap}), para as produções de leite no dia do controle de vacas Guzerá, obtidas com os modelos BSQ5.5 e BSC5.5.

As variâncias genéticas aditivas (Figura 4) obtidas com os dois modelos foram altas nos três primeiros meses e tenderam a diminuir até o sétimo, aumentando levemente no décimo mês. As maiores variabilidades genéticas foram encontradas nos primeiros quatro meses de lactação. Em relação à variância de ambiente permanente, os modelos apresentaram estimativas semelhantes, divergindo apenas no último mês.

As estimativas de herdabilidade obtidas pelos dois modelos foram bastante próximas e tiveram a mesma tendência para os dois modelos. Os valores das estimativas tenderam a aumentar até o terceiro mês (0,33) e diminuíram até o oitavo mês (0,20), seguido de um aumento até o final da lactação. Autores trabalhando com polinômios de Legendre como KETTUNEN et al. (2000), EL FARO & ALBUQUERQUE (2003), e BIGNARDI et al. (2009) também relataram a tendência das estimativas serem maiores nos extremos da lactação. Magnitude semelhante das herdabilidades foi encontrada por HERRERA et al. (2008) e PEREIRA et al. (2009) utilizando as funções de Wilmink e Ali & Schaeffer em dados da raça Gir leiteiro e por BIGNARDI et al. (2009) e OLORI et al. (1999), utilizando polinômios de Legendre em dados da raça Holandesa. Entretanto BOHMANOVA et al. (2008), trabalhando com funções *splines* lineares, encontraram valores mais altos que os estimados neste trabalho porém com vacas Holandesas e SILVESTRE et al. (2005), encontraram valores menores com *splines* cúbicos.

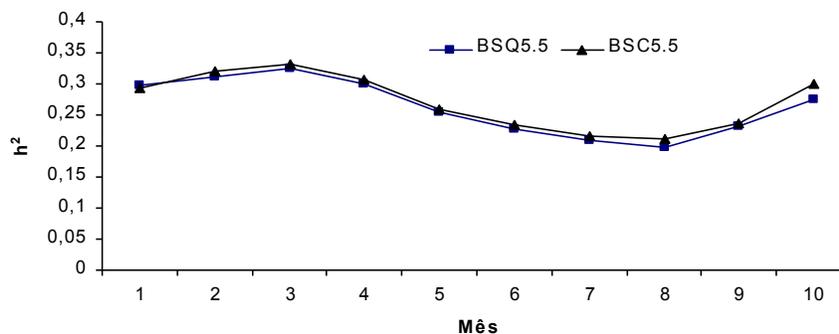


Figura 5. Estimativas de herdabilidade para produção de leite mensais, de acordo com os modelos BSQ5.5 e BSC5.5.

As estimativas das correlações fenotípicas obtidas pelos dois modelos foram próximas e tenderam a ser mais altas entre os controles adjacentes, variando, de 0,25 a 0,81 (Tabela 3).

As correlações genéticas também foram altas e próximas a unidade entre os períodos adjacentes, principalmente nos períodos intermediários (Tabela 3). Tendências semelhança foram relatadas por OLORI et al. (1999), COBUCI et al. (2005), BIGNARDI et al. (2009) para raça Holandesa, e por KETTUNEN *et al.* (2000) para a raça Ayrshire, PEREIRA et al. (2009) para raça Gir utilizando funções paramétricas e polinômios de Legendre para ajuste dos MRA. Foram observadas estimativas de correlações negativas, próximas a zero, entre o primeiro e o último mês para os dois modelos. Estas correlações negativas podem ser atribuídas à dificuldade de modelagem das produções de leite no início e no final da lactação, possivelmente por esses períodos possuir menor número de informações, e também pela curta duração da lactação e baixa persistência inerentes da raça. Correlações negativas também foram obtidas com modelos de Regressão aleatória empregando diferentes funções, por JAMROZICK & SHAEFFER (1997); COSTA et al. (2008), BIGNARDI et al. (2009) na raça Holandesa; por EL FARO et al. (2008), na raça Caracu e por PEREIRA et al. (2009), na raça Gir Leiteiro.

Tabela 3. Estimativas de correlações fenotípicas entre a produção de leite no mês de controle para os modelos BSQ5.5 (abaixo da diagonal) e BSC5.5 (acima da diagonal).

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,69	0,61	0,54	0,49	0,44	0,40	0,35	0,30	0,25
2	0,69	-	0,79	0,73	0,64	0,58	0,53	0,48	0,42	0,33
3	0,62	0,78	-	0,81	0,74	0,68	0,63	0,55	0,48	0,39
4	0,55	0,73	0,81	-	0,80	0,76	0,70	0,61	0,52	0,43
5	0,49	0,64	0,74	0,80	-	0,81	0,75	0,65	0,55	0,46
6	0,44	0,58	0,68	0,76	0,81	-	0,81	0,72	0,61	0,50
7	0,40	0,53	0,63	0,70	0,75	0,80	-	0,78	0,69	0,55
8	0,35	0,47	0,55	0,60	0,64	0,71	0,77	-	0,75	0,62
9	0,31	0,42	0,49	0,52	0,56	0,62	0,71	0,76	-	0,77
10	0,25	0,34	0,39	0,42	0,44	0,49	0,56	0,63	0,74	-

Tabela 4. Estimativas de correlações genéticas entre a produção de leite no mês de controle para os modelos BSQ5.5 (abaixo da diagonal) e BSC5.5 (acima da diagonal).

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,89	0,75	0,63	0,52	0,40	0,28	0,16	0,05	-0,04
2	0,91	-	0,96	0,90	0,81	0,71	0,61	0,48	0,31	0,11
3	0,76	0,96	-	0,98	0,93	0,86	0,77	0,64	0,45	0,21
4	0,65	0,90	0,98	-	0,98	0,94	0,87	0,74	0,55	0,31
5	0,54	0,81	0,93	0,98	-	0,98	0,93	0,82	0,64	0,42
6	0,42	0,71	0,86	0,94	0,98	-	0,98	0,89	0,74	0,55
7	0,29	0,61	0,77	0,86	0,93	0,98	-	0,97	0,86	0,70
8	0,17	0,46	0,63	0,73	0,80	0,88	0,96	-	0,96	0,84
9	0,05	0,28	0,43	0,52	0,61	0,72	0,85	0,96	-	0,95
10	-0,03	0,11	0,22	0,30	0,40	0,53	0,69	0,85	0,96	-

As correlações de ambiente permanente estimadas pelos modelos apresentaram pequenas diferenças entre os MRA, tendendo o modelo BSQ5.5 a apresentar estimativas mais altas (Tabela 5). De modo geral, as estimativas de correlação de ambiente permanente obtidas pelos MRA foram de média a alta magnitude. As estimativas das correlações de ambiente permanente tiveram mesma tendência que foi observada para as estimativas de correlação genética, onde as estimativas de correlação para produção de leite entre os controles adjacentes foram altas e próximas à unidade, e foram diminuindo à medida que o intervalo entre os controles aumentou.

Tabela 5. Estimativas de correlações de ambiente permanente entre a produção de leite no mês de controle para os modelos BSQ5.5 (abaixo da diagonal) e BSC5.5 (acima da diagonal).

Mês	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	0,89	0,77	0,72	0,67	0,64	0,62	0,59	0,56	0,46
2	0,91	-	0,97	0,90	0,79	0,72	0,69	0,67	0,65	0,52
3	0,80	0,97	-	0,97	0,88	0,80	0,76	0,71	0,67	0,54
4	0,75	0,91	0,97	-	0,97	0,91	0,85	0,77	0,69	0,55
5	0,69	0,80	0,87	0,96	-	0,98	0,92	0,81	0,71	0,55
6	0,65	0,73	0,80	0,91	0,98	-	0,97	0,88	0,76	0,54
7	0,63	0,70	0,76	0,85	0,92	0,97	-	0,97	0,86	0,57
8	0,61	0,68	0,71	0,77	0,81	0,87	0,96	-	0,95	0,65
9	0,59	0,66	0,68	0,71	0,72	0,78	0,88	0,96	-	0,84
10	0,52	0,60	0,62	0,61	0,60	0,61	0,68	0,76	0,90	-

Comparando as estimativas dos parâmetros obtidos com os modelos BSQ5.5 e BSC5.5, com o mesmo número de parâmetros, mas com as curvas médias

ajustadas por funções diferentes, e os efeitos genéticos aditivos e de ambiente permanente ajustados por diferentes ordens (quadrática e cúbica, respectivamente) e número de segmentos (três e dois, respectivamente), foi possível observar que os modelos, praticamente, não apresentaram diferenças, embora os critérios indiquem que o modelo BSC5.5 foi superior.

CONCLUSÕES

A função de Ali & Schaeffer é a mais indicada para ajustar a curva média de lactação de vacas da raça Guzerá para os desvios aleatórios modelados pelas funções *B-splines*.

O modelo empregando funções *B-spline* cúbica com número de coeficiente de regressão aleatória igual cinco tanto para o efeito genético aditivo como para o de ambiente permanente foi o mais adequado de acordo com os critérios de comparação. Entretanto o modelo empregando *B-spline* quadrática com o mesmo número de parâmetros poderia também ser utilizado para avaliações genéticas da raça.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKAIKE, H. information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In. INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON INFORMATION THEORY, 2., 1973, Budapest. **Proceedings...**Budapest: Academiai Kiado, 1973, p.267-281.

ARAÚJO, C.V.; TORRES,R.B., COSTA, C.N.; TORRES FILHO, R.A; ARAÚJO, S.I.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J.; PEREIRA, C. S.; SARMENTO, J.L.R. Uso de modelos de regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.975-981, 2006.

BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; CARDOSO, V. L.; MACHADO, P. F.; ALBUQUERQUE, L. G. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v. 123, n.1, p. 1-7, 2009.

BOHMANOVA, J.; MIGLIOR, F.; JAMROZIK, J.; MISZTAL, I.; SULLIVAN, P. G., Comparison of Random Regression Models with Legendre Polynomials and Linear Splines for Production Traits and Somatic Cell Score of Canadian Holstein Cows. **Dairy Science**, v. 91 p.3627–3638, 2008.

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

COBUCI, J.A.; EUCLYDES, R.F., VERNEQUE, R.S; TEODORO, R. L.; LOPES, P.L.; SILVA, M.A. Curva de lactação na raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.5, p.1332-1339, 2000.

COBUCI, J. A.; EUCLYDES, R. F.; COSTA, C. N.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; PEREIRA, C. S. Análises da persistência na lactação de vacas da raça Holandesa, usando produção no dia do controle e modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p. 546-554, 2004.

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

COSTA, C. N.; MELO, C. M. R.; PACKER, I. U.; FREITAS, A. F.; TEIXEIRA, N. M.; COBUCI, J. A. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.4, p.602-608, 2008.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para a produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Predição de valores genéticos para a produção de leite no dia do controle e para a produção Acumulada até 305 Dias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.496-507, 2005.

HERRERA, L. G. G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H.; MACHADO, C. H.C. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 9, p. 1584-1594, 2008.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762-770, 1997.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. Bayesian comparison of random regression models for test-day yields in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002., Montpellier, France. **Proceedings...** Montpellier, France, 2002. 1 CD-ROM.

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

MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evaluation** v.37, p.473-500, 2005.

MEYER, K. **WOMBAT – A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood**: user notes. Armidale: Animal Genetics and Breeding Unit, 2006.

OLORI, V. E.; HILL W. G.; MCGUIRK, B. J.; BROTHERSTONE S. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**, v.61, n.1, p.53–63, 1999.

PEREIRA, R. J. ; SANTANA JÚNIOR, M. L. ; LOPES, P. S. ; VERNEQUE, R. S. ; LAGROTTA, M. R. ; TORRES, R. A. ; PEIXOTO, M. G. C. D. . Avaliação de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir Leiteiro. In: **46ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, 2009, Maringá. **Anais...** Maringá: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2009.

REKAYA, R.; CARABANO, M.J.; TORO, M.A. Random regression in animal models for test-day production in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 1999, Guelph. **Proceedings...** Guelph, 1999. p.443-446.

RICE , J.A., WU C.O., Nonparametric mixed effects models for unequally sampled noisy curves. **Biometrics**, v. 57, p.253-259, 2001.

RUPPERT D., WAND M.P., CARROL R.J., **Semiparametric Regression**, Cambridge University Press, New York, 2003.

- SCHAWARZ, G. Estimating the dimension of the model. **Annals Statistics**, v.6, n.2, p. 461-464, 1978.
- VEERKAMP, R.F.; THOMPSON, R. A covariance function for feed intake, live weight, and milk yield estimated using a random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.82, p.1565-1573, 1999.
- WHITE I.M.S., THOMPSON R., BROTHERSTONE S. Genetic and environmental smoothing of lactation curves with cubic spline. **Dairy Science**, v. 82 p.632–638, 1999.
- WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models. **Communications in Statistics**, v.22, n.4, p.1079-1106, 1993.

