

MARCELO SILVA DE FREITAS

**UTILIZAÇÃO DE MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA NA AVALIAÇÃO
GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA GIROLANDO**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2003

MARCELO SILVA DE FREITAS

**UTILIZAÇÃO DE MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA NA
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA GIROLANDO**

Tese apresentada à
Universidade Federal de
Viçosa, como parte das
exigências do Programa de
Pós-Graduação em Zootecnia,
para obtenção do título de
Magister Scientiae.

APROVADA: 14 de fevereiro de 2003

Prof. Paulo Sávio Lopes
(Conselheiro)

Pesq. Cláudio Nápolis Costa
(Conselheiro)

Prof^a. Carmen Silva Pereira

Prof. Ricardo Frederico Euclides

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

A Deus.

A meus pais, Ary e Vera, pelo carinho, pela constante orientação e pelos ensinamentos, durante a tese e na vida.

A minhas irmãs, Letícia e Priscilla, pelos incentivos e por estarem sempre ao meu lado.

A meus familiares, pelo grande carinho e apoio nos momentos difíceis.

A meu tio Paulo (*in memoriam*), pelos momentos de alegria e orientação, e por ter plantado a semente das Ciências Agrárias em nossa família.

A tia Salete, que mesmo frente a uma grande saudade, continua a vida com a mesma garra de sempre.

A minha querida Andresa, pelo amor e apoio desde o primeiro momento.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida e pelo conhecimento.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade da realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudo.

À Associação Brasileira dos Criadores de Girolando, pela concessão dos dados de análise, pela amizade e pelo estágio, que contribuiu muito para minha formação.

Ao meu orientador, Professor Robledo de Almeida Torres, pelos ensinamentos, conselhos e pela confiança em meu trabalho.

Aos Prof. Paulo Sávio Lopes, Ricardo Frederico Euclides e Carmen Silva Pereira, pela amizade e confiança, e pelas valiosas sugestões que contribuíram em muito para a conclusão desse trabalho.

Aos pesquisadores da EMBRAPA Gado de Leite, Marcus Cordeiro Durães e Cláudio Nápolis Costa, pelas sugestões e críticas, e pela grande amizade.

Ao grande amigo Cláudio Vieira de Araújo, pelas horas de bate papo sobre gado de leite e pelas aulas de regressão aleatória.

Ao colega Cláudio Melo, de Piracicaba, pelas aulas de DFREML, essenciais para a conclusão da tese.

Aos meus grandes amigos da República dos Brutos, João Luiz, Janderson, Fabrício, Daniel e Fernando, pelo apoio e pela excelente convivência.

A minhas grandes amigas Fernanda e Herluce, pelos momentos de alegria e estudo, essenciais para a minha formação.

Aos amigos do DZO, Lindemberg, Rodolfinho, Guilherme, Marcos Vinícius, Policarpo, Ricardinho, Jaime, Paulinho, Aldrin, Leandro, Pedro, Eduardo, Chico Rennó, e demais colegas, que contribuíram com momentos de alegria, estudos, conselhos e pela convivência.

Aos amigos da Pelada da Violeira, pelos grandes jogos e pelos momentos de convivência e respeito.

Ao Prof. Aloízio, pela luta incondicional pelos estudantes de Zootecnia.

Ao Prof. Geraldo Magela Braga, do Departamento de Economia Rural, pelos valiosos ensinamentos na Iniciação Científica e pela grande amizade.

Ao Adílson, funcionário do DZO, que sempre me ajudou muito.

A todos que, diretamente ou indiretamente, contribuíram na minha formação e na concretização desse trabalho.

BIOGRAFIA

Marcelo Silva de Freitas, filho de Ary Ferreira de Freitas e Vera Lúcia Silva de Freitas, nasceu em Belo Horizonte – MG, em 23 de julho de 1976.

Em 1996, iniciou o curso de graduação em Zootecnia, pela Universidade Federal de Viçosa - MG, graduando-se em março de 2001.

Em abril de 2001, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia, na área de Melhoramento Animal, na Universidade Federal de Viçosa – MG.

Em 14 de fevereiro de 2003, submeteu-se aos exames finais de defesa de tese para obtenção do título de *Magister Scientiae*, em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa – MG.

CONTEÚDO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
INTRODUÇÃO GERAL	1
REVISÃO DE LITERATURA	4
1. Produção de leite no dia do controle e modelos de regressão aleatória.	4
2. Utilização da função de WILMINK em modelos de regressão aleatória.	10
Referências bibliográficas.	18
CAPÍTULO 1 – ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A PRODUÇÃO DE LEITE NO DIA DO CONTROLE DE ANIMAIS DA RAÇA GIROLANDO, UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	22
Resumo	22
Abstract	23
Introdução	24
Material e métodos	26
Resultados e discussão	32
Conclusões	47
Referências bibliográficas	48
CAPÍTULO 2 – AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA GIROLANDO UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA E DE PRODUÇÃO ATÉ 305 DIAS DE LACTAÇÃO	52
Resumo	52
Abstract	53
Introdução	54
Material e métodos	55
Resultados e discussão	63
Conclusões	73
Referências bibliográficas	74
CONCLUSÕES GERAIS	77

RESUMO

FREITAS, Marcelo Silva, M.S., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2003. **Utilização de modelos de regressão aleatória na avaliação genética de animais da raça Girolando.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Conselheiros: Paulo Sávio Lopes e Cláudio Nápolis Costa.

Os objetivos desse estudo foram estimar parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle, utilizando modelos de regressão aleatória e avaliá-los comparativamente ao modelo de ajuste da produção até 305 dias, pela avaliação genética de animais da raça Girolando. Para isso, utilizaram-se 6.840 registros de produção de leite no dia do controle de 973 vacas primíparas da raça Girolando, filhas de 154 touros, em 50 rebanhos supervisionados, no período de 1989 a 2002, pelo serviço de controle leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando, além de registros da produção de leite na lactação até 305 dias de 726 vacas Girolando primíparas, filhas de 108 touros, de diferentes composições raciais Holandês x Gir. Três modelos de regressão aleatória foram gerados a partir de modificações no termo exponencial ($a_3 \exp^{-0,05t}$) da função de WILMINK, para verificar o efeito das modificações nesse termo nas estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos. No modelo W05, o valor $-0,05$ foi mantido, enquanto os modelos W06 e W10 usaram os valores $-0,068$ e $-0,10$, respectivamente, em substituição ao valor $-0,05$, que é o padrão da função. O modelo W05 mostrou-se superior aos demais modelos, pois obteve as menores estimativas de variância residual, valores mais adequados de herdabilidade para cada dia de controle, maiores valores, em geral, de correlações genéticas entre os dias de controle, uma menor incidência de estimativas negativas de correlação entre os controles no início e no final da lactação, além do maior valor do Log máximo da

função de verossimilhança. Com isso, esse modelo foi considerado como o que possibilitou o melhor ajuste da produção de leite no dia do controle dos animais da raça Girolando. No estudo comparativo entre os modelos de regressão aleatória e de produção até 305 dias, as menores estimativas de componentes de variância foram obtidas pelo modelo de regressão aleatória. A estimativa obtida pelo modelo de regressão aleatória, para a herdabilidade até 305 dias, foi 0,31, enquanto a estimativa obtida pelo modelo de produção até 305 dias foi 0,24. Foram observadas alterações significativas nas classificações pelos valores genéticos, de touros e vacas, entre os modelos comparados nesse estudo, confirmando as baixas correlações de ordem, observadas entre essas classificações. Apesar dessas mudanças nas classificações, o ajuste da produção de leite pela utilização de modelo de regressão aleatória oferece diversas vantagens para a predição dos valores genéticos dos animais, como, por exemplo, o maior número de observações por animal, que pode contribuir para maior confiabilidade das avaliações genéticas dos animais dessa raça.

ABSTRACT

FREITAS, Marcelo Silva, M.S., Universidade Federal de Viçosa, February 2003. **Genetic evaluation of Girolando animals using random regression models.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Committee members: Paulo Sávio Lopes e Cláudio Nápolis Costa.