CAPÍTULO 6 – COMPARAÇÃO ENTRE DIFERENTES FUNÇÕES PARA MODELAR CURVA DE LACTAÇÃO DE VACAS DA RAÇA GUZERÁ EMPREGANDO METODOLOGIA DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

RESUMO – Tendo em vista que a raça Guzerá é uma das principais raças zebuínas para produção de leite, o objetivo do presente estudo foi comparar modelos de regressão aleatória empregando diferentes funções para o ajuste de 2.816 primeiras lactações de vacas da raça Guzerá. As produções de leite no dia do controle (PLDC) foram agrupadas em 10 classes mensais e analisadas por meio de modelo de regressão aleatória (MRA), cujos efeitos aleatórios foram o genético aditivo, de ambiente permanente e o residual e como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos (GC), a covariável idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático) e a curva média de lactação da população. Os efeitos genéticos aditivo e de ambiente permanente foram modeladas por meio de regressão aleatória empregando as funções de Wilmink, Ali & Schaeffer, polinômios de Legendre e B-spline cúbica. As variâncias residuais foram consideradas em classes heterogêneas, agrupadas de formas diferentes de acordo com modelo utilizado. Pelos critérios estatísticos adotados o melhor modelo foi o que empregou B-spline cúbica com número de coeficientes de regressão aleatória igual a cinco, tanto para o efeito genético aditivo como de ambiente permanente. Entretanto, o modelo empregando a função de Ali & Schaeffer e o modelo empregando polinômios de Legendre de terceira ordem para efeito genético aditivo e de sexta ordem para efeito de ambiente permanente também poderiam ser adotados, uma vez que foi observada pouca variação nos parâmetros genéticos estimados em relação ao modelo ajustado pela função B-spline. O modelo empregando polinômio de Legendre se mostrou a melhor opção entre os modelos de regressão aleatória para avaliação genética da raça. Os resultados sugerem semelhança entre os modelos de regressão aleatória na classificação dos animais para diferentes critérios de seleção. Em relação à produção acumulada em 305 dias pelo modelo padrão e pelos modelos de regressão aleatória, os resultados indicaram

divergência na classificação dos animais. Foi verificado um aumento de 3,6% dos valores de acurácia para os valores genéticos estimados com o modelo de regressão aleatória. A somatória dos valores genéticos preditos para todo o período de lactação usando modelos de regressão aleatória (MRA305) poderia ser utilizada como critério de seleção para produção acumulada até os 305 dias

Palavras-chaves: funções de covariância, curva de lactação, função paramétricas, polinômios de Legendre, função B-spline.

INTRODUÇÃO

Para avaliação genética de animais para produção de leite têm sido utilizadas diferentes metodologias. Modelos de repetibilidade são empregados quando a avaliação consiste na produção de leite em um determinado período (normalmente em 305 dias). Já quando se considera o dia de controle, modelos de dimensão finita, seja sobre abordagem de uni ou multicaracterísticas são utilizados, bem como os de dimensão infinita. Estes últimos modelos são conhecidos como modelos de regressão aleatória (MRA), cuja utilização está relacionada a medidas repetidas, também chamadas de dados longitudinais, sendo a avaliação genética da produção de leite no dia de controle sua principal aplicação (SCHAEFFER, 2004).

O ajuste das curvas de lactação aleatória de cada indivíduo promovido pelos MRA se dá pelo desvio da curva média da população. Os MRA predizem então, os valores genéticos em função do tempo, em termos de coeficientes de regressão, diferenciando dos demais modelos que só predizem valores genéticos, para um determinado período ou ponto.

A função de covariância, conceituada inicialmente por KIRKPATRICK e HECKMAN (1989), pode ser obtida a partir da matriz de (co) variância dos coeficientes de regressão predito pelos MRA, segundo MEYER (1999). Essa função

permite descrever mudanças nas covariâncias ocorridas no tempo e prever variâncias e covariâncias para pontos da curva com poucas ou nenhuma informação (SCHAEFFER, 1998).

Os MRA permitem considerar estrutura heterogênea como também de função de variância dos resíduos. Os modelos que consideram diferentes variâncias residuais ajustam melhores os dados que os modelos que só consideram uma só variância residual, uma vez que estes predispõem a superestimação da variância aditiva, observadas pelo aumento do valor da herdabilidade para a característica estudada (JAMROZIK et al. 1997; TAKMA & AKBAS, 2009). Já em relação à função de variância, que apesar de descrever as variâncias residuais entre os diferentes tempos, não se mostrou superior aos modelos com estrutura heterogênea em trabalhos como de BIGNARDI et al., (2009) e EL FARO & ALBUQUERQUE (2003).

Na metodologia de regressão aleatória as funções para ajuste da curva de lactação mais utilizadas são os polinômios ortogonais de Legendre com diferentes graus (KIRKPATRIC et al.,1990), a exponencial de Wilmink (WILMINK, 1987) e a logarítmica de Ali e Schaeffer (ALI & SCHAEFFER, 1990). Segundo BROTHERTSTONE et al (2000) as funções paramétricas (Wilmink e Ali & Schaeffer) ajustam melhor o formato da curva de lactação, entretanto estes autores estimaram correlações negativas entre o início e o final da lactação. Os polinômios ortogonais por serem normalizados são mais adequados ao ajuste de função contínua facilitando o processo de convergência além de resultar em estimativas mais acuradas quando comparados com outros polinômios, segundo KIRKPATRIC (1994, 1990). Entretanto apresentam problemas de consistência das estimativas de variância e covariância dos períodos extremos da curva além de necessidade de polinômio de alto grau, principalmente para modelar efeito de ambiente permanente (BIGNARDI et al., 2009).

Recentemente estão sendo utilizadas as funções *Spline* como alternativa aos polinômios ortogonais nos modelos de regressão aleatória para ajuste da curva de lactação (WHITE et al., 1999; BOHMANOVA et al., 2008). A função consta de dois ou mais segmentos de polinômios de baixo grau unidos entre si em posições

determinadas, conhecido como nós, para formar uma curva contínua (De BOOR, 1978). De acordo com EILEIRS & MARX (2005) as funções o *B-spline* tem sido preferida aos outros tipos de *Spline* pela suas propriedades numéricas. As função *B-spline* também é eficiente na estimação de funções de covariância e para modelar efeitos aleatórios (RICE & WU, 2001).

O objetivo do presente estudo foi comparar modelos de regressão aleatória para a produção de leite no dia de controle de primeiras lactações de vacas da raça Guzerá, utilizando-se funções paramétricas de Wilmink e Ali & Scheaffer, polinômios de Legendre e B-Spline.

MATERIAL E MÉTODOS

A base de dados constou de 20.524 registros de controles da primeira lactação de 2.816 vacas da raça Guzerá com idades entre 23 a 65 meses de idade, filhas de 371 touros, distribuídas em 28 rebanhos e um pedigree constituído de 10753 animais provenientes do Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite (PNMGuL), sob coordenação da Embrapa Gado de leite em parceria com Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá e ABCZ.

Foram considerados controles de produção entre o 6º e o 305º dias de lactação, sendo que vacas com duração da lactação superior a 305 dias tiveram sua lactação truncada neste dia. A produção de leite no dia de controle foi dividida em classes mensais, totalizando dez classes. Foi estabelecido que as vacas tivessem no mínimo quatro controles.

Os grupos de contemporâneos foram formados por fazenda, ano e época de controle, sendo esta, dividida em duas, abril-setembro (seca) e outubro-março (chuva), possuindo no mínimo três animais em cada grupo. A descrição dos dados se encontra na Tabela 1.

Tabela 1. Sumário da estrutura dos dados.

Informação	Estatística
Número de controles	20524
Número de animais com controles	2816
Número de touros	371
Número de mães	1774
Número de rebanho	28
Número de grupo contemporâneo	401

As análises foram realizadas por meio de um modelo animal uni-característica, de regressão aleatória. O modelo utilizado incluiu como efeitos aleatórios, o genético aditivo direto, de ambiente permanente e o residual. Além disso, foram considerados como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos, os efeitos lineares e quadráticos da covariável idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população. Os componentes de variância foram estimados pelo Método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o programa Wombat (MEYER, 2006).

Neste trabalho quatro MRA ajustados por diferentes funções foram analisados:

1. um modelo com a curva média, efeitos genético aditivo e de ambiente permanente ajustados por uma função Wilmink (WL), considerando-se 10 classes de variância residual, em que cada classe é um mês diferente;
2. um modelo com a curva média, efeitos genético aditivo e de ambiente permanente ajustado por uma função de Ali & Schaeffer (AS), considerando-se seis classes de variância residual (com os meses agrupados: 1,2,3-5,6-7,8-9,10);
3. um modelo com a curva média ajustada por um polinômio de Legendre de quarta ordem, com os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente modelados com um polinômio de terceira e sexta ordem, respectivamente, considerando-se seis classes de variância residual (com os meses agrupados: 1,2,3-5,6,7,8-10);

4. e outro modelo com a curva média ajustado por uma função de Ali e Schaeffer e os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente por uma função *B-spline* cúbica com três nós equidistantes, considerando-se 6 classes de variância residual (com os meses agrupados: 1,2,3-5,6,7,8-10).

O modelo de regressão aleatória geral utilizado pode ser representado por:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_b-1} \beta_m \phi_m(t_i) + \sum_{m=0}^{k_a-1} \alpha_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_{ap}-1} \gamma_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \varepsilon_{ij}$$

em que: y_{ij} = produção de leite da i -ésima classe de dia em lactação, pertencente ao j -ésimo animal; F = conjunto de efeitos fixos, exceto as covariáveis dia de lactação sobre a produção de leite; β_m = conjunto de m regressores fixos para a trajetória média da população; $\phi_m(t_i)$ = função de regressão de ordem k_b , que descreve a trajetória média para cada ordem de parto, de acordo com o dia de lactação (t_i); $\phi_m(t_{ij})$ = funções de regressão, que descrevem as trajetórias de cada indivíduo j , de acordo com o dia de lactação (t_i), para os efeitos aleatórios genético aditivos e de ambiente permanente; α_{jm} , γ_{jm} = são os m regressores aleatórios genético-aditivos e de ambiente permanente, para cada animal j ; k_b , k_a e k_{ap} = são as ordens das funções lineares utilizadas para a trajetória média e para os efeitos genético aditivos e de ambiente permanente, respectivamente; ε_{ij} = erro aleatório associado a cada controle i do animal j .

A comparação entre os modelos foi feita com base em diversos critérios estatísticos, como segue:

1. Logaritmo da função de verossimilhança;
2. Critério de informação de Akaike (AKAIKE, 1973);
3. Critério de informação Bayesiano de Schwarz (SCHWARZ, 1978);
4. Variância Residual Ponderada (JAMROZIK & SCHAEFFER, 2002):

$$VRP = \frac{1}{TS} \sum_1^f \hat{\sigma}_{el}^2 NS_l$$

5. Medida de informação teórica da complexidade do modelo (BOZDOGAN, 2000): $INCOMP = -2 \log L + 2 (C_{Modelo})$;
6. Porcentagem relativa da redução da Complexidade (BOZDOGAN, 2000):

$$PRRC = \frac{C_{Modelo} - CR_{Modelo}}{C_{Modelo}};$$

Onde $\log L$ é o logaritmo da função de verossimilhança; TS = número total de meses em lactação (10); $\hat{\sigma}_{el}^2$ = variância residual estimada para $l^{ésima}$ classe; f = número de resíduos para cada modelos; NS_l = número de meses existentes na $l^{ésima}$ classe; $C_{modelo} = C_{K_a} + C_{K_{ap}}$, sendo: C_{K_a} ou $C_{K_{ap}} = \frac{p(K)}{2} \ln \left[\frac{Traço(K)}{p(K)} \right] - \frac{1}{2} \ln |K|$, com K_a e K_{ap} , sendo respectivamente, as matrizes de covariâncias para efeito genético aditivo e de ambiente permanente e $p(K)$ o posto da matriz K ; e $CR_{modelo} = C_{R_a} + C_{R_{ap}}$, sendo: C_{R_a} ou $C_{R_{ap}} = \frac{p(R)}{2} \ln \left[\frac{Traço(R)}{p(R)} \right] - \frac{1}{2} \ln |R|$, com R_a e R_{ap} sendo as matrizes de correlação entre os coeficientes de regressão aleatória para efeito genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente.