The purposes on this study were estimate test-day milk yield genetic parameters, using random regression models and compare then to a 305d lactation model, by the genetic values of Girolando animals. Data comprising 6,840 test-day milk yield records of 973 Girolando primiparous cows, daughters of 154 bulls, in 50 herds supervised, between 1989 and 2002, by the Girolando Brazilian Association's milk recording service, and full lactation records of 726 Girolando cows, daughters of 108 bulls, from diferents genetic compositions. Three random regression models were generated from changes over the WILMINK function's exponential term ($a_3 \exp^{-0,05t}$), to verify the effect caused by these changes on that term over variance components and genetic parameters estimates. The $-0,05$ value was kept on the W05 model. However, W06 and W10 models used the values $-0,068$ and $-0,10$, respectively, instead of the $-0,05$ value, which is the function's default. W05 model showed the lowest residual variance estimates, better test-day heritability values, greater test-day correlation values, a lower number of negative genetic correlation between test-days in the beginning and in the end of the lactation, and a greater maximum Log of the likelihood function value. These results led to the conclusion that the W05 model had the best fit to Girolando's test-day milk yield. On the comparative study between random regression and 305d lactation models, the lowest variance components were obtained by the random regression model. Heritability estimates obtained by the random

regression model and by the full lactation model, for milk yield up to 305d, were 0.31 and 0.24, respectively. Significant changes were observed in bulls and cows breeding value rankings between models, confirming the low rank correlation estimates. However, milk yield fit using a random regression model can bring some advantages like more records per animal, which can improve the reliability of Girolando animals genetic evaluations.

INTRODUÇÃO GERAL

Os criadores de gado de leite brasileiros iniciaram, na década de 40, os cruzamentos entre animais das raças Gir e Holandês, com o objetivo de explorar a complementariedade em rusticidade e produtividade dessas raças, na tentativa de se criar animais com alta capacidade produtiva em ambientes tropicais e subtropicais. A multiplicação de animais mestiços ocorreu de uma forma intensa, devido à boa produtividade e eficiência reprodutiva, que levou à distribuição desse gado leiteiro mestiço por grande parte do território nacional. Entretanto, essa multiplicação ocorreu de forma desordenada e sem critérios técnicos, inclusive com a utilização de outras raças leiteiras nos cruzamentos, gerando uma população de animais mestiços, em geral, muito rústicos, mas de baixa produtividade.

Em 1988, o Ministério da Agricultura requisitou uma ampla avaliação sobre os resultados obtidos pelos cruzamentos efetuados no Brasil e nesse estudo detectou-se a existência de mais de sessenta cruzamentos entre raças bovinas que não obtiveram nenhum resultado prático. Esse mesmo estudo também revelou a grande preferência dos produtores de leite pelo cruzamento entre animais das raças Gir e Holandês. Com base nessas informações, em 1989, foram criadas as normas para a formação da Raça Girolando, pelo Ministério da Agricultura, com o auxílio técnico da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (Girolando).

Entre 1989 e 1995, a Girolando controlou mais de 170 mil animais, grande parte deles sob controle leiteiro oficial, iniciando assim a formação de uma nova raça de gado de leite: a Girolando. Nesse sentido, o Ministério da Agricultura editou a portaria SDR 030/95, que designava técnicos encarregados de estudos e elaboração de um relatório que concluiria pelo reconhecimento da nova raça. Após o cumprimento destas exigências, a Girolando recebeu a autorização do

Ministério da Agricultura para iniciar o processo de registro genealógico dos animais Girolando, a partir de então reconhecidos, em todo o território nacional, como formadores da raça Girolando, que é fundamentalmente, o produto do cruzamento entre as raças Holandês (H) e Gir (G), visando a fixação da composição racial em 5/8 HG.

O objetivo da Associação Girolando consiste essencialmente na formação de rebanhos produtivos e padronizados, capazes de demonstrar bom desempenho produtivo e reprodutivo em todas as bacias leiteiras do Brasil e de outros países tropicais, objetivando uma produção economicamente viável.

A Associação Girolando é responsável pela realização do controle leiteiro nos rebanhos da raça. Esta prova zootécnica consiste na mensuração e correspondente registro da produção individual das vacas, visando seleção, manejo, pesquisa e promoção da raça. Uma das dificuldades operacionais à maior expansão do controle leiteiro é seu custo relativamente alto, que induz o produtor a deixar de controlar todas as suas vacas durante todo o período da lactação, ou deixar de realizar um controle de uma determinada vaca, causando um aumento no intervalo entre controles subsequentes. Os custos elevados do controle leiteiro têm se tornado um grande obstáculo para a obtenção de uma escrituração zootécnica de qualidade e em quantidade suficiente para boas avaliações genéticas dos animais.

Tais fatos limitam o melhor uso dos modelos tradicionais de ajuste da produção até 305 dias, que necessitam de lactações encerradas, estimadas por um determinado número de controles individuais. Neste contexto, torna-se importante verificar a aplicabilidade de outras metodologias, diferentes dos modelos tradicionais de produção até 305 dias, no sentido de viabilizar as avaliações genéticas para a melhoria da produção de leite da raça Girolando.

Novas metodologias vêm sendo estudadas nos países produtores de leite, e entre essas metodologias, os modelos de regressão aleatória

vêm recebendo um grande destaque. Tais modelos utilizam registros de produção no dia do controle e a partir deles é possível obter estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite em dias de controle específicos, ao longo da lactação. Com o uso de modelos de regressão aleatória pode-se estimar melhor a produção na lactação, mesmo utilizando controles leiteiros de lactações incompletas, o que pode viabilizar o uso de maior número de registros da produção, nas avaliações de vacas e touros.

A Girolando está realizando o Teste de Progênie de touros jovens, em parceria com a Embrapa Gado de Leite e algumas centrais distribuidoras de sêmen, buscando a realização de progresso genético da produção de leite do Girolando.

De modo geral, gastam-se seis anos para se avaliar um touro pela progênie, utilizando-se informações de lactações completas das filhas dos touros. O ajuste da produção de leite no dia do controle permitiria acelerar esse processo, pela diminuição do intervalo de geração, ao se concluir a prova dos touros em menor tempo. Além disso, esse tipo de ajuste possibilitaria a utilização de um maior número de observações por animal, e a correção direta para efeitos fixos que mudam ao longo da lactação, entre os meses de controle, o que poderia levar a uma maior acurácia dos valores genéticos estimados.

O objetivo desse trabalho foi estudar a viabilidade da utilização dos registros da produção de leite no dia do controle para a avaliação genética de animais Girolando. Especificamente, objetivou-se estimar os componentes de covariância e parâmetros genéticos, utilizando-se modelos de regressão aleatória, e comparar estes modelos com o modelo de ajuste da produção de leite na lactação até 305 dias.

REVISÃO DE LITERATURA

1. Produção de leite no dia do controle e modelos de regressão aleatória

Nos últimos anos, houve um crescente aumento no interesse, por parte dos pesquisadores na área de melhoramento de gado de leite, pela utilização das produções no dia do controle para a avaliação genética de animais. Segundo SWALVE (2000), uma forte razão para isso seria uma tendência mundial pela busca da diminuição dos custos do controle leiteiro. Vários esquemas de controle leiteiro têm sido utilizados, além do esquema tradicional de controle mensal, como, por exemplo, controles com intervalos maiores e controles da manhã e da tarde alternados. Um ponto de grande importância é verificar se os métodos tradicionais de avaliação podem combinar as observações vindas de diferentes esquemas de controle leiteiro e se podem, precisamente, estimar a produção na lactação. Outro aspecto seria a utilização da produção no dia do controle na obtenção de preditores dos méritos genéticos dos animais, no sentido de acelerar o processo de seleção e, conseqüentemente, diminuir o intervalo de geração, para aumentar a taxa de ganho genético.

Os modelos de produção no dia do controle têm sido definidos como procedimentos estatísticos que consideram todos os efeitos genéticos e ambientais, diretamente de uma base de produção no dia do controle (PTAK e SCHAEFFER, 1993). Estas metodologias apresentam várias vantagens sobre os modelos tradicionais de produção aos 305 dias. O modelo de produção no dia do controle maximiza a quantidade de informações associadas a cada animal e evita a utilização de fatores de ajustamento para estender lactações parciais (WIGGANS & GODDARD, 1997). Além disso, considera fatores específicos para cada dia de controle, como, por exemplo, grupos de manejo dentro de rebanho e soluciona o problema das diferenças na quantidade de informações

que contribuem para a predição da produção aos 305 dias (REENTS et al., 1995).