Como os critérios estatísticos elegem modelos diferentes, foi utilizado um índice construído da seguinte forma:

$$I = AIC + BIC + VRP + ICOMP + |LMV| - PPRC \text{ (adaptado de LIU et al., 2006).}$$

Para comparar os resultados obtidos pelos modelos de regressão aleatória, foram realizadas, no mesmo conjunto de dados, análises multi-características utilizando os modelos de dimensão finita (TDMO) para as PLDC, e um modelo unicaracterística (padrão) para produção de leite acumulada em 305 dias de lactação (P305), convencionalmente adotado nas avaliações genéticas do Programa. Para

tanto, essas análises foram realizadas utilizando a metodologia da máxima verossimilhança restrita, sob um modelo animal, que incluiu, como aleatório, o efeito genético aditivo, os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e as covariáveis idade da vaca ao parto (regressão linear e quadrática).

Com a finalidade de aplicação dos resultados dos MRA, foram preditos, com os MRA e TMDO, valores genéticos para cada mês de controle e estes foram comparados por meio de correlação de ordem (Spearman). Foi também realizada mesma comparação para os valores genéticos preditos para produção de leite acumulada em 305 dias de lactação (P305), obtidos com os MRA e o modelo convencional (DEP305).

Para a melhor opção entre os MRA, foi calculada a expectativa de acurácia das estimativas dos valores genéticos e estas foram comparadas com os valores de acurácia obtidos pelo modelo padrão (para DEP305). As expectativas de acurácia foram calculadas como $\sqrt{(1 - PEV_i / \sigma_{a_i}^2)}$, onde PEV_i é a variância do erro de predição e $\sigma_{a_i}^2$ é a variância genética no dia i da lactação. Isso foi feito para cada animal omitindo os valores de acurácia quando o valor de PEV_i foi maior que o valor de $\sigma_{a_i}^2$. Uma segunda expectativa de acurácia (acurácia média) foi obtida pela média dos PEV_i e calculada a correspondente acurácia como descrito acima. Na análise com regressão aleatória, o bloco diagonal é formado por determinados elementos da matriz inversa dos coeficientes das equações do modelo misto relacionados ao conjunto de estimativas dos coeficientes para o efeito genético aditivo. O bloco diagonal de cada um dos grupos dos coeficientes de regressão aleatória forneceu uma estimativa da covariância do erro de predição entre os coeficientes para cada animal. Desta forma, os PEV_i para os valores genéticos para os períodos desejados, foram obtidos de forma linear, a partir destas estimativas de covariância entre os coeficientes como uma função de variância.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2 estão apresentados os resultados dos critérios estatísticos para a escolha dos MRA. Em relação ao AIC e BIC, o modelo AS proporcionou o melhor ajuste que o WL, concordando com PEREIRA et al. (2009) e HERRERA et al. (2008), comparando essas duas funções com dados da raça Gir leiteiro. O modelo LEG obteve melhores valores para log L, AIC e BIC que o modelo ajustado Ali e Schaeffer concordando com ARAÚJO et al (2006). Já o modelo BSC foi o que apresentou o melhor resultado para esses critérios.

Tabela 2. Número de parâmetros e critérios estatísticos para os modelos empregando a função de Wilmink (WL), Ali & Schaeffer (AS), polinômios de Legendre (LEG) e B-spline cúbica (BSC).

Modelo	Critérios Estatísticos							
	p	Log L	AIC	BIC	VRP	ICOMP	PRRC	Índice
WL	22	-16217,98	32479	32653	0,89	32459,8	86%	113811,8
AS	36	-15900,54	31873	32157	0,70	31853,78	15%	111785,8
LEG	33	-15910,16	31886	32147	0,74	31831,07	88%	111774,8
BSC	36	-15862,36	31796	32081	0,70	31744,47	41%	111485,3

O BIC tende a selecionar modelos mais parcimoniosos enquanto o PRRC tende a selecionar modelos menos complexos e com menor grau de multicolinearidade entre os parâmetros. Desta forma, o modelo ajustado pelos polinômios de Legendre, foi o que obteve maior valor para este critério (PRRC), indicando que este modelo possui menor complexidade da heterocidade e menor multicolinearidade, concordando com BOZDOGAN (2000). O modelo ajustado por uma pela função AS foi o que se apresentou menor valor para esse critério seguido pelo modelo ajustado pela função B-spline cúbica. Entretanto, este último modelo apresentou melhor valor para o ICOMP, que é um critério que informa o grau de interdependência entre os parâmetros, uma vez que o primeiro componente ($-2\log L$) do ICOMP mede a falta de ajuste e o segundo componente (C_{modelo}) mede a

interação entre os parâmetros (complexidade). Desta forma o ICOMP, indica modelos mais simples mas que fornecem estimativas acuradas dos parâmetros.

Em relação ao índice e aos critérios como todo, o modelo ajustado pela função de Wilmink, apesar de ter obtido um bom resultado para PRRC, foi o modelo de pior ajuste. O modelo ajustado por uma função B-spline cúbica foi o que proporcionou os melhores ajustes, seguido pelo modelo ajustado pelo polinômio de Legendre.

A Figura 1 mostra a tendência das médias dos resíduos para cada MRA ao longo dos meses da lactação. O modelo AS e o modelo BSC apresentaram trajetórias parecidas para as médias dos resíduos, com menores oscilações principalmente nos cinco primeiros meses, mantendo suas médias próximas a zero neste período. A semelhança das trajetórias observadas para os modelos AS e BSC possivelmente é devida ao fato das curvas fixas desses modelos terem sido modeladas pela mesma função. Os modelos WL e LEG apresentaram a mesma tendência observada por DRUET et al. (2003), para modelos ajustados pela função de Wilmink, Ali & Schaeffer e polinômio de Legendre, e por JAMROZIK & SCHAEFFER (1997), para modelos ajustados pela função de Ali & Schaeffer, onde o início da lactação foi superestimados e o pico subestimado. Isto indica a dificuldade desses MRA (WL e LEG) em modelar os efeitos para essas fases. O modelo ajustado pela função de Wilmink foi o que mais oscilou. Como a função tinha 3 parâmetros e o quarto foi substituído por uma constante, o modelo reduziu sua flexibilidade para acompanhar os dados (DRUET et al. 2003).

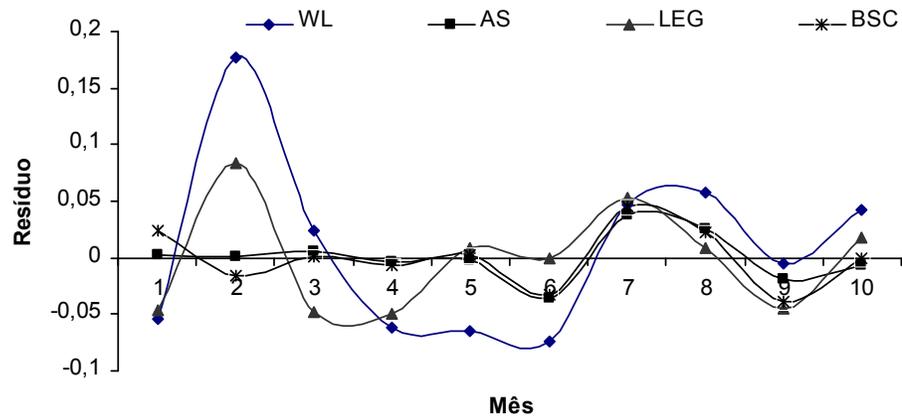


Figura 1. Tendência das medias dos resíduos para cada MRA de acordo com o mês de lactação.

As variâncias fenotípicas (σ^2_p), genéticas (σ^2_a) e ambientais (σ^2_e e $\sigma^2_e + \sigma^2_{ap}$) estimadas para os modelos LEG, AS, WL e BSC para as PLDC, juntamente com as estimadas pelo modelo de dimensão finita (TDMO) (σ^2_e) em análises multicaracterísticas estão na Figura 2.

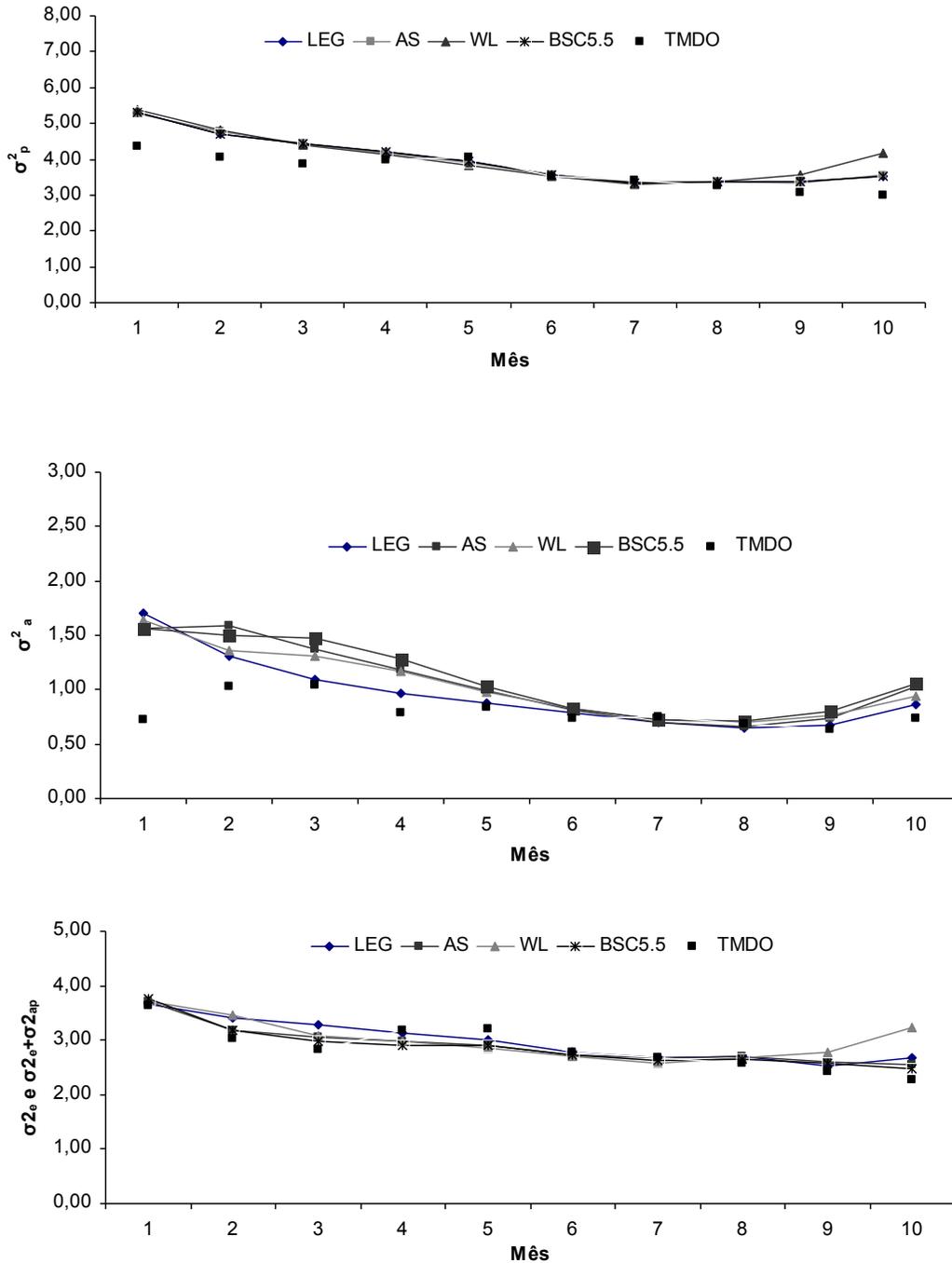


Figura 2. Estimativas de variâncias fenotípicas, genéticas e ambientais para as produções de leite no dia do controle de vacas da raça Guzerá obtidas pelos MRA (LEG, AS, WL e BSC) e pelo modelo multicaracterísticas de dimensão finita (TMDO).

As variâncias fenotípicas obtidas pelos MRA tiveram a mesma tendência e apresentaram estimativas mais altas em relação ao modelo TMDO para as PLDC

nos três primeiros meses e nos dois últimos meses da lactação. Já em relação à variância genética aditiva, os MRA tenderam a estimar valores maiores que o TMDO principalmente nos meses iniciais e finais. Os MRA também apresentaram estimativas diferentes na primeira metade da lactação. O modelo LEG obteve a maior estimativa no primeiro mês e as menores estimativas nos meses posteriores, sendo este o modelo com as estimativas mais próximas do estimado pelo TMDO. Para a somatória do ambiente permanente e temporário dos MRA, todos tiveram as mesmas tendências juntamente com as estimativas da variância ambiental do TMDO, sendo que o modelo WL superestimou no último mês. A superestimativa da variância genética dos MRA em relação ao TMDO provavelmente foi reflexo da diferença da variância fenotípica estimadas pelos modelos, uma vez que a variância ambiental se manteve praticamente constante.

As estimativas de herdabilidade para PLDC, estimadas em análise multicaracterísticas, utilizando o modelo de dimensão finita (TMDO), variaram de 0,16 a 0,27, e foram nos primeiros quatro meses menores que as obtidas pelos MRA, mas com a mesma tendência (Figura 3). O modelo que mais variou em relação às estimativas de herdabilidade foi o AS (0,20-0,33). Nos meses iniciais, o AS e BSC tiveram o mesmo comportamento. O modelo WL apresentou comportamento diferente apenas no segundo mês comparado aos modelos citados acima. O Modelo LEG apresentou maiores herdabilidades no início e no final da lactação e menores no meio da lactação. Na literatura, a mesma tendência para a herdabilidade foi encontrada para os modelos ajustados por polinômios de Legendre, como EL FARO & ALBUQUERQUE (2003) e BIGNARDI et al. (2009). A estimativa de herdabilidade para a produção de leite para o período até 305 dias tendeu a ser maior nos MRA ajustados por funções paramétricas, de modo que, os modelos LEG e BSC obtiveram o valor de 0,26 enquanto os modelos WL e AS, obtiveram 0,30 para a estimativa de herdabilidade. Já para o modelo convencional, a estimativa de herdabilidade para produção acumulada até 305 dias foi de 0,26.

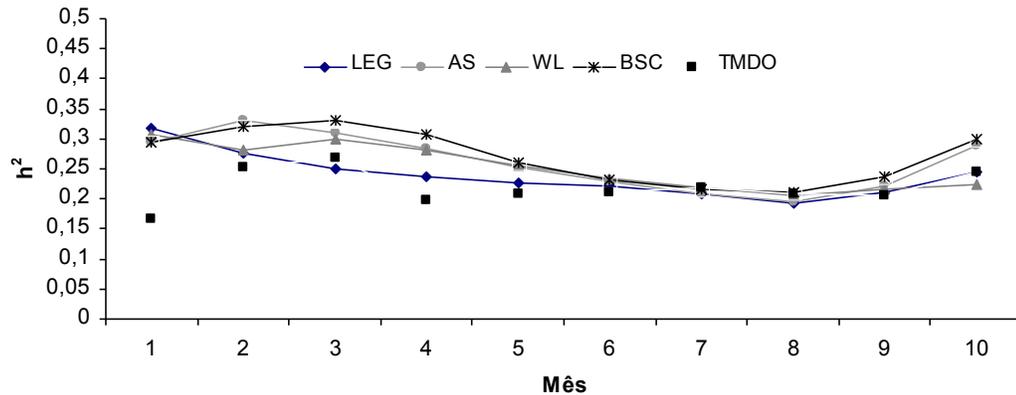


Figura 3. Estimativas de herdabilidade para produções de leite mensais obtidas pelos MRA (LEG, AS, WL e BSC) e pelo modelo multicaracterística de dimensão finita (TMDO).

Os modelos apresentaram tendências parecidas para as estimativas de herdabilidade com amplitude de variação próximas, de 0,20 nos três primeiros meses a 0,33 no oitavo. Resultados semelhantes foram encontrados por HERRERA et al. (2008) e PEREIRA et al. (2009) utilizando as funções de Wilink e Ali & Schaeffer na raça Gir leiteiro e por OLORI et al. (1999) utilizando polinômios de Legendre na raça holandesa. Entretanto BOHMANOVA et al. (2008) trabalhando com *splines* linear encontrou valores menores. Uma variação maior da amplitude das estimativas foi encontrada por Freitas et. al. (2008) trabalhando com os dados da mesma raça, em que as herdabilidade variaram de 0,19 à 0,40 e 0,19 à 0,46 para Ali & Schaeffer e polinômios ortogonais de Legendre, respectivamente.

As estimativas das correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente permanente entre as produções mensais de leite dos MRA AS, LEG e BSC são apresentadas na Figura 3. Todos os modelos apresentaram superfícies de respostas parecidas, sendo que as correlações genéticas apresentaram as superfícies mais lisas (correlação alta entre os controles adjacentes), as correlações de ambiente permanente apresentaram superfícies com deformação intermediária (correlação menores entre os controles adjacentes) e as correlações fenotípicas apresentaram maiores deformações das superfícies mostrando cristas em seu dorso (correlações

medianas entre os controles adjacentes). Isto indica a mesma tendência para as estimativas das correlações entre os modelos. Esta tendência foi observada também em outros estudos disponíveis na literatura com a literatura (BIGNARDI et al. 2009, HERRERA et al. 2008, EL FARO & ALBUQUERQUE 2003). Foram observadas, para todos os modelos, correlações genéticas altas e próximas a unidade entre as produções de controles adjacente, que e foram diminuindo à medida que o intervalo dos controles aumentou. Os mesmo resultados foram encontrados por BIGNARDI et al. (2009) para a raça Holandesa, por KETTUNEN et al. (2000) para a raça Ayrshire e HERRERA et al. (2008) para raça Gir.

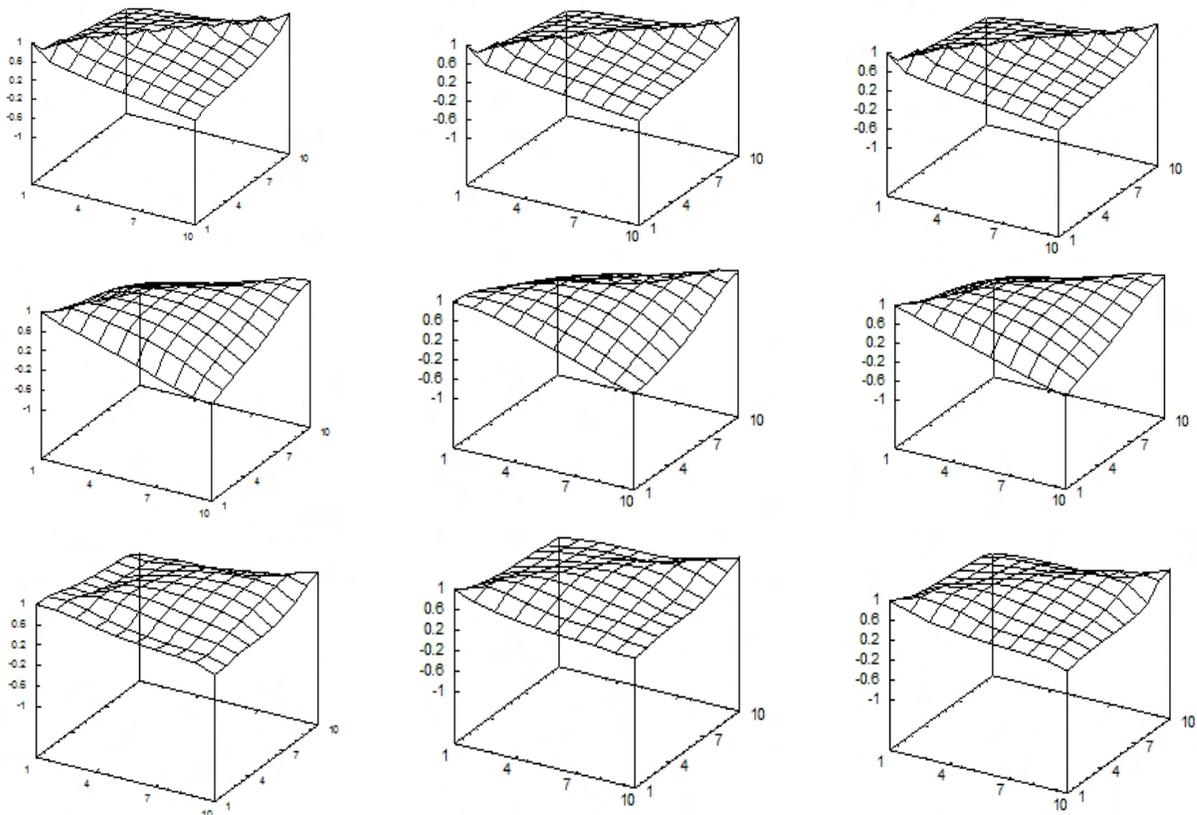


Figura 4. Estimativas de correlações fenotípicas (1ª linha), genéticas (2ª linha) e de ambiente permanente (3ª linha), entre as produções mensais de leite, de acordo com os modelos AS, LEG e BSC.

Para todos os modelos foram observadas estimativas de correlações genéticas negativas entre os controles extremos da lactação, embora todas as estimativas de correlações genéticas obtidas com o TMDO tenham sido positivas (não mostrado). O modelo WL apresentou maior magnitude de correlação genética negativa de -0,15 (entre o primeiro e o décimo) e -0,016 (entre o primeiro e o nono), já os demais modelos apresentaram correlações genéticas na ordem de -0,03 (entre o primeiro e o décimo). Resultados semelhantes foram encontrados por MELO et al. (2007), BIGNARDI et al. (2009) e TAKMA & AKBAS (2009) utilizando polinômios de Legendre na raça Holandesa e PEREIRA et al. (2009) com a função Ali & Schaeffer e Wilmink na raça Gir. O modelo ajustado pela função de Wilmink foi considerado o menos adequado pelos critérios e pela análise dos resíduos além de ter obtido correlações genéticas negativas de maior magnitude que os demais modelos, desta forma ele não foi utilizado para comparação entre as correlações de ordem para os valores genéticos.

As estatísticas dos valores genéticos preditos para produção de leite acumulada em 305 dias (P305) obtidos pelos MRA e pelo modelo padrão para os machos estão na Tabela 3 e na Tabela 4 para todos os animais. Para os machos, a média dos valores genéticos obtidas com os MRA foram semelhantes e tenderam a apresentar valores inferiores, embora próximos à média das estimativas obtidas pelo modelo padrão, principalmente o modelo LEG. Os desvios padrão também foram próximos para os MRA e o modelo padrão, entretanto a amplitude das estimativas dos valores genéticos foram menores para os MRA que para o modelo padrão. Mesma tendência foi verificada para as estatísticas dos valores genéticos estimados para todos os animais, porém, com maiores valores para média e desvio padrão que os estimados para os machos.

Tabela 3. Número de observações, médias, desvios padrão e valores máximos e mínimos dos valores genéticos preditos para a produção aos 305 dias de lactação, aplicando-se o MRA (LEG, AS e BSC) e para o modelo padrão (DEP305), para todos os touros.

Modelo	Variável	Número de observações	Média (Kg)	Desvio Padrão (Kg)	Mínimo	Máximo
LEG	RRM305	417	-3,04	110,44	-368,82	529,71
AS	RRM305	417	-1,14	118,33	-362,96	536,62
BSC	RRM305	417	-1,61	126,95	-386,93	554,27
DEP305	DEP305	417	1,63	121,62	-477,99	614,55

Tabela 4. Número de observações, médias, desvios padrão e valores máximos e mínimos dos valores genéticos preditos para a produção acumulada aos 305 dias de lactação, aplicando-se o MRA (LEG, AS e BSC) e para o modelo padrão (DEP305), para todos os animais.

Modelo	Variável	Número de observações	Média (Kg)	Desvio Padrão (Kg)	Mínimo	Máximo
LEG	RRM305	4148	30,18	140,08	-388,24	678,27
AS	RRM305	4148	34,04	149,66	-429,04	746,64
BSC	RRM305	4148	35,60	160,18	-461,82	808,30
DEP305	DEP305	4148	40,05	154,29	-477,99	800,35

Na Tabela 5 e 6 são apresentadas as correlações de ordem para os valores genéticos preditos para cada mês de controle pelos MRA e pelo TMDO e para P305 obtidos pelos MRA para touros e todos os animais respectivamente. Em geral entre os MRA as correlações de ordem foram altas para os meses de controle (0,92-1,00) e para P305. Estas correlações indicam que há coincidência na classificação com utilização de qualquer um dos MRA estudados. As estimativas das correlações de ordem para AS e BSC foram altas e próximas (0,99-1,00) a unidade para todos os meses de controle como também para P305. Como esses dois modelos tiveram a curva média modelada pela mesma função, possivelmente está influenciou para na coincidência na classificação dos valores genéticos estimados.

As correlações de ordem dos valores genéticos obtidos entre os MRA e o TMDO foram de média a alta, variando de 0,51 a 0,86 para touros (Tabela 5) e de 0,57 a 0,89 para todos os animais (Tabela 6). Esses valores foram maiores que os encontrados por EL FARO & ALBUQUERQUE (2005), estudando as correlações de ordem para as PLDC pelo modelo de dimensão finita e um MRA utilizando polinômios de Legendre. Foi observada uma tendência das correlações de ordem

entre os valores genéticos obtidos com os MRA e o TMDO de serem maiores nos meses intermediários da lactação e menores nos extremos, enquanto que as correlações entre os MRA seguiu tendência contrária (embora em menor magnitude). Isso pode ser explicado, principalmente pela abordagem de cada metodologia na modelagem das produções de leite em cada controle. Já que o TMDO considera cada controle como uma característica, de forma que não são feitas pressuposições em relação à estrutura de covariância (matriz de covariância não estruturada), diferente da abordagem feita pelos MRA em que a matriz de covariância é estruturada, obedecendo a uma ordem na estimação dos componentes de (co) variância para cada fase da lactação.