Uma alternativa para a utilização da produção no dia do controle seria o ajuste da mesma por modelos de Regressão Aleatória. Segundo COSTA et al. (2002), os modelos de Regressão Aleatória, que ajustam a produção no dia do controle, oferecem um possível aumento na acurácia das avaliações genéticas, pois tais modelos utilizam um número maior de observações por animal, comparando-se com modelos tradicionais de produção até 305 dias, o que seria uma grande vantagem para os programas de melhoramento do Brasil, tanto das raças zebuínas quanto para a raça Girolando, pois são populações com um número reduzido de animais e de observações por animal.

Os Modelos de Regressão Aleatória têm sido reconhecidos, mundialmente, como ideais e recomendados para as análises de dados longitudinais no melhoramento genético animal, pois tais modelos constituem uma forma de se modelar as variâncias e covariâncias ao longo de uma escala de tempo.

Com o objetivo de estimar parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle, EL FARO (1999), utilizando primeiras lactações de vacas da raça Caracu e um modelo de regressão aleatória, obteve as estimativas de herdabilidade entre 0,28 e 0,55, ao longo da lactação, com maiores valores ao final da lactação. As correlações genéticas estimadas entre os controles foram positivas, oscilando de 0,70 a 1,00, com maiores valores entre os controles adjacentes.

Por meio de medidas ponderais entre 19 a 84 meses de idade, referentes a registros de vacas Polled Hereford e de raças sintéticas, MEYER (2000) ajustou modelos de regressão aleatória fenotípica para o efeito de animal, ignorando o parentesco entre eles. Como conclusão, a autora afirma que modelos de regressão aleatória são apropriados para análises de crescimento corporal e que a regressão em polinômios ortogonais não requer pressuposições à priori sobre a forma da curva a

ser modelada. Assim, esta função pode ser recomendada como uma função geral, especialmente nos casos em que o ajustamento dos polinômios de altas ordens é viável.

PTACK & SCHAEFFER (1993) propuseram um modelo de regressão aleatória, para a análise utilizando produções no dia do controle, que incluía covariáveis para descrever a forma geral da curva de lactação dentro de uma mesma subclasse de efeitos fixos para idade e estação de parto. Neste modelo, assumiu-se uma forma padrão da curva de lactação dentro da subclasse de grupo de contemporâneos, e o efeito genético aditivo de animal estimado refletiu diferenças no pico da curva.

SCHAEFFER & DEKKERS (1994) estenderam para o modelo de dia do controle de PTACK & SCHAEFFER (1993), a possibilidade de diferenciação da forma da curva de lactação para cada animal pela inclusão de coeficientes de regressão aleatória. A curva de lactação para cada animal em particular, é considerada como dois conjuntos de regressão no estágio de lactação. O primeiro conjunto refere-se à regressão fixa para todas as vacas pertencentes à mesma subclasse, descrevendo o formato geral para a subclasse. O segundo conjunto refere-se à regressão aleatória para uma determinada vaca, descrevendo o desvio genético em relação à regressão fixa, o que permite cada vaca possuir uma forma diferente de curva de lactação.

Assim, coeficientes de regressão fixa seriam estimados para diferenciar cada subclasse de idade-estação de parto e coeficientes de regressão aleatória seriam estimados para cada animal. Os coeficientes de regressão aleatória seriam similares a características relacionadas a um animal, com a covariância entre animais baseada no parentesco entre eles.

LIU et al. (2001), estimaram os parâmetros genéticos da raça Holandês na Alemanha, utilizando informações de contagem de células somáticas (CCS) e a função logarítmica de ALI & SCHAEFFER (1987).

Os dados foram originados das três primeiras lactações de 1.727.682 vacas e 17.161.866 produções no dia do controle. Os autores observaram herdabilidades para CCS um pouco maiores que 0,20, ao longo das lactações.

EMMERLING et. al. (2002), compararam um modelo tradicional de características múltiplas a um modelo de regressão aleatória, que ajustava as produções no dia do controle de vacas Pardo-Suíço e Simmental, em rebanhos da Alemanha e Áustria, utilizando um polinômio de Legendre de quarto grau. Concluíram que o modelo de regressão aleatória utilizado era perfeitamente aplicável na avaliação conjunta desses países. Além disso, os autores observaram mudanças na classificação dos touros, entre os dois modelos, e atribuíram tal fato ao melhor ajustamento dos efeitos ambientais e à consideração da heterogeneidade de variância entre os períodos de lactação e entre regiões de produção.

LIDAUER et al. (2000), utilizando produções no dia do controle de vacas de rebanhos da Finlândia, estimaram os valores genéticos de três raças utilizadas no país: Ayrshire, Holandês e Finncattle. Segundo os autores, a introdução de um modelo de regressão aleatória, que ajusta as produções no dia do controle, foi preferida pelo melhor ajuste de ambiente do rebanho, e pela obtenção de estimativas de valores genéticos mais detalhadas, com valores genéticos para cada lactação e para cada dia de controle dentro da lactação.

Em estudo objetivando verificar a aplicabilidade de modelos de regressão aleatória na avaliação genética de rebanhos da raça Holandês na Coréia, KIM et al. (2001) estimaram os parâmetros genéticos da produção de leite no dia do controle de vacas primíparas. Segundo esses autores, os modelos de regressão aleatória, usando produções no dia do controle, levam em conta vários fatores de ambiente que afetam cada dia de controle, melhorando, possivelmente, as estimativas dos parâmetros.

Outra aplicação para os modelos de regressão aleatória seria a avaliação genética de animais para a persistência na lactação. Essa persistência pode ser definida como a habilidade da vaca em manter sua produção após atingir o pico de lactação (SÖLKNER & FUCHS, 1987; SWALVE, 1995; GENGLER, 1996; DEKKERS et al., 1996; DEKKERS et al., 1998; TEKERLI et al., 2000). Entretanto, essa característica não tem sido, até o momento, utilizada nos programas de melhoramento de gado de leite. Com o intuito de verificar a utilização da persistência nesses programas, COBUCI (2002) estimou os parâmetros genéticos para a produção de leite, as correlações entre os controles leiteiros e os valores genéticos para a persistência e para a produção aos 305 dias de lactação, utilizando informações de vacas da raça Holandês de Minas Gerais. O autor observou que a persistência na lactação é uma característica de moderada herdabilidade e pouco correlacionada com a produção de leite aos 305 dias, o que permite a seleção de animais para a persistência na lactação, com o objetivo de alterar o formato da curva de lactação.

Com o objetivo de estimar parâmetros genéticos e comparar modelos para a avaliação genética de vacas holandesas, SWALVE (1995) observou que o modelo de produção aos 305 dias apresentou a maior estimativa de herdabilidade (0,39), em relação às estimativas dos modelos de regressão aleatória, e que, ao comparar as classificações dos valores genéticos de touros e vacas, obtidos pelos modelos em estudo, ocorreram pequenas mudanças nas classificações dos touros. Entretanto, a classificação das vacas apresentou grandes variações, de um modelo para outro.

Segundo PTAK & SCHAFFER (1993), vários modelos estatísticos têm sido propostos para a análise de produções no dia do controle, mas o modelo que vem sendo amplamente utilizado é o modelo de repetibilidade. Nesse modelo, produções no dia do controle consecutivas, na mesma lactação, são consideradas como observações repetidas da

mesma característica, e o efeito de ambiente permanente considera as similaridades ambientais entre diferentes dias de controle dentro da mesma lactação. Os autores também citam que modelos de regressão aleatória também têm sido sugeridos. Nesses modelos, dois grupos de regressões da produção de leite, em função dos dias em lactação, são efetuados. O primeiro grupo, de regressão fixa, é atribuído às vacas na mesma subclasse, e o segundo, de regressão aleatória, considera os desvios das vacas em relação aos parâmetros fixos do grupo. Versões de modelos de regressão aleatória para a avaliação de lactações múltiplas têm sido utilizados nas avaliações de contagem de células somáticas na Alemanha (REENTS et al., 1995).

As estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle têm sido apresentadas por diversos autores (KETTUNEN, et al., 1996; MEYER, et al., 1989; PANDER & HILL, 1993; REENTS, et al. 1994; WIGGANS & GODDARD, 1997). Em geral, essas estimativas têm se mostrado similares às estimativas obtidas pelos modelos de produção aos 305 dias, especialmente nos controles no meio da lactação. Entretanto, as estimativas referentes ao início e final da lactação têm sido mais baixas (KETTUNEN, et al., 1996; MEYER, et al., 1989; WIGGANS & GODDARD, 1997). Altas correlações fenotípicas e genéticas têm sido observadas, e mostraram valores próximos a um, entre controles adjacentes (KETTUNEN, et al., 1996; MEYER, et al., 1989; PANDER & HILL, 1993; WIGGANS & GODDARD, 1997).

Apesar da ampla variedade de estudos realizados para se verificar a aplicabilidade dos modelos de regressão aleatória, tal metodologia ainda não está sendo usada, de forma global, nas avaliações genéticas de gado de leite dos diversos países produtores de leite. Torna-se necessário, portanto, mais estudos, com o objetivo de consolidar a avaliação dos modelos de regressão aleatória para ajuste das produções no dia do controle, e sua utilização nos programas de melhoramento de gado de leite.

2. Utilização da Função de WILMINK em Modelos de Regressão Aleatória

Diversos autores têm avaliado diferentes modelos de análises para as produções de leite no dia do controle, em gado de leite, como relatado por GUO & SWALVE (1995), PTAK & SCHAFFER (1993) e SCHAEFFER & DEKKERS (1994). Entretanto, os modelos de regressão aleatória têm sido sugeridos nas avaliações genéticas utilizando as produções no dia do controle, devido a sua habilidade em modelar a curva de lactação de cada animal na população (SCHAEFFER & DEKKERS,1994).

Diversos modelos matemáticos, lineares e não lineares, têm sido propostos para descrever a forma da curva de lactação. JAMROZIK et al. (1997a), compararam vários modelos matemáticos lineares (Tabela 1). Os autores observaram que, com o aumento no número de parâmetros no modelo, melhor foi o ajuste e menor foi o erro médio absoluto do mesmo. O melhor modelo foi o que continha sete parâmetros (GUO et al. 1995). Os autores citam que um modelo com um número menor de parâmetros pode ser tão efetivo quanto outros modelos com vários parâmetros, em avaliações genéticas. Além disso, é esperada uma diminuição no tempo de análise, devido à menor exigência computacional de um modelo com um número reduzido de parâmetros.

Baseando-se nesses resultados preliminares, JAMROZIK et al. (1997a) escolheram as funções de ALI & SCHAEFFER (1987) e WILMINK (1987) para serem usadas nos modelos de regressão aleatória, que seriam comparados entre si. Foram estimados os parâmetros genéticos e preditos os valores genéticos para a produção de leite aos 305 dias, com o objetivo de se realizar essa comparação.

Tabela 1. Modelos lineares para produções no dia do controle, com correlações entre produções predita e real (r) e erro médio absoluto (EMA)¹.

Modelos ²	r	EMA	Referência
$\text{Ln}(y/t) = a + bt$	0.72	4.78	JENKINS et al.
$\text{Ln}(y) = a + b \cdot \text{Ln } t + ct$	0.95	1.29	WOOD (1967)
$\text{Ln}(y) = a + b \cdot \text{Ln } t + ct + dt^{0.5}$	0.96	1.08	BADNER et al.
$\text{Ln}(y) = a + b \cdot \text{Ln } t + ct + dt^2$	0.96	1.08	MORANT et al.
$\text{Ln}(y) = a + bt^{-1} + ct + dt^2$	0.96	1.06	MORANT et al.
$\text{Ln}(y) = a + b \cdot \text{Ln } t + ct + dt^{0.5} + ft^2$	0.97	0.89	BADNER et al.
$y^{-1} = a + bt^{-1} + ct$	0.10	2.05	BADNER et al.
$y^{-1} = a + bt^{-1} + ct + dt^2$	0.77	1.27	BADNER et al.
$y^{-1} = a + bt^{-1} + ct \cdot dt^2 + ft^3$	0.39	1.08	NELDER et al.
$Y = a$	0.65	3.47	GUO et al. (1995)
$Y = a + bt + c \exp(-0.5(\log(t) - 1)/0.6)^2 t^{-1}$	0.95	1.23	GUO et al. (1995)
$Y = a + bt^{0.5} + c \cdot \text{Int}$	0.95	1.23	GUO et al. (1995)
$Y = a + bt + c \exp(-0.05t)$	0.95	1.23	WILMINK (1987)
$Y = a + bt^{0.5} + c \cdot \text{Int} + dt^4$	0.97	1.03	GUO et al. (1995)
$Y = a + b(t/305) + c(t/305)^2 + d \ln(305/t) + e \ln(305/t)^2$	0.97	0.86	ALI & SCHAEFFER
$Y = a + bt + c \sin(x)t^2 + d \sin(x)t^3 + e \exp(-0.055t)$	0.97	0.88	GUO et al. (1995)
$Y = a + bt + ct^2 + dt^3 + f \ln(t)$	0.97	0.86	GUO et al. (1995)
$Y = a + bt + ct^2 + dt^3 + ft^4$	0.97	0.90	GUO et al. (1995)
$Y = a + bt + ct^2 + dt^3 + ft^4 + gt^5 + ht^6$	0.99	0.58	GUO et al. (1995)

¹Tabela adaptada de JAMROZIK et al. (1997a).

²Termos nos modelos: a, b, c, d, e, f, g, h são parâmetros a serem estimados no modelo, t = dias em lactação e x = 0.01.

Com base nos resultados obtidos, JAMROZIK et al. (1997a) observaram que os modelos de regressão aleatória, utilizando as funções de WILMINK e ALI & SCHAEFFER, geraram praticamente a mesma classificação de touros, pelos valores genéticos preditos aos 305 dias. Os autores também observaram que o modelo de regressão aleatória, que utilizou a função de WILMINK para descrever a forma da curva de lactação, exigiu menor recurso computacional e tempo de análise. Entretanto, o modelo que utilizou a função de ALI &

SCHAEFFER produziu menores erros de predição e variâncias do erro de predição.

Desde então, diversos autores têm proposto a utilização da função de WILMINK para as avaliações genéticas via regressão aleatória, devido à sua menor exigência, em termos de recursos computacionais, já que a mesma utiliza somente três parâmetros e demonstra valores satisfatórios de produções estimadas e de variâncias do erro de predição (JAMROZIK, 1997a).

COSTA et al. (2002) utilizaram 8.183 registros de produção de leite no dia do controle, referentes a 1.273 primeiras lactações de vacas da raça Gir, para comparar duas funções, via modelo animal com regressão aleatória. Nesse estudo, as funções comparadas foram a de WILMINK e a de ALI & SCHAEFFER. Os autores observaram que não houve diferenças significativas entre as funções. Entretanto, a função de ALI & SCHAEFFER resultou em menores estimativas de variância residual. As estimativas de herdabilidade, obtidas pelas duas funções, foram semelhantes, alcançando 0,74 no início da lactação e chegando a 0,20 no final da lactação, com exceção do valor de 0,59, obtido pela função de ALI & SCHAEFFER, no início da lactação.

O modelo de regressão aleatória, que ajusta a produção no dia do controle, utilizado no Canadá, é um modelo animal multicaracter que representa a consolidação da utilização da função de WILMINK, na descrição da forma da curva de lactação de cada animal. Tal modelo substituiu o modelo anterior de produção aos 305 dias de lactação, que era adotado (SCHAEFFER et al. 2000). Segundo os autores, as diferenças entre os dois modelos foram significativas, tanto em aplicações práticas quanto em base teórica. O modelo tradicional utilizava produções aos 305 dias, consideradas como medidas repetidas da mesma característica, assumia uma curva de lactação padrão para cada animal, e as informações de produção poderiam ser mais facilmente computadas. Com a adoção do modelo de regressão

aleatória, cada lactação é considerada uma característica distinta e são analisados controles individuais dentro de cada lactação. Além disso, são obtidas curvas de lactação de diferentes formas, para cada animal e lactação, mas, no entanto, é necessária maior quantidade de memória computacional e tempo para avaliação dos dados, provenientes desse modelo.