Tabela 5. Correlações de ordem entre os valores genéticos obtidos pelos MRA (LEG, AS e BSC) e TMDO para produção de leite em cada mês de controle e entre os valores genéticos obtidos pelos MRA para a produção acumulada aos 305 de lactação de todos os touros.

Modelos	Mês										P305
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
LEG/AS	0,99	0,95	0,95	0,94	0,93	0,92	0,92	0,94	0,96	0,95	0,92
LEG/BSC	0,99	0,96	0,94	0,93	0,93	0,92	0,92	0,93	0,95	0,95	0,92
AS/BSC	1,00	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	0,99
TMDO/LEG	0,57	0,65	0,70	0,76	0,84	0,86	0,86	0,80	0,70	0,51	-
TMDO/AS	0,52	0,68	0,73	0,77	0,82	0,82	0,79	0,76	0,71	0,61	-
TMDO/BSC	0,53	0,69	0,73	0,77	0,82	0,81	0,79	0,76	0,72	0,61	-

Tabela 6. Correlações de ordem entre os valores genéticos obtidos pelos MRA (LEG, AS e BSC) e TMDO para produção de leite em cada mês de controle e entre os valores genéticos obtidos pelos MRA para a produção acumulada aos 305 de lactação de todos os animais.

Modelos	Mês										P305
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
LEG/AS	0,99	0,97	0,96	0,96	0,96	0,95	0,95	0,96	0,97	0,97	0,95
LEG/BSC	0,99	0,97	0,96	0,95	0,96	0,95	0,95	0,95	0,96	0,97	0,95
AS/BSC	1,00	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
TMDO/LEG	0,67	0,73	0,78	0,83	0,88	0,89	0,89	0,85	0,74	0,57	-
TMDO/AS	0,61	0,76	0,81	0,84	0,87	0,87	0,86	0,83	0,76	0,66	-
TMDO/BSC	0,63	0,77	0,81	0,84	0,86	0,87	0,86	0,83	0,77	0,66	-

Na Tabela 7 são mostradas as correlações de ordem entre os valores genéticos preditos para P305 obtidas com MRA e com o modelo convencional (DEP305). As correções de ordem entre os valores genéticos obtidos com os MRA e com o modelo convencional (DEP305), considerando todos os animais foram de 0,78 a 0,80 e de 0,68 a 0,70 para todos os touros. HERRERA et al. (2008) encontrou 0,65 e 0,74 para correlações de ordem entre valores genéticos preditos pelo modelo padrão com um MRA empregando a função de Ali & Schaeffer para todos o touros e todos os animais respectivamente da raça Gir leiteiro. EL FARO & ALBUQUERQUE (2004) trabalhando com a raça Caracu, relataram os valores 0,88 e 0,85 para touros e todos animais, respectivamente. Para os touros foi observado que o valor das correlações diminuiu quando dez por cento dos touros foram selecionados para maior produção de leite e tornou a aumentar quando cinco por cento dos touros foram selecionados. Para as fêmeas, as correlações diminuiriam quando 20 % foram selecionadas. Apesar de próximas, o modelo LEG tendeu a apresentar maiores correlações quando diferentes critérios foram utilizados e, o modelo BSC, as menores correlações. De um modo geral, as correlações foram de magnitude moderada a levemente alta, sugerindo que pode haver divergências na classificação dos animais pela utilização dos modelos de regressão aleatória em relação à utilização do modelo convencional adotado pelo PNMGuL.

Tabela 7. Correlações de ordem entre os valores genéticos preditos obtidos pelos MRA (LEG, AS e BSC) para produção acumulada aos 305 dias de lactação em relação ao valor genético predito pelo modelo padrão (DEP305), para diferentes proporções de indivíduos selecionados.

Modelo	Todos animais	% de machos selecionados			% de fêmeas selecionadas	
		100%	10%	5%	100%	20%
LEG	0,80	0,70	0,65	0,76	0,81	0,70
AS	0,80	0,69	0,62	0,69	0,80	0,70
BSC	0,78	0,68	0,59	0,66	0,79	0,68

Na Tabela 8, são apresentadas as correlações de ordem para os 5% dos melhores touros (20 animais) com base no valor genético predito para P305

(DEP305) e suas respectivas classificações para produção para P305 obtidas pelos MRA (MRA305) e produções de leite nos meses de lactação obtidas pelos TMDO. Pode ser observada uma tendência entre os MRA e DEP305 para as cinco primeiras posições, com o modelo LEG o que mais se aproxima da classificação obtida pelo modelo padrão (DEP305). Tendência semelhante também foi observada para as produções de leite para os oito primeiros meses de controle. Considerando os 20 animais classificados pela DEP305, 15 touros estavam presentes pela classificação obtida pelos modelos LEG e AS e 13 para o BSC. Para os meses de controle tiveram entre 14 e 15 touros em comum presente na classificação. Pela Tabela 9 é possível verificar que dentro dos 20 primeiros touros classificados entre os MRA para produção de leite acumulada em 305 dias, 17 a 18 touros estavam presentes na classificação. Para os meses de controle o número de animais presente pela classificação com base nos valores preditos com MRA foi semelhante aos observados pela classificação com DEP305, sendo que a classificação obtida com o modelo LEG tendeu a apresentar maior número de animais em comum com os TMDO.

Tabela 8. Classificação dos 5% melhores touros para produção acumulada aos 305 dias de lactação obtidas com a utilização dos MRA (LEG, AS e BSC) e para produção de leite no mês do controle obtidas com o TMDO, com base na classificação da produção de leite acumulada em 305 dias pelo modelo padrão (DEP305), e número de animais comuns presentes na classificação (NC).

Touro	DEP305	RRM305			TMDO									
		LEG	AS	BSC	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1370	1	1	1	2	3	1	1	1	1	1	2	2	3	5
316	2	2	3	3	5	5	4	3	5	4	1	1	1	2
281	3	5	7	7	2	3	2	5	3	2	5	8	11	11
693	4	4	2	1	1	2	3	4	2	3	9	9	25	24
707	5	3	6	6	6	6	7	6	6	6	6	5	7	9
3553	6	10	8	8	8	12	8	8	9	10	8	7	5	3
312	7	25	27	37	67	231	92	52	85	49	11	11	6	4
1192	8	6	5	4	4	4	5	2	4	5	3	4	4	7
138	9	8	10	11	24	56	21	11	14	8	4	3	2	1
1380	10	11	13	13	16	10	9	12	10	11	10	13	9	8
1389	11	20	15	23	11	17	13	15	22	26	19	25	18	14
111	12	16	19	21	41	14	23	27	13	13	31	31	47	85
311	13	26	32	36	20	22	16	24	32	33	37	46	44	49
261	14	27	31	31	9	19	42	34	15	18	26	34	105	134
1336	15	12	9	9	13	9	10	10	11	12	13	12	12	13
276	16	17	18	18	19	21	19	16	19	16	17	17	17	15
1599	17	343	297	301	70	52	61	66	65	67	89	103	131	224
3298	18	46	46	53	59	45	34	18	43	32	14	15	10	10
3523	19	7	4	5	7	7	6	7	7	7	7	6	8	6
635	20	18	20	20	14	16	15	17	18	17	24	27	32	34
NC	20	15	15	13	15	14	14	15	15	15	15	14	14	14

Tabela 9. Classificação dos 5% melhores touros para produção acumulada aos 305 dias de lactação obtidas com os modelos AS, BSC e o modelo convencional (DEP305) e para produção de leite no mês do controle obtidas com o TMDO, com base na classificação da produção de leite acumulada em 305 dias pelo modelo LEG, e número de animais comuns presentes na classificação (NC).

Touro	DEP305	RRM305			TMDO									
		LEG	AS	BSC	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1370	1	1	1	2	3	1	1	1	1	1	2	2	3	5
316	2	2	3	3	5	5	4	3	5	4	1	1	1	2
707	5	3	6	6	6	6	7	6	6	6	6	5	7	9
693	4	4	2	1	1	2	3	4	2	3	9	9	25	24
281	3	5	7	7	2	3	2	5	3	2	5	8	11	11
1192	8	6	5	4	4	4	5	2	4	5	3	4	4	7
3523	19	7	4	5	7	7	6	7	7	7	7	6	8	6
138	9	8	10	11	24	56	21	11	14	8	4	3	2	1
1528	44	9	12	12	17	15	17	14	16	15	22	22	31	39
3553	6	10	8	8	8	12	8	8	9	10	8	7	5	3
1380	10	11	13	13	16	10	9	12	10	11	10	13	9	8
1336	15	12	9	9	13	9	10	10	11	12	13	12	12	13
3384	60	13	23	17	15	8	11	9	8	9	12	10	13	19
42	37	14	11	10	126	53	136	41	30	21	16	14	16	28
696	35	15	14	14	35	37	29	39	41	39	29	35	27	26
111	12	16	19	21	41	14	23	27	13	13	31	31	47	85
276	16	17	18	18	19	21	19	16	19	16	17	17	17	15
635	20	18	20	20	14	16	15	17	18	17	24	27	32	34
32	108	19	30	28	52	103	122	150	78	90	131	205	300	280
1389	11	20	15	23	11	17	13	15	22	26	19	25	18	14
NC	15	20	18	17	15	15	15	16	16	16	15	14	14	13

Pelos resultados da comparação dos parâmetros genéticos e da ordem de classificação dos valores genéticos estimados com os MRA selecionados, bem como a relação desses valores genéticos com os valores estimados com modelo padrão (P305) e o de dimensão finita, é possível sugerir a semelhança entre os MRA. Desta forma, as diferenças observadas entre os MRA e o modelo convencional e o TMDO, possivelmente é devido à metodologia de regressão de aleatória empregada, não sendo verificada nenhuma diferença pela função utilizada para o ajuste de efeitos aleatórios nos MRA. Então, apesar do modelo que empregou função *B-spline* cúbica (BSC) ter apresentado melhor resultado para os critérios estatísticos adotados, o modelo empregando polinômios de Legendre (LEG), por ser o modelo menos

complexo e com menor número de parâmetros, é o de melhor opção para ser utilizado em avaliações genéticas da raça. Sendo assim o modelo LEG foi selecionado entre os MRA para comparação com o modelo padrão (P305) em relação ao ganho em acurácia das estimativas dos valores genéticos.

A acurácia média dos valores genéticos obtida para DEP305 foi 0,535 e para o MRA305 foi 0,553. Esta diferença (0,018) indica um aumento de 3,6 % na média da acurácia da avaliação genética pela utilização do modelo de regressão aleatória em substituição ao modelo padrão. As estatísticas das acurácias dos valores genéticos individuais (Tabela 10) obtidas pelos modelos foram próximas e indicaram também o aumento de acurácia para o MRA (LEG), para diferentes classes de animais. Para os touros, quando aumentou o número de progênes aumentou o valor da acurácia como esperado, sendo que a diferença dos valores obtidos com o DEP305 e MRA305 foi praticamente constante (2%). Também foi observado que dos valores de acurácia para os valores genéticos obtidos para os 4010 animais pelo modelo padrão, apenas 319 animais tiveram acurácia superiores aos valores obtidos com o MRA305, sendo o restante inferior. Para as fêmeas com progênes avaliadas, esse valor foi 85, de 1597 fêmeas e, para machos com progênie avaliada foi de 25 entre 369 touros.

Tabela 10. Número de informações (N), média, desvio padrão, valor mínimo e máximo para valores de acurácia das estimativas de valores genéticos para produção acumulada em 305 dias de lactação obtidos com o modelo padrão (DEP305) e com o modelo LEG (RRM305) .