A função de WILMINK (WILMINK, 1987), escolhida para descrever a curva de lactação, pelo modelo canadense, é dada por:

$$W(t) = \sum_{m=1}^3 b_m Z_{tm}$$

em que $Z_{tm} = (1 - t \exp^{-0,05t})$. Segundo os autores, o valor de $-0,05$ em Z_{tm} foi estimado por WILMINK, utilizando informações de rebanhos da raça Holandês, na Holanda. Entretanto, baseando-se nos dados canadenses, o valor que mostrou maior correlação com a produção verdadeira foi o de $-0,035$, mas o valor que mostrou menor erro médio absoluto foi $-0,07$. As diferenças entre os valores $-0,035$ e $-0,07$ foram, praticamente, não significativas. Com isso, os autores concluíram que o valor proposto por WILMINK, de $-0,05$, seria mantido.

COBUCI (2002), ao utilizar produções de leite no dia do controle de 11.023 vacas primíparas, da raça Holandesa, estimou os parâmetros genéticos, para a produção de leite, em diferentes estágios da lactação. Neste trabalho, foram comparados dois modelos de regressão aleatória: o primeiro modelo utilizava a função de WILMINK para descrever a variância genética aditiva e o efeito de ambiente permanente, considerado constante, e o segundo, a função de WILMINK na descrição das variâncias genética aditiva e permanente de ambiente. O autor verificou que as estimativas de herdabilidade obtidas ao se utilizar o primeiro modelo (0,34 a 0,56) foram superiores às estimativas do segundo modelo (0,15 a 0,31). Com isso, COBUCI (2002) concluiu que o

primeiro modelo, que considerava a variância de ambiente permanente constante, foi inadequado à avaliação do conjunto de dados, pois apresentou elevadas estimativas de herdabilidade para a produção de leite, ao longo da lactação, e ainda cita que estudos adicionais poderiam ser realizados com o objetivo de avaliar se um modelo que considera a variância residual heterogênea, entre períodos da lactação, pode levar à estimação mais acurada de parâmetros genéticos da produção de leite no dia do controle.

Em um estudo, com o objetivo de se avaliar o impacto da aplicação de modelos de regressão aleatória, que ajustam produções de leite, gordura e proteína, no dia do controle, nas avaliações genéticas de gado de leite, REINHARDT et al. (2002) utilizaram produções no dia do controle de vacas da raça Holandês, de rebanhos da Áustria e da Alemanha, em um estudo comparativo entre dois modelos de regressão aleatória, verificando a influência de funções matemáticas nas curvas de lactação fixas: o primeiro modelo utilizava um polinômio de Legendre de terceiro grau (LIU et al., 2001), e o segundo utilizava a função de WILMINK para modelar as curvas de lactação fixas. Os autores observaram alta proporção de touros jovens, nascidos em 1996, no topo da classificação pelos valores genéticos, em 2001. Isso levou a uma análise residual, na qual a inadequação do polinômio de Legendre de terceiro grau foi identificada como sendo a causa para o viés na classificação dos touros. Na Figura 1 é possível observar que o polinômio de Legendre de terceiro grau não consegue ajustar a rápida fase de crescimento na lactação, ou seja, o pico de lactação, adequadamente, mesmo que o polinômio tenha um termo quadrático. Por outro lado, a função de WILMINK demonstrou um ajuste adequado, com o pico de lactação ocorrendo por volta de 50 dias de lactação.

Na Figura 2, verifica-se que parte dos efeitos da curva de lactação, que não foram devidamente ajustados pelo polinômio de Legendre de terceiro grau, foi alocada nos resíduos das produções no dia do controle.

Entretanto, o resíduo médio, resultante da utilização da função de WILMINK, foi próximo a zero, em todos os estágios da lactação, demonstrando um desvio padrão de 10%, ao longo da lactação, com exceção do período final da lactação, demonstrando uma maior eficiência da função de WILMINK na modelagem das curvas fixas de lactação, comparando-se ao polinômio de Legendre de terceiro grau.

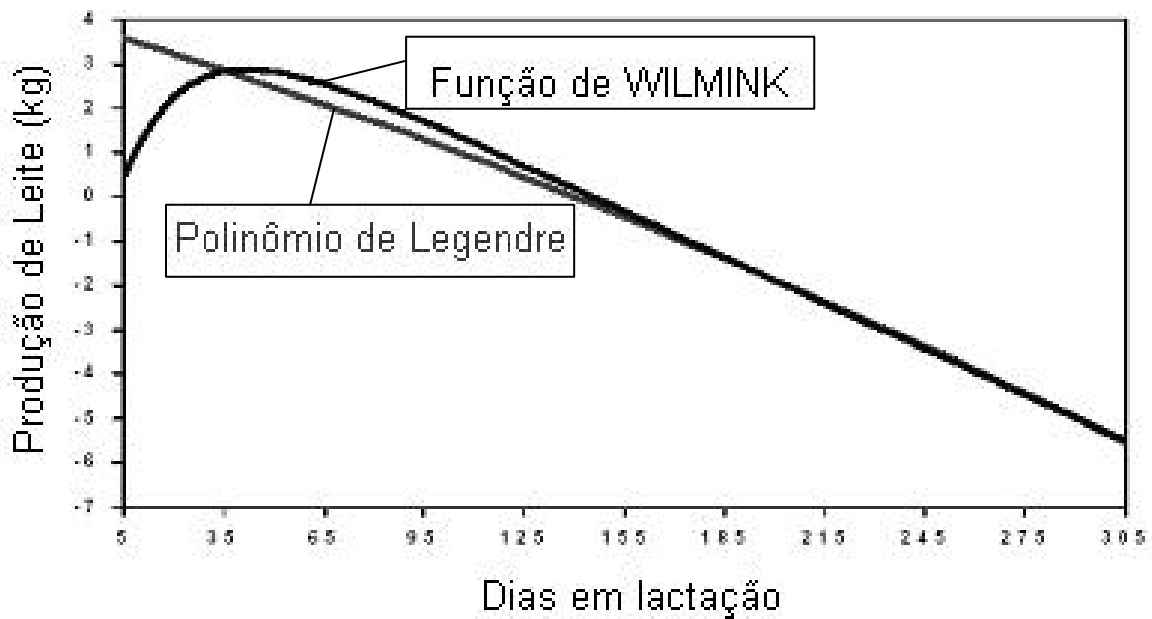


Figura 1. Curvas fixas de lactação estimadas para produções de leite no dia do controle, utilizando o polinômio de Legendre e a função de WILMINK. (Adaptada de REINHARDT et al., 2002).

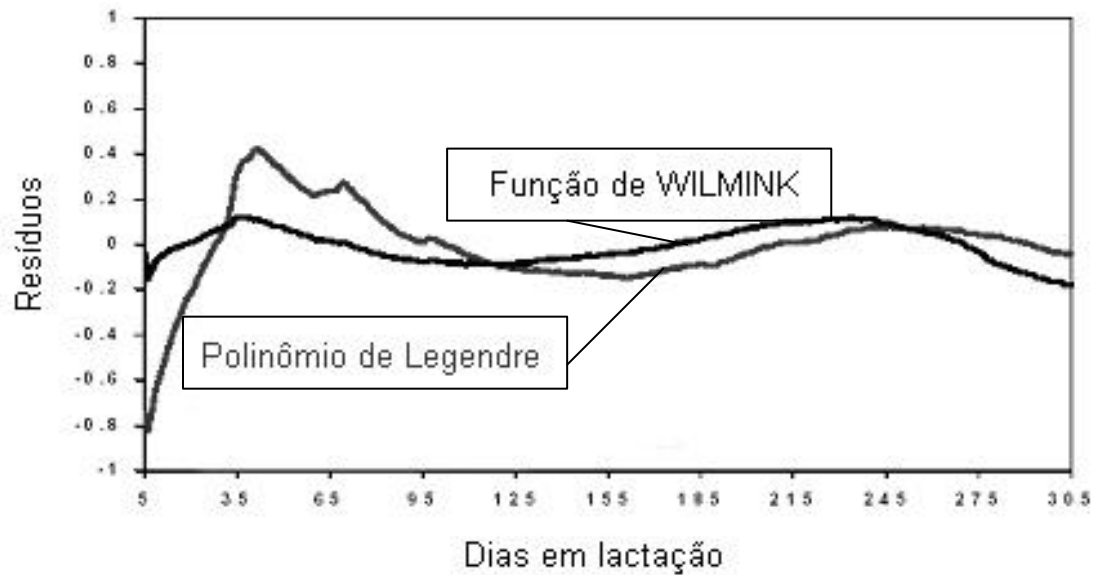


Figura 2. Resíduos médios padronizados utilizando um polinômio de Legendre de terceiro grau e a função de WILMINK para modelar curvas fixas de lactação. (Adaptada de REINHARDT et al., 2002).

Alguns autores propõem a utilização da função de WILMINK de forma modificada. JAKOBSEN et al. (2002) realizaram a seguinte modificação no segundo parâmetro da função de WILMINK:

$$I = a_0 + a_1(DIM / 100) + a_2 \exp(-0,05DIM)$$

em que a_i são os parâmetros da função, referentes à períodos específicos da lactação, e DIM representa os dias em lactação. Como pode ser observado, o parâmetro a_1 é multiplicado pelos dias em lactação (DIM), divididos por 100. Os autores explicam que essa operação reduz o limite das covariáveis, o que melhora as propriedades numéricas da função.

BROTHERSTONE et al. (2000), ao realizar um estudo em que comparou-se polinômios ortogonais e funções paramétricas, também utilizaram a função de WILMINK modificada. Neste estudo, os autores

buscaram detectar funções que melhor se ajustassem às análises de dados de produções de leite no dia do controle. Para isso, utilizaram informações de produções no dia do controle de 7.860 vacas primíparas da raça Holandês. As funções que descreveram as curvas de lactação foram: polinômios ortogonais de terceira, quarta e quinta ordens, duas variações da função de WILMINK e a função proposta por PTAK & SCHAEFFER (1993). Em relação à função de WILMINK, os autores propuseram a modificação do valor $-0,05$ no termo exponencial, e o substituíram pelos valores $-0,068$ e $-0,10$, respectivamente. A modificação baseou-se na avaliação fenotípica das produções médias diárias, mas uma avaliação genética, a partir de um banco de dados reduzido, demonstrou que um melhor ajuste foi obtido quando foi utilizado o valor $-0,068$. Em uma avaliação posterior, utilizando o banco de dados completo, a função de WILMINK com o termo exponencial contendo o valor $-0,068$ produziu um aumento no valor do Log máximo de verossimilhança e reduziu a incidência de correlações negativas entre os controles iniciais e finais da lactação. BROTHERTONE et al. (2000) concluíram que as funções paramétricas de WILMINK e PTAK & SCHAEFFER (1993) se ajustaram melhor aos dados, mesmo exibindo correlações negativas entre os controles do início e do final da lactação, comparando-se com os polinômios ortogonais.

A função de WILMINK tem se mostrado como adequada para modelar curvas de lactação, em modelos de regressão aleatória, pela sua menor exigência, em termos de recursos computacionais e tem apresentado um desempenho semelhante ao de funções com um número maior de parâmetros, como a função de ALI & SCHAEFFER. Além disso, a função de WILMINK tem se mostrado mais eficiente, em relação a outros tipos de curvas, como polinômios ortogonais de terceira ordem e, portanto, tem sido indicada para a avaliação genética em gado de leite, utilizando modelos de regressão aleatória (BROTHERTONE et al., 2000; REINHARDT et al., 2002).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALI, T.E., SCHAEFFER, R. 1987. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. *Can. J. Anim. Sci.*, 67:637-644.
- BADNER, G.B., ANDERSON, C.R. 1985. Evaluation of five lactation curve models fitted from daily milk weights. *J. Dairy Sci.* 68(Suppl. 1)226.(Abstract).
- BROTHERSTONE, S., WHITE, I.M.S., MEYER, K. 2000. genetic modelling of daily milk yield using orthogonal polynomials and parametric curves. *Anim. Sci.* 70:407-415.
- COBUCI, J.A. 2002. Uso de Modelos de Regressão Aleatória na Avaliação da Persistência na Lactação de animais da Raça Holandesa. Viçosa: UFV, 2002, 99p. Dissertação (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, MG, 2002.
- COSTA, C.N., MELO, C.M.R., MACHADO, C.H.C. et al. 2002. Avaliação de funções polinomiais para ajuste da produção de leite no dia do controle de primeiras lactações de vacas Gir com modelo de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, Recife, Pernambuco. Anais... Recife: SBZ, 2002. (CD-ROM).
- DEKKERS, J.C.M., JAMROZIK, J., TEN HAG, J.H., et al. 1996. Genetic and economic evaluation of persistency in dairy cattle. Proc. Int. Workshop on Genetic Improvement of functional Traits in Cattle. *Interbull Bull.* 12:97-102.
- DEKKERS, J.C.M., TEN HAG, J.H., WEERSINK, A. 1998. Economic aspects of persistency of lactation in dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.*, 53:237-252.
- EL FARO, L.; FRIES, L. A.; ALBUQUERQUE, L. C. 1999. Estimação de parâmetros genéticos para produção no dia do controle através de regressão aleatória. In: XXXVI REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 1999, Rio Grande do Sul. *Anais ...* Rio Grande do Sul, p.132.
- EMMERLING, R., LIDAUER, M., MÄNTYSAARI, E.A. 2002. Multiple lactation random regression test-day model for Simmental and Brown Swiss in Germany and Austria. www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin29/Emmerling.pdf. Acessado em novembro de 2002.

- GENGLER, N. 1996. Persistency of lactation yields: A review. Proc. Int. Workshop on Genetic Improvement of functional Traits in Cattle. *Interbull Bull.* 12:97-102.
- GUO, Z., SWALVE, H.H. 1995. Modelling of the lactation curve as a sub-model in the evaluation of test day records. Proc. Interbull Mtg. Prague, International Bull Evaluation Service, Uppsala, Sweden. *Interbull Bull.* No. 11.
- JAKOBSEN, J.H., MADSEN, P., JENSEN, et al. 2002. Genetic Parameters for Milk Production and Persistency for Danish Holsteins Estimated in Random Regression Models using REML. *J. Dairy Sci.* 85:1607–1616.
- JAMROZIK, J., SCHAEFFER, L. R. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation Holstein. *J. Dairy Sci.*, 80(4):762-770
- JAMROZIK, J., SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M.; 1997b. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. *J. Dairy Sci.*, 80(6):1217-1226.
- JAMROZIK, J., KISTEMAKER, G.J., DEKKERS, J.C.M., SCHAEFFER, L.R. 1997a. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. *J. Dairy Sci.*, 80:2550-2556.
- JENKINS, T.G., FERREL, C.L. 1984. A note on lactation curves of crossbred cows. *Anim. Prod.* 39:479.
- KETTUNEN, A., MÄNTYSAARI, E. A. 1996. Estimation of genetic parameters for test day milk production at different stages of lactation in first parity dairy cows. Page 51 in Proc. 47th Annu. Mtg., Eur. Assoc. Anim. Prod. Wageningen Pers, Wageningen, The Netherlands.
- KIM, S.D., HAN, K.J., CHO, J.H., et al. 2001. National Genetic Evaluation for Test-Day Milk Yield of First Parity using Random Regression Test-Day Animal Model in Korean Holstein Cattle. [www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin29/Han.pdf](http://www.interbull.slu.se/bulletins/bulletin29/Han.pdf) . Acessado em novembro de 2002.
- LIDAUER, M., MÄNTYSAARI, E.A., STRADÉN, I. et al. 2000. Multiple trait random regression test-day model for all lactations. Proc. Int. Workshop on Genetic improvement of functional Traits in Cattle. *Interbull Bull.* 25:81-86.