Variável	N	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
Todos animais					
DEP305	4010	0,516	0,141	0,022	0,913
RMA305	4023	0,536	0,137	0,022	0,921
Todas as fêmeas com progênie					
DEP305	1597	0,469	0,163	0,022	0,791
RMA305	1597	0,488	0,162	0,022	0,790
Todos os touros					
DEP305	369	0,421	0,199	0,062	0,913
RMA305	369	0,441	0,197	0,065	0,921
Touros com 1 - 10 progênie					
DEP305	261	0,326	0,121	0,062	0,657
RMA305	261	0,347	0,123	0,065	0,665
Touros com 11- 20 progênie					
DEP305	58	0,559	0,146	0,116	0,725
RMA305	58	0,577	0,141	0,114	0,734
Touros com mais de 20 progênie					
DEP305	50	0,756	0,099	0,476	0,913
RMA305	50	0,772	0,089	0,562	0,921

Os resultados do presente estudo indicaram semelhança entre os MRA para as estimativas dos parâmetros genéticos e para os valores genéticos preditos. Também indicou divergência dos valores genéticos obtidos com os MRA e o modelo convencional. Entretanto, os MRA apresentaram semelhança com o modelo convencional para P305 em relação aos grupos de seleção, indicando ordem de classificação diferente, mas não distantes. Proporcionou também o aumento de acurácia das estimativas dos valores genéticos para P305 com a medida MRA305, em relação DEP305. Estes resultados sugerem a viabilidade da utilização dos MRA nas avaliações genéticas da raça Guzerá. A seleção para MRA305, ao contrário da DEP305, seleciona também para forma da curva dos animais uma vez que essa medida é resultado do somatório dos valores genéticos diários preditos como desvios da curva média populacional. Desta forma, a utilização de MRA é interessante para avaliação de zebuínos, cujas curvas de lactação se mostram pouco persistentes e as

lactações são mais curtas. Outra vantagem da utilização dos MRA é a possibilidade de estimação de valores genéticos para pontos ou intervalos estratégicos da lactação que podem auxiliar no processo de seleção, assim como para a estimação para valores genéticos para a persistência de lactação. Apesar da semelhança entre modelos de regressão aleatória estudados, a base de dados é ainda pequena para validação de um modelo representativo da raça. No presente estudo o modelo ajustado com polinômios de Legendre se mostrou como a melhor opção para essa finalidade considerando a facilidade de estimação. Pelas vantagens advindas com a utilização dos modelos de regressão aleatória é possível sugerir a adoção do modelo com polinômios de Legendre de terceira ordem para efeito genético aditivo e de sexta ordem para ambiente permanente nas avaliações genéticas da raça Guzerá.

CONCLUSÕES

Os parâmetros genéticos e fenotípicos da produção de leite no dia do controle ao longo da lactação dos dados estudados podem ser modelados por meio de diferentes modelos de regressão aleatória.

O modelo de regressão aleatória empregando a função B-spline cúbica com número de coeficientes igual a cinco para efeito genético aditivo e de ambiente permanente foi o mais adequado de acordo com os critérios estatísticos adotados para comparação. Entretanto, o modelo empregando a função de Ali & Schaeffer com seis classes de variância heterogênea e modelo empregando polinômio de Legendre de terceira ordem para efeito genético aditivo e de sexta ordem para efeito de ambiente permanente e com seis classes de variância heterogênea poderiam ser adotados. O modelo empregando polinômio de Legendre se mostrou uma boa opção entre os modelos de regressão aleatória para avaliação genética da raça.

Os resultados sugerem semelhança entre os modelos de regressão aleatória na classificação dos animais para diferentes critérios para seleção.

Em relação à produção acumulada em 305 dias pelo modelo convencional e pelos modelos de regressão aleatória, os resultados indicaram algumas divergências na classificação dos animais.

Os resultados indicaram um aumento de acurácia pela utilização de modelo de regressão aleatória em comparação ao modelo convencional.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALI, T.E.; SCHAEFFER, R. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 67, n.3, p. 637-644, 1987.

ARAÚJO, C.V.; TORRES,R.B., COSTA, C.N.; TORRES FILHO, R.A; ARAÚJO, S.I.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J.; PEREIRA, C. S.; SARMENTO, J.L.R. Uso de modelos de regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.975-981, 2006.

BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; CARDOSO, V. L.; MACHADO, P. F.; ALBUQUERQUE, L. G. de. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v. 123, n.1, p. 1-7, 2009.

BOHMANOVA, J.; MIGLIOR, F.; JAMROZIK, J.; MISZTAL, I.; SULLIVAN, P. G. Comparison of Random Regression Models with Legendre Polynomials and Linear Splines for Production Traits and Somatic Cell Score of Canadian Holstein Cows. **Dairy Science**, v. 91 p.3627–3638, 2008.

BOZDOGAN, N. Akaike's information criterion and recent developments in information complexity. **Journal of Mathematical Psychology**, v.44, p.62-91, 2000.

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

DRUET, T.; JAFFRÉZIC, F.; BOICHARD, D.; DUCROCQ, V. Modeling Lactation Curves and Estimation of Genetic Parameters for First Lactation Test-Day Records of French Holstein Cows. **Journal of Dairy Science**, v.86, p.2480-2490, 2003.

EL FARO, L.; Albuquerque, L.G. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle e produção acumulada até 305 dias, para as primeiras lactações de vacas da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.2, p.284-264, 2003.

HERRERA, L. G. G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H.; MACHADO, C. H.C. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 9, p. 1584-1594, 2008.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.4, p.762-770, 1997.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, n. 6, p.1217-1226, 1997.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. Bayesian comparison of random regression models for test-day yields in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002., Montpellier, France. **Proceedings...** Montpellier, France, 2002. 1 CD-ROM.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, p.429-450, 1989.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.4, p.979-993, 1990.

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

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

PEREIRA, R. J. ; SANTANA JÚNIOR, M. L.; LOPES, P. S. ; VERNEQUE, R. S. ; LAGROTTA, M. R. ; TORRES, R. A. ; PEIXOTO, M. G. C. D. . Avaliação de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir Leiteiro. In: **46ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, 2009, Maringá. **Anais...** Maringá: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2009.

RICE, J.A., WU C.O., Nonparametric mixed effects models for unequally sampled noisy curves. **Biometrics**, v. 57, p.253-259, 2001.

SCHAEFFER L. R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.16, n. 4, p.335–348, 2004.

SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, Random regression models: a perspective. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.125, p.145-146, 2008.

TAKMA, C.; AKABAS Y.. Heterogeneity of residual variances of test day milk yields estimated by random regression model in Turkish Holsteins. **Journal of Animal and Veterinary Advances**. v.8, n.4, p. 782-787, 2009.

WILMINK, J.B.M. Adjustment of test-day milk, fat and protein yields for age, season and stage of lactation. **Livestock Production Science**, v. 16, p. 335-348, 1987.

WHITE I.M.S., THOMPSON R., BROTHERSTONE S. Genetic and environmental smoothing of lactation curves with cubic spline. **Dairy Science**, v. 82 p.632–638, 1999.

CAPÍTULO 7 – PERSISTÊNCIA DA LACTAÇÃO EM VACAS DA RAÇA GUZERÁ, APLICANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

RESUMO – Com o objetivo de estudar a persistência da lactação foram comparados doze medidas de persistência em 20524 registros de produção de leite no dia do controle (PLDC) de 2816 primeiras lactações de vacas da raça Guzerá. As PLDC foram agrupadas em dez classes mensais e analisadas por meio de modelo de regressão aleatória (MRA), cujos efeitos aleatórios foram o genético aditivo, de ambiente permanente e o residual, e, como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos (GC), a covariável idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático) e a curva média de lactação da população modelada por um polinômio de Legendre de quarta ordem. Os efeitos genético-aditivos foram modelados por meio de um polinômio ortogonal de Legendre de terceira ordem e o de ambiente permanente por meio de polinômio ortogonal de Legendre de sexta ordem. A modelagem da variância residual foi feita por meio de seis classes de variâncias. As estimativas de herdabilidade para as medidas de persistência variaram de 0,19 a 0,49. As correlações genéticas entre as medidas de persistência e a produção até 305 dias variaram de -0,41 a 0,43. As correlações entre as PLDC e as medidas de persistência indicaram que a seleção direta para as produções de leite até o sétimo mês resultaria na diminuição da persistência da lactação. Já para a seleção para as produções de leite a partir do oitavo mês resultaria no aumento da persistência da lactação, entretanto com baixa eficiência seletiva.

Palavras-chaves: avaliação genética, parâmetros genéticos, *test-day model*

INTRODUÇÃO

A persistência da lactação é definida como número de dias que a produção de leite é mantida (GROSSMAN et al., 1999). Desta forma, a persistência está relacionada à forma da curva de lactação em função dos dias de produção.

Várias medidas de persistência da lactação têm sido propostas na literatura (JAMROZIK et al., 1997; GROSSMAN et al., 1999; KISTEMAKER, 2003; JAKOBSEN et al., 2002). Entretanto, as definições de persistência bem como as mensurações são consideradas inconsistentes pela dificuldade da representação da curva de lactação em único termo (SÖLKNER & FUCHS, 1987).

Os modelos de regressão aleatória fornecem a estimação da curva genética dos animais e, desta forma, permitem a predição dos valores genéticos para a persistência e a seleção para esta característica (JAMROZIK & SCHAEFFER, 2007). Com modelos de regressão aleatória, dois métodos de mensuração da persistência têm sido reportados: pela razão dos valores genéticos para diferentes períodos da lactação ou pela subtração desses valores genéticos. El FARO & ALBUQUERQUE (2004), discutiram a incoerência da avaliação da persistência do primeiro método, principalmente quando os valores genéticos são antagônicos entre os períodos. O segundo método tem sido indicado como mais adequado para a avaliação genética da persistência (JAMROZIK et al., 1997; DEKKERS et al., 1998; KISTEMAKER, 2003; COBUCCI et al., 2007).

Estudos com persistência da lactação indicam que vacas mais persistentes possuem maior eficiência reprodutiva (MUIR et al., 2004), necessitam de menor consumo de concentrado para produção de leite (SÖLKNER & FUCHS, 1987) além de redução dos custos de um modo geral (DEKKERS, 1996; DEKKERS, 1998).

Com o objetivo de estudar a persistência da lactação de vacas da raça Guzerá foram estimados parâmetros genéticos e valores genéticos para diferentes medidas de persistência, bem como suas relações com a produção acumulada aos 305 dias de lactação e as PLDC, utilizando para isso modelo de regressão aleatória.

MATERIAL E MÉTODOS

A base de dados constou de 20.524 registros de controles da primeira lactação de 2.816 vacas da raça Guzerá, filhas de 371 touros, com idades entre 23 a 65 meses de idade, distribuídas em 28 rebanhos e uma genealogia constituída de 10.753 animais. Os dados são provenientes dos arquivos do programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para leite, sob coordenação da Embrapa Gado de Leite em parceria com o Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá e a ABCZ.

Foram considerados controles de produção entre o 6º e o 305º dias de lactação. A produção de leite no dia de controle foi dividida em classes mensais, mantendo nas análises as lactações de vacas que tivessem, no mínimo, quatro controles.

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados por fazenda, ano e época de controle, sendo esta, dividida em duas, abril-setembro (seca) e outubro-março (chuva). Foram considerados GC que possuíam no mínimo três animais, totalizando 401 grupos. Na Figura 1, são apresentados os números de registros, as médias e os desvios padrões referentes às produções de leite nos meses de controle (PLDC.)

A análise de regressão aleatória (MRA) foi realizada por meio de um modelo animal unicaracterística. O modelo incluiu como efeitos aleatórios, o genético aditivo direto, de ambiente permanente e o residual. Além disso, foram considerados, como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos, os efeitos, linear e quadrático, da covariável idade da vaca ao parto, e a curva média de lactação da população. Os componentes de variância foram estimados pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o programa Wombat (MEYER, 2006).

O MRA utilizado neste trabalho teve a curva fixa da população modelada por um polinômio de Legendre de quarta ordem. O efeito aleatório genético aditivo foi modelado por um polinômio de terceira ordem e o efeito de ambiente permanente foi modelado por um polinômio de sexta ordem. Foi considerada heterogeneidade de

variâncias residuais com o agrupamento dos meses de lactação da seguinte maneira: 1,2,3-5,6,7,8-10.

Na forma matricial o modelo pode ser representado por:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

em que: \mathbf{y} = vetor das N observações, medidas em Na animais; \mathbf{b} = vetor de efeitos fixos que inclui as soluções para grupo contemporâneo e para as covariáveis idade ao parto (linear e quadrático); \mathbf{a} = vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios genético-aditivos; \mathbf{ap} = vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatórios de ambiente permanente; \mathbf{e} = vetor dos N diferentes resíduos; X, Z, W = matrizes de incidência para os efeitos fixos, aleatórios genético-diretos e de ambiente permanente, respectivamente.

As pressuposições em relação aos componentes do modelo são:

$$E \begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{ap} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{Xb} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix} \text{ e } \begin{aligned} V(\mathbf{a}) &= \mathbf{K}_A \otimes \mathbf{A}; \\ V(\mathbf{ap}) &= \mathbf{K}_{AP} \otimes \mathbf{I}_{Nd}; \\ V(\mathbf{e}) &= \mathbf{R}, \end{aligned}$$

Em que:

\mathbf{K}_A e \mathbf{K}_{AP} são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético-aditivos e de ambiente permanente, respectivamente;

\mathbf{A} é a matriz de parentesco entre os indivíduos;

\mathbf{I}_{Nd} é uma matriz identidade;

\mathbf{R} representa uma matriz contendo as variâncias residuais.

Os valores genéticos para produção de leite de cada dia de lactação foram usados para prever os valores genéticos para a produção de leite para a produção acumulada aos 305 dias, bem como para as medidas de persistência da lactação.

Para os valores genéticos para as medidas de persistência e para produção acumulada aos 305 dias, foram calculadas as expectativas de acurácia como $\sqrt{(1-PEV_i/\sigma_{a_i}^2)}$, onde PEV_i é a variância do erro de predição e $\sigma_{a_i}^2$ é a variância genética no dia i da lactação. Isso foi feito para cada animal omitindo os valores de acurácia quando o valor de PEV_i foi maior que o valor de $\sigma_{a_i}^2$.

Foram avaliadas 12 medidas de persistência da produção de leite (PS_i) baseadas nos valores genéticos para diferentes períodos de lactação. As medidas de persistência publicadas na literatura são apresentadas na Tabela 1. A medida PS12 foi obtida pela modificação dos intervalos de dias em lactação.

Tabela 1. Medidas de persistência citadas na literatura e seus respectivos autores.

Medida de persistência	Autor
$PS1 = (Vg_{280} - Vg_{60})$	Jamrozik et al.(1997)
$PS2 = \left(\sum_{t=106}^{205} Vg_t - \sum_{t=6}^{105} Vg_t \right)$	Jakobsen et al.(2002)
$PS3 = \left(\sum_{t=206}^{305} Vg_t - \sum_{t=6}^{105} Vg_t \right)$	Jakobsen et al.(2002)
$PS4 = \sum_{t=61}^{280} (Vg_t - Vg_{60})$	Jamrozik et al.(1997)
$PS5 = \sum_{t=60}^{279} (Vg_t - Vg_{280})$	Jakobsen et al.(2002)
$PS6 = (Vg_{290} - Vg_{90})$	Cobuci et al.(2004)
$PS7 = \left(\frac{1}{51} \sum_{t=255}^{305} Vg_t - \frac{1}{21} \sum_{t=50}^{70} Vg_t \right)$	Kistemaker (2003)
$PS8 = \left(\sum_{t=101}^{300} Vg_t - (300 - 100)Vg_{100} \right)$	Pösö (2003)
$PS9 = \left(\sum_{t=61}^{300} Vg_t - (305 - 60)Vg_{60} \right)$	De Roos et al. (2001)
$PS10 = \sum_{t=31}^{280} (Vg_t - Vg_{30})$	Pereira (2009)
$PS11 = \sum_{t=31}^{260} (Vg_t - Vg_{30})$	Pereira (2009)
$PS12 = \left(\frac{1}{201} \sum_{t=60}^{260} Vg_t - \frac{1}{21} \sum_{t=20}^{40} Vg_t \right)$	Neste trabalho

As variâncias para efeito genético-aditivo ($\hat{\sigma}^2_{aPS}$) e de ambiente permanente ($\hat{\sigma}^2_{apPS}$) para as PS_i foram obtidas por:

$$\hat{\sigma}^2_{aPS} = f' \Lambda_A f \quad \text{e} \quad \hat{\sigma}^2_{apPS} = f' \Lambda_{AP} f ,$$

Em que f é o vetor de covariáveis correspondentes à função de medida de persistência (Tabela 1) e Λ_A e Λ_{AP} são respectivamente a matriz de covariância para efeito genético-aditivo e de ambiente permanente entre os coeficientes de regressão aleatória.

As herdabilidades das medidas de persistência foram calculadas por:

$$\hat{h}^2_{PS} = \frac{\hat{\sigma}^2_{aPS}}{\hat{\sigma}^2_{aPS} + \hat{\sigma}^2_{apPS} + \hat{\sigma}^2_{ePS}}$$

As variâncias residuais ($\hat{\sigma}^2_{ePS}$) para as PS_i foram calculadas como:

$$\hat{\sigma}^2_{ePS} = Ve(PS_i) ,$$

em que a variância residual é dada pela produção leite em função dos dias em lactação para cada medida de persistência.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela curva fenotípica, a produção de leite das vacas (Figura 1) apresentou tendência suave de pico de produção aproximadamente no segundo mês de lactação. A produção de leite, a partir de então, tendeu a diminuir gradativamente nos meses posteriores. O desvio padrão da produção sofreu pouca variação durante o período de lactação, apresentando uma pequena tendência de diminuir com os meses de lactação.

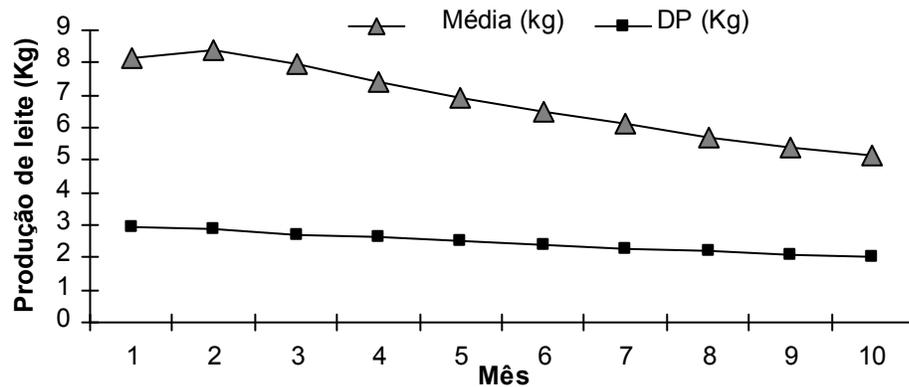


Figura 1. Curva média observada e desvio padrão (DP) da produção de leite em cada mês de lactação de vacas da raça Guzerá.

Na Tabela 2 são apresentadas as herdabilidades das 12 medidas de persistência (PS_i) e da produção de leite até os 305 dias (MRA305), bem como as correlações genéticas e as correlações de ordem para os valores genéticos para as medidas de persistência entre as PS_i e entre estas e a MRA305.

Em geral, os valores das herdabilidades estimados para as medidas de persistência foram moderados, indicando a possibilidade de boa resposta à seleção destas características. As diferenças entre as estimativas de herdabilidade podem ser atribuídas ao período de lactação utilizado para expressar a persistência e pelo método de medição. Estimativas de herdabilidades semelhantes para PS_1 , PS_2 , PS_4 , PS_5 , PS_6 foram encontradas por FREITAS et al. (2010), utilizando MRA sob polinômios de Legendre para lactações de vacas Guzerá. Para PS_3 estes autores encontraram 0,39 para as estimativas de herdabilidade enquanto neste trabalho foi observado o valor 0,49. Diferentemente destes autores, este trabalho considerou heterogeneidade de variâncias residuais onde as maiores estimativas de variâncias residuais foram encontradas nos meses iniciais e as menores estimativas, nos meses finais da lactação. Para o cálculo da PS_3 e PS_7 é considerado o período final da lactação de modo que, as menores estimativas das variâncias residuais para esse período explicam o alto valor observado para a estimativa de herdabilidade para estas medidas. As estimativas de herdabilidade para as seis primeiras medidas de

persistência encontras por COBUCI et al. (2004) empregando a função de Wilmink e por COBUCI et al. (2006) para as nove primeiras medidas, empregando polinômios de Legendre em dados de vacas Holandesas, foram menores que as encontradas neste trabalho. PEREIRA (2009) trabalhando com a raça Gir encontrou estimativas mais altas que as encontradas neste trabalho para as medidas PS10 e PS11 (0,33 e 0,32, respectivamente).

As correlações genéticas entre as PS_i (Tabela 2) foram em geral altas, indicando forte associação genética entre as medidas. Correlações genéticas medianas foram observadas também, sendo a maior parte delas entre as PS_i e as PS5 e PS6. As correlações entre a PS5 e as outras PS_i foram de mediana a altas, porém negativas. A PS5, diferente das outras medidas, é calculada pela soma das diferenças entre os valores genéticos do período compreendido entre 60 dias até os 279 dias do valor genético do período final da lactação (280 dias), de forma que os valores genéticos mais negativos indicam maior persistência. Em relação à correlação genética entre as PS_i e a produção acumulada em 305 dias (MRA305), as estimativas foram todas negativas e de pequena magnitude com exceção da PS5 que foi positiva. Este resultado indica que a seleção para a produção de leite até 305 dias, resultaria na diminuição da persistência da lactação. Este resultado está de acordo com o encontrado por PEREIRA (2009) trabalhando com a raça Gir. JAKOBSEN et al. (2002), COBUCI et al. (2004) e COBUCI et al. (2006) encontraram diferentes correlações genéticas entre as medidas de persistência e a produção até 305 dias, que variaram de -0,30 a 0,53. Medidas de persistência que consideraram o período intermediário da lactação tenderam a apresentar estimativas de correlações genéticas com a produção acumulada em 305 de baixa magnitude e próximas a zero como a PS2, PS10, PS11 e PS12. Medidas que consideraram o período final de lactação tais como PS3, PS7, PS8, PS9, tenderam a apresentar correlações negativas de maior magnitude com a produção em 305 dias.

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade (diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e correlação de ordem entre os valores genéticos das medidas de persistências (abaixo da diagonal).

Característica	PS1	PS2	PS3	PS4	PS5	PS6	PS7	PS8	PS9	PS10	PS11	PS12	MRA305
PS1	0,32	0,78	0,99	0,92	-0,93	0,98	1,00	0,95	1,00	0,82	0,78	0,79	-0,36
PS2	0,83	0,36	0,87	0,96	-0,50	0,62	0,77	0,94	0,80	1,00	1,00	1,00	-0,10
PS3	0,99	0,90	0,49	0,97	-0,86	0,93	0,99	0,99	0,99	0,90	0,87	0,88	-0,31
PS4	0,94	0,97	0,98	0,21	-0,71	0,81	0,91	1,00	0,93	0,98	0,97	0,70	-0,21
PS5	-0,95	-0,63	-0,90	-0,79	0,27	-0,99	-0,93	-0,77	-0,92	-0,56	-0,51	-0,51	0,43
PS6	0,98	0,72	0,95	0,86	-0,99	0,32	0,98	0,86	0,97	0,68	0,63	0,64	-0,41
PS7	0,82	0,58	0,78	0,70	-0,85	0,84	0,46	0,95	1,00	0,82	0,78	0,79	-0,36
PS8	0,96	0,95	0,99	1,00	-0,83	0,90	0,73	0,23	0,96	0,96	0,94	0,94	-0,25
PS9	1,00	0,84	0,99	0,95	-0,94	0,97	0,80	0,97	0,20	0,84	0,80	0,81	-0,35
PS10	0,86	1,00	0,92	0,98	-0,67	0,76	0,61	0,96	0,88	0,21	1,00	1,00	-0,13
PS11	0,83	1,00	0,90	0,97	-0,63	0,72	0,58	0,95	0,85	1,00	0,19	1,00	-0,10
PS12	0,83	1,00	0,90	0,97	-0,63	0,73	0,58	0,95	0,85	1,00	1,00	0,40	-0,11
MRA305	-0,49	-0,21	-0,44	-0,33	0,60	-0,56	-0,88	-0,37	-0,46	-0,24	-0,21	-0,21	0,26

As correlações de ordem das estimativas de valores genéticos para as diferentes medidas de persistência foram também altas e indicaram coincidência na classificação entre várias medidas de persistência (Tabela 2). Em relação a MRA305, as estimativas das correlações de ordem indicaram divergências na classificação dos valores genéticos dos animais para medidas de persistência. A PS6 apresentou a maior divergência e PS2, PS10, PS11 e PS12 as menores.

Segundo DEKKERS et al. (1998) medidas de persistência que apresentam valores medianos de herdabilidade e correlações genéticas de baixas magnitudes com a produção até 305 dias de lactação são as mais adequadas. As medidas PS2, PS10, PS11 e PS12 apresentaram estimativas de correlação próximas a zero com a produção em 305 dias e também foram observadas correlações genéticas e correlações de ordem dos valores genéticos próximas a unidade entre essas medidas. Entretanto, PS10 e PS11 apresentaram estimativas de herdabilidade menores que as medidas PS2 e PS12 que apresentaram estimativas de herdabilidades próximas e moderadas, sendo as medidas mais adequadas para mensuração da persistência da lactação para os dados do presente estudo.

Na Tabela 3, podem ser observadas as estimativas de correlações genéticas entre as medidas de persistência e as PLDC, que evidenciam o aumento das estimativas das correlações ao longo dos meses de lactação à exceção da PS5 que diminuiu. Estes resultados indicam que as medidas de persistência estão relacionadas negativamente com início da lactação (primeiro terço da lactação) e positivamente com o final da lactação. Desta forma, selecionando-se para as PLDC até o sétimo mês de lactação, possivelmente ocorrerá diminuição da persistência da lactação. Já a seleção para PLDC a partir do oitavo mês será acompanhada do aumento da persistência, principalmente no último mês. Deve-se salientar, entretanto, que as correlações genéticas entre as medidas de persistência e a PLDC no último mês são medianas, de modo que a eficiência relativa de seleção variou de 33% (PS12) a 69% (PS9) para as medidas de persistência. Este resultado sugere que a seleção indireta da PS pelas PLDC não é adequada.