- LIU, Z., REINHARDT, F., REENTS, R. 2001. Parameters estimates of a random regression test day model for first three lactation somatic cell scores. Proc. Int. Workshop on Genetic Improvement of functional Traits in Cattle. *Interbull Bull.* 26:61-65.
- MEYER, K. 2000. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beff cows. *Livest. Prod. Sci.*, 65:19-38.
- MEYER, K., GRASER, H.U., HAMMOND, K. 1989. Estimates of genetic parameters for first lactation test day production of Australian Black and White cows. *Livestock Prod. Sci.*, 21(3):177-199.
- MORANT, S.V., GNANASAKTHY. 1989. A new approach to the mathematical formulation of lactation curves. *Anim. Prod.* 49:151.
- NELDER, J.A. 1966. Inverse polynomials, a useful group of multi-factor response functions. *Biometrics*, 22:128.
- PANDER, B. L., HILL, W. G. 1993. Genetic evaluation of lactation yield from test day records on incomplete lactation. *Livest. Prod. Sci.* 37:23–36.
- PTACK, E.; SCHAEFFER, L. R. 1993. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. *Livestock Production Science*, 34(1):23-34.
- REENTS, R., DEKKERS, J.C.M., SCHAEFFER, L.R.. 1994. Genetic parameters of test day somatic cell counts and production traits. Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Guelph, ON XVII:120–123.
- REENTS, R., JAMROZIK, J., SCHAEFFER, L.R., DEKKERS, J.C.M. 1995. Estimation of genetic parameters for test day records of somatic cell score. *J. Dairy Sci.* 78:2847–2857.
- REINHARDT, F., LIU, Z., BÜNGER, A., DOPP, L., REENTS, R. 2002. Impact of Application of a Random Regression Test Day Model to Production Trait Genetic Evaluations in Dairy Cattle. [www-interbull.slu.se/events/ Programme Interlaaken 2002.pdf](http://www.interbull.slu.se/events/Programme%20Interlaaken%202002.pdf) . Acessado em dezembro de 2002.
- SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. 1994. Random regression in animal models for test day production in dairy cattle. In: Proceedings 5th world congress genetic applied livestock production. Guelph, ON, Canada, p.443-446.

- SCHAEFFER, L. R.; JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G. J.; VAN DOORMAAL, B. J. 2000. Experience with test-day model, *Journal Dairy Science*, 83(5):1135-1144.
- SÖLKNER, J., FUCHS, W. 1987. A comparison of different measures of persistency with special respect to variation of Test-day milk yields. *Livest. Prod. Sci.*, 16:305-319.
- SWALVE, H. H. 1995. The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yields traits, *Journal Dairy Science*, 78(4):929-938.
- SWALVE, H. H. 2000. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluations methods, *Journal Dairy Science*, 83(5):1115-1124.
- TEKERLI, M., AKINCI, Z., DOGAN, I. et al. 2000. Factors affecting the shape of lactation curves of Holstein cows from the Balikesir province of Turkey. *J. Dairy Sci.*, 83(6):1381-1386.
- WIGGANS, G. R.; GODDARD, M. E. 1997. A computationally feasible test day model for genetic evaluation of yield traits in the United States. *Journal Dairy Science*, 80(8):1795-1800.
- WILMINK, J. B. M. 1987. Efficiency of selection for different cumulative milk, fat and protein yields in first lactation. *Livestock Production Science*, 17(3):211-224.
- WOOD, P.D.P. 1967. Algebraic model of the lactation curve in cattle. *Nature (Lond.)* 216:164.

CAPÍTULO 1

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A PRODUÇÃO DE LEITE NO DIA DO CONTROLE, DE ANIMAIS DA RAÇA GIROLANDO, UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Resumo – Foram utilizadas 6.840 informações de produções no dia do controle de 973 vacas, de 50 rebanhos supervisionados, no período de 1989 a 2002, pelo serviço de controle leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (Girolando), na obtenção de estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos da produção de leite no dia do controle. As produções no dia do controle são provenientes de primeiras lactações (completas ou incompletas), de vacas das seguintes composições raciais: 1/2 Holandês:Gir, 5/8 Holandês:Gir, 3/4 Holandês:Gir e 7/8 Holandês:Gir, filhas de 154 touros. Três modelos de regressão aleatória foram gerados a partir de modificações da função de WILMINK, para verificar o efeito dessas modificações nas estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos. No modelo W05, o valor $-0,05$ foi mantido, enquanto nos modelos W06 e W10 foram usados os valores $-0,068$ e $-0,10$, respectivamente, em substituição ao valor $-0,05$, que é o padrão da função. O modelo W05 mostrou-se superior aos demais, resultando, em geral, em menores estimativas de herdabilidade (0,22 a 0,41) e de variância residual, além do maior valor do Log máximo da função de verossimilhança.

Palavras-chave: componentes de variância, parâmetros genéticos, produção de leite no dia do controle, raça Girolando, regressão aleatória.

CHAPTER 1

GENETIC PARAMETERS ESTIMATION FOR TEST-DAY MILK YIELD IN GIROLANDO ANIMALS, USING RANDOM REGRESSION MODELS

Abstract – Data comprising 6,840 test-day milk yield records from 973 first lactation Girolando cows, from 50 herds supervised, between 1989 and 2002, by the Girolando Brazilian Association milk recording service were used to estimate covariance components and genetic parameters. Test-day milk yields came from 973 first lactations (completed or partial) of cows from different genetic compositions: 1/2 Holstein:Gir, 5/8 Holstein:Gir, 3/4 Holstein:Gir e 7/8 Holstein:Gir, daughters of 154 bulls. Three random regression models were generated from changes over the WILMINK function's to verify the effect caused by these changes over variance components and genetic parameters estimates. The -0.05 value was used in the W05 model, and W06 and W10 models used the values -0.068 and $-0,10$, respectively, replacing the -0.05 value, which is the function's default. Model W05 was superior comparing to the other models, because it showed, generally, lower heritability (0.22 to 0.41), residual variance estimates, and the largest maximum Log of the likelyhood function.

Key words: genetic parameters, Girolando breed, random regression, test-day milk yield, variance components.

INTRODUÇÃO

Os modelos de regressão aleatória, que ajustam a produção no dia do controle, têm sido alvo de estudos de diversos autores (SWALVE, 2000; COSTA et al., 2002; LIU et al., 2001; EMMERLING et al., 2002; LIDAUER et al., 2000; KIM et al., 2001; JAKOBSEN et al., 2002; REINHARDT et al., 2002; SCHAEFFER et al., 2000; BROTHERSTONE et al., 2000). Tais modelos consideram os efeitos genéticos e ambientais, observados no dia do controle (PTAK e SCHAEFFER, 1993) e apresentam várias vantagens sobre os modelos tradicionais de ajuste de produção aos 305 dias. Os modelos de regressão aleatória maximizam a quantidade de informações associadas a cada animal e evitam a utilização de fatores de ajustamento para estender lactações parciais (WIGGANS et al., 1997). Além disso, consideram fatores específicos para cada dia de controle, como, por exemplo, grupos de manejo dentro de rebanho e solucionam o problema das diferenças na quantidade de informações que contribuem para a predição da produção aos 305 dias (REENTS et al., 1995).

Uma possível aplicação para os modelos de regressão aleatória seria a sua utilização em programas de melhoramento de países com rebanhos pequenos e sem esquemas bem estabelecidos de controle leiteiro. COSTA et al. (2002) citam que os modelos de regressão aleatória, que ajustam a produção no dia do controle, podem oferecer um aumento na acurácia das avaliações genéticas, pois tais modelos utilizam um número maior de observações por animal, comparando-se com modelos tradicionais de 305 dias, o que seria uma grande vantagem para os programas de melhoramento do Brasil, tanto das raças zebuínas quanto para a raça Girolando, pois são populações com um número reduzido de animais e observações por animal.

Os modelos de regressão aleatória também têm sido sugeridos nas avaliações genéticas, utilizando as produções no dia do controle,

devido a sua habilidade em modelar, separadamente, a curva de lactação de cada animal na população (SCHAEFFER & DEKKERS, 1994).

Diversos autores têm proposto a utilização da função de WILMINK, para modelar as curvas de lactação de animais, devido à sua menor exigência, em termos de recursos computacionais, já que a mesma utiliza somente três parâmetros e demonstra valores satisfatórios de produções estimadas e de variâncias do erro de predição (JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997). Seu desempenho tem sido semelhante ao de algumas curvas com maior número de parâmetros, e alguns autores observaram uma certa superioridade da função em relação aos polinômios ortogonais de terceira ordem (JAMROZIK et al., 1997a; REINHARDT et al., 2002; BROTHERTSTONE et al., 2000).

A função de WILMINK vem sendo utilizada, no Canadá, no modelo de ajuste da produção de leite no dia do controle, na avaliação genética via regressão aleatória. Tal modelo substituiu o modelo anterior de ajuste da produção aos 305 dias de lactação (SCHAEFFER et al., 2000).

Alguns autores propõem a utilização da função de WILMINK, de uma forma modificada, com o intuito de se obter melhor ajuste. Estas modificações podem ser verificadas em JAKOBSEN et al., 2002 ou BROTERSTONE et al., 2000.

O objetivo desse estudo foi estimar os componentes de variância e os parâmetros genéticos da produção de leite no dia do controle, para comparar três formas da função de WILMINK, pela modificação do termo exponencial, por regressão aleatória.