Tabela 3. Correlação genética entre as medidas de persistência e os meses de controle.

Medida	mes1	mes2	mes3	mes4	mes5	mes6	mes7	mes8	mes9	mes10
PS1	-0,78	-0,77	-0,71	-0,59	-0,44	-0,27	-0,06	0,19	0,44	0,62
PS2	-0,79	-0,64	-0,45	-0,24	-0,05	0,12	0,28	0,40	0,45	0,42
PS3	-0,82	-0,77	-0,67	-0,53	-0,36	-0,18	0,03	0,25	0,46	0,60
PS4	-0,83	-0,73	-0,58	-0,41	-0,22	-0,03	0,15	0,33	0,47	0,53
PS5	0,63	0,70	0,72	0,67	0,58	0,43	0,24	-0,03	-0,35	-0,62
PS6	-0,70	-0,74	-0,72	-0,65	-0,53	-0,37	-0,16	0,10	0,39	0,63
PS7	-0,78	-0,77	-0,71	-0,59	-0,44	-0,27	-0,06	0,19	0,44	0,62
PS8	-0,83	-0,75	-0,62	-0,45	-0,27	-0,09	0,11	0,30	0,47	0,56
PS9	-0,79	-0,78	-0,70	-0,58	-0,42	-0,25	-0,04	0,20	0,45	0,62
PS10	-0,80	-0,67	-0,49	-0,29	-0,10	0,08	0,24	0,38	0,46	0,45
PS11	-0,79	-0,64	-0,45	-0,25	-0,06	0,12	0,27	0,39	0,45	0,42
PS12	-0,79	-0,65	-0,46	-0,26	-0,06	0,11	0,27	0,39	0,46	0,43

Na Figura 3, pode-se observar as curvas genéticas dos quatro melhores touros de acordo com a classificação dos valores genéticos para MRA305 e com acurácia maior que 60%. Verificam-se “padrões genéticos” diferentes ao longo da lactação para os animais selecionados. Pela classificação de persistência o quarto touro teria valor superior ao terceiro. De modo similar, a Figura 4 são apresentadas as curvas genéticas para os quatro primeiros touros para PS2 e PS12 que tiveram

acurácia dos valores genéticos superior a 60%. Observa-se que os melhores reprodutores para persistência da produção de leite tiveram valores genéticos crescentes ao longo da lactação, sendo estes negativos no início, e, positivos no final da lactação. Desta forma, é possível sugerir que os touros indicados pelas PS tiveram o padrão genético parecido para a curva (valores genéticos iniciais baixos e finais altos), indicando que a persistência está relacionada à forma da curva genética.

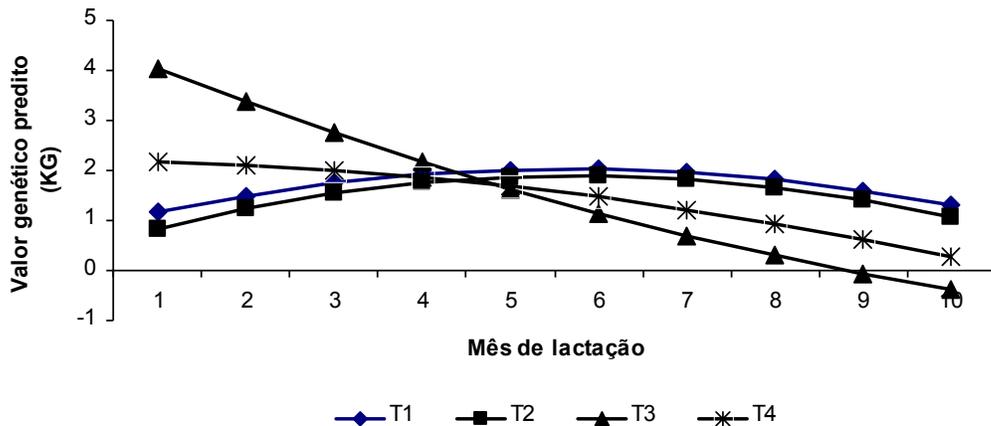


Figura 2. Valores genéticos preditos ao longo da lactação para os quatro melhores touros com acurácia dos valores genéticos para produção de leite até 305 dias de lactação superior a superior a 60%.

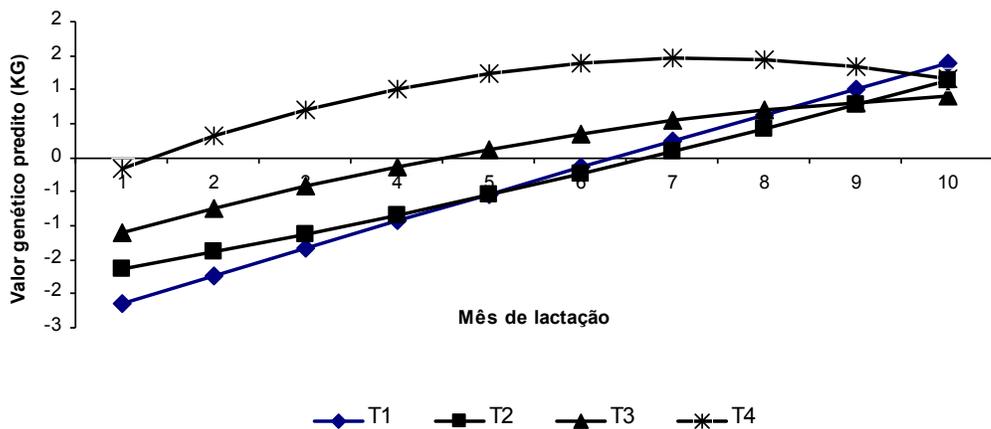


Figura 3. Valores genéticos preditos ao longo da lactação para os quatro melhores touros com acurácia dos valores genéticos para PS2 e PS12 superior a superior a 60%.

A MRA305 é a somatória dos valores genéticos diários até 305 dias, sendo que a seleção para esta característica implicaria na seleção pela curva genética dos animais. Entretanto, os resultados obtidos sugeriram que esta seleção não proporciona melhoras significativas na persistência da lactação dos animais do presente estudo. Estratégias de seleção combinando a característica RRM305 e persistência devem ser mais estudadas.

CONCLUSÕES

Dentre as medidas de persistência da produção de leite avaliadas pela metodologia de regressão aleatória, a PS2 e PS12 devem ser preferidas na avaliação genética desta característica, pois apresentaram herdabilidades moderadas a altas e pouco correlacionadas com a produção de leite acumulada em 305 dias. A seleção indireta para persistência, pela seleção direta para a produção de leite no mês de controle se mostrou inadequada.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

COBUCI, J.A.; EUCLYDES, R. F.; COSTA, C.N.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; PEREIRA, C. S. Análises da persistência na lactação de vacas da raça holandesa, usando produção no dia do controle em modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.2, p.546-554, 2004.

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

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

DEKKERS, J.C.M. JAMROZIK, J.; TEN HAG, J. H.; SCHAEFFER, L. R.; WEERSINK, A. Genetic and economic evaluation of persistency in dairy cattle. Proc. Int. Workshop on Genetic Improvement of function Traits in cattle. **Interbull Bull.** n. 12, p. 97-102. 1996.

DE ROOS, A.P.W.; HARBERS, A.G.F.; DE JONG, G. Random regression test-day model in the Netherlands. **Interbull Bulletin**, n.27, p.155-158, 2001.

EI FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Usando resultados de modelos de regressão aleatória para prever os valores genéticos para produção de leite. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...Pirassununga:SBMA**, 2004.

FREITAS, L. S.; SILVA, M.A.; VERNEQUE, R. S.; VALENTE, B.D.; CORRÊA, G. S.; FERREIRA, R.F.; PEIXOTO, M.G.C.D. Avaliação da persistência na lactação da raça Guzerá, utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.62, n.2, p.401-408, 2010.

GROSSMAN. M.; HARTZ, S.M.; KOOPS, W.P. Persistency of lactation yield: A novel approach. **Journal Dairy Science**, v.82,n.10, p. 2192-2197, 1999.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER. L.R.; DEKKERS, J.C.M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.1217-1226,1997.

JAKOBSEN, J.H.; MADSEN, P.; JENSEN, J.; PEDERSEN, J.; CHRISTENSEN, L. G.; SORENSEN, D. A. Genetic parameters for milkproduction and persistency for Danish Holstein estimated in random regressionmodels using REML. **Journal of Dairy Science**, v.85, n.6, p.1607-1616, 2002.

KISTEMAKER, G. J. Comparison of persistency detest-day models. **Interbull Bulletin**, n. 30, 2003.

MEYER, K.. "WOMBAT" – Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Armidale. Proceedings...Armidale: University of New England, 2006.

MUIR, B.L.; FATEHI, J.; SCHAEFFER, L.R. Genetic relationships between persistency and reproductive performance in first-lactation Canadian Holstein. **Journal of Dairy Science**, v. 87, p. 3029–3037, 2004.

PEREIRA, R. J.. **Medidas de persistência da produção de leite em rebanhos Gir leiteiro utilizando modelos de regressão aleatória**. Viçosa, UFV, 2009. 56p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, 2009.

SOLKNER, J.; FUCHS, W. A comparison of different measures of persistency with special respect to variation of Test-day milk yields. **Livestock Production Science**, v. 16, p. 305-319, 1987.

CAPÍTULO 8 – IMPLICAÇÕES

No contexto da produção animal em nível dos trópicos, a participação das raças de origem indiana possui grande importância, principalmente, através de cruzamentos, pela contribuição em adaptabilidade e rusticidade desses animais. Entre os zebuínos, o Guzerá é uma raça antiga mas sua seleção foi direcionada para trabalho e em menor intensidade, para leite. Diferentemente, as raças taurinas são especializadas devido à maior intensidade de seleção para características produtivas ao longo dos anos com associações de registros genealógicos e programas de seleção. A diferença entre esses grupos genéticos então, não é somente pela origem, mas também pelo aspecto da própria intensidade de seleção dos animais, refletidos nos níveis produtivos. A exemplo disso, a duração de lactação que é mais curta nos animais zebuínos e a forma da curva de lactação. Com base nisso, a avaliação desses animais (zebuínos) não deveria ser, necessariamente, semelhante as das raças européias, mas sim possuir caráter personalizado e serem estudadas alternativas de seleção apropriadas.

Esse estudo teve como objetivo estudar alternativas de avaliações genéticas para a raça Guzerá comparando-as com a avaliação convencional realizada com base na produção acumulada de leite aos 305 dias de lactação. Nesse sentido, foi observado que a aplicação das PLDC como critério de seleção traria ganhos indiretos na produção acumulada em 305 dias (P305), porém, estes seriam menores que quando se selecionou a P305 diretamente. Entretanto, possibilitaria a avaliação precoce pela utilização dessas características (PLDC). Entretanto, as correlações das PLDC com as medidas de persistência (PS), utilizando MRA, indicaram que a seleção das PLDC até aproximadamente a metade da lactação tenderia a diminuir a PS e para PLDC da segunda metade aumentar a PS, embora com baixa eficiência. Sendo assim, a seleção das PLDC antes da metade da lactação não seria indicada por ter como consequência a diminuição da persistência. Pela utilização de um modelo multicaracterísticas de dimensão finita também, foi possível estudar a relação da duração da lactação com a PLDC e P305. Os resultados indicaram que a seleção

para a produção de leite pode trazer ganhos para a duração da lactação (DL) superiores que a seleção direta da DL, principalmente quando selecionado a P305. Já em relação a P305 e a PS, as estimativas de correlações genéticas foram negativas e variaram de baixa a média magnitude, sugerindo que a seleção para P305 tenderia a diminuir a PS, porém com pouca intensidade.

A utilização dos modelos de regressão aleatória (MRA) teve como objetivo ajustar um modelo compatível com a curva de lactação dos animais da raça e de forma que seja possível a utilização desses em avaliações genéticas. Comparando os diferentes MRA ajustados por diferentes funções (paramétricas, polinômios de Legendre e Spline) com o modelo convencional, foi possível verificar, que houve pouca diferença entre estes, sugerindo assim a viabilização dos MRA para as avaliações genéticas da raça. Os MRA trariam então as vantagens observadas neste estudo de avaliação genética para dias específicos e períodos da lactação, aumento de acurácia dos valores genéticos, além de oferecer a possibilidade de avaliação genética da persistência. Entretanto, deve ser realizados estudos que indiquem o comportamento da curva genética estimada com esses modelos para animais de lactação curta.