MATERIAL E MÉTODOS

BANCO DE DADOS

Utilizaram-se 14.459 registros de produção de leite no dia do controle de 1.925 primeiras lactações de vacas da raça Girolando, filhas de 597 touros, em 116 rebanhos supervisionados, no período de 1989 a 2002, pelo serviço de controle leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (Girolando).

Com o objetivo de melhorar a qualidade das informações e a consistência das análises, algumas restrições e eliminações foram efetuadas nas observações dos animais. As informações de vacas com idade ao primeiro parto superiores a 47 meses e inferiores a 20 meses foram excluídas do conjunto de dados, assim como as produções no dia do controle inferiores a 1,0 kg de leite, todos os números de controles maiores que 11 e as lactações com menos de quatro controles. As classes de rebanho-ano-mês de controle (RAM) com menos de três vacas foram eliminadas. Além disso, foi exigido o intervalo máximo entre controles consecutivos de 45 dias e a realização do primeiro controle da vaca até 75 dias de lactação.

O arquivo final para as análises continha 6.840 informações de produções no dia do controle de 973 vacas, de 50 rebanhos. As produções no dia do controle são provenientes de primeiras lactações (encerradas ou incompletas), de vacas das seguintes composições raciais: 1/2 Holandês:Gir, 5/8 Holandês:Gir, 3/4 Holandês:Gir e 7/8 Holandês:Gir, filhas de 154 touros.

Os grupos contemporâneos foram definidos pela criação de 796 classes de RAM. As épocas de controle foram definidas como águas (de outubro a março) e seca (de abril a setembro).

Na Tabela 1 são exibidas as médias de produção geral, da duração da lactação, por ordem de controle, da idade ao primeiro parto e

dos dias em lactação (DEL), com seus respectivos desvios-padrão (DP) e coeficientes de variação (CV).

Tabela 1. Médias de produção de leite no dia do controle, geral e por ordem de controle, médias da duração da lactação, da idade ao primeiro parto e dos dias em lactação (DEL), desvios-padrão (DP) e coeficientes de variação (CV) de animais da raça Girolando.

	N*	Média	DP	CV (%)	
Média geral de produção de leite (kg/dia)	6840	12,46	4,79	38,42	
	N	Média	DP		
Duração da lactação (dias)	973	259,02	81,51		
	N	Média	DP	CV (%)	
Idade ao primeiro parto (meses)	973	33,1	4,79	14,48	
Produção por ordem de controle (kg/dia)	N	Média	DP	DEL	DP
1	973	14,15	4,62	24,56	13,37
2	973	14,45	4,66	57,87	16,32
3	973	13,61	4,77	91,46	20,10
4	973	12,65	4,74	125,29	23,24
5	818	11,90	4,56	158,25	25,23
6	700	11,30	4,42	189,96	27,19
7	565	10,56	4,22	220,17	28,95
8	415	10,42	4,10	247,36	28,24
9	253	10,12	4,13	273,91	24,20
10	135	9,56	3,95	302,35	19,60
11	62	9,51	4,41	335,84	20,82

* N é o número de observações.

MODELOS

A função de WILMINK é descrita por:

$$y = a_1 + a_2 t + a_3 \exp^{-0,05t} \quad (1)$$

em que os parâmetros da função são representados por a_1 , a_2 e a_3 . O parâmetro a_1 está associado ao nível de produção de leite inicial; a_2 refere-se à taxa de declínio da produção de leite após o pico de lactação; a_3 representa o crescimento do nível de produção até atingir o pico.

Três modelos de regressão aleatória foram comparados a partir de modificações no termo exponencial ($a_3 \exp^{-0,05t}$) da função. No modelo W05, o valor $-0,05$ foi mantido, enquanto os modelos W06 e W10 usaram os valores $-0,068$ e $-0,10$, respectivamente, em substituição ao valor $-0,05$, que é o padrão da função de WILMINK. Os valores do termo exponencial foram utilizados segundo o estudo realizado por BROTHERTONE et al. (2000). Foi adotada a mesma notação para os três modelos:

$$y_{ijlnq} = GS_i + RAM_j + \sum_{p=1}^2 c_k S_l + \sum_{m=1}^3 \mathbf{b}_m Z_m(t) + \sum_{m=1}^3 \mathbf{a}_{nm} Z_m(t) + \sum_{m=1}^3 \mathbf{P}_{nm} Z_m(t) + e_{ijlnq} \quad (2)$$

em que y_{ijlnq} é a observação q registrada no dia de lactação t do animal n , de grau de sangue i (GS_i), na classe j de rebanho-ano-mês de controle (RAM_j); S_l é a idade ao primeiro parto l , em dias, como covariável, com componentes c_k ($k=1,2$) linear e quadrático; \mathbf{b}_m , \mathbf{a}_{nm} e \mathbf{R}_{nm} são os coeficientes de regressão aleatória para os efeitos fixos e aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, associados aos coeficientes específicos da função de WILMINK, que são representados por $Z'_m(t) = (1 \ t \ d)'$ e $d = \exp^{-0,05t}$.

O modelo (2) pode ser descrito com a notação matricial:

$$y = Xb + Za + Zp + e,$$

em que b inclui os efeitos fixos de grau de sangue e de rebanho-ano-mês de controle, a covariável idade ao primeiro parto e os coeficientes de regressão fixa, específicos da função de WILMINK; a e p incluem os coeficientes de regressão aleatória genética aditiva e de ambiente permanente; X e Z são matrizes de incidência e de covariáveis, respectivamente.

Para os três modelos, foram admitidas as seguintes pressuposições:

$$\begin{Bmatrix} a \\ p \\ e \end{Bmatrix} \sim N(0, V) \quad \text{em que} \quad V = \begin{Bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & P \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \otimes I \end{Bmatrix}$$

em que G é a matriz de (co)variância genética dos coeficientes de regressão aleatória, considerados como sendo os mesmos para todas as vacas; A é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco entre os animais; \otimes é o operador produto direto; P é a matriz de (co)variância de ambiente permanente dos coeficientes de regressão aleatória; I é uma matriz identidade; R é uma matriz de variância residual, diagonal, $R = \text{diag}\{s_{e_k}^2\}$. Para o ajuste do efeito residual, assumiu-se que a variância residual era heterogênea entre e homogêneas dentro dos k grupos de período da lactação, definidos pelos intervalos: até 50 dias, 51 a 100 dias, 101 a 150 dias, 151 a 200 dias, 201 a 250 dias e além de 250 dias de lactação.

COMPONENTES DE VARIÂNCIA E COVARIÂNCIA

Em modelos de regressão aleatória, a variância genética para cada produção no dia de controle t é uma função das covariáveis no modelo. Para o dia t de lactação, tem-se que:

$$Z_t = (1 \quad t \quad \exp^{-0,05t})'$$

Portanto, a estimativa da variância genética para a produção no dia t de controle é definida por:

$$\hat{g}_{tt} = Z_t' \hat{G} Z_t$$

A estimativa para a covariância genética entre as produções nos dias de controle t e t' é dada por:

$$\hat{g}_{t't} = Z_{t'}' \hat{G} Z_t$$

em que \hat{G} é a matriz de variâncias e covariâncias genéticas entre os coeficientes de regressão aleatória e Z_t é o vetor de covariáveis referente à produção no dia do controle t .

As variâncias e covariâncias de ambiente permanente são definidas por, respectivamente:

$$\hat{p}_{tt} = Z_t' \hat{P} Z_t \quad \text{e} \quad \hat{p}_{t't} = Z_{t'}' \hat{P} Z_t$$

em que \hat{P} é a matriz de variâncias e covariâncias de efeito permanente entre os coeficientes de regressão aleatória.

Os componentes de (co)variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando-se o programa DXMRR

(MEYER, 1998). Este programa possui vários algoritmos para a maximização da verossimilhança, tais como o AI-REML (JOHNSON & THOMPSON, 1995), o SIMPLEX (NELDER & MEAD, 1965) e o POWELL (POWELL, 1964), o qual foi utilizado nesse estudo. As análises foram conduzidas em um computador Duron 800, com 128 Mb de memória RAM. O critério de convergência utilizado foi de 10^{-9} .

PARÂMETROS GENÉTICOS

A estimativa da herdabilidade para cada dia t de controle foi obtida por:

$$\hat{h}_t^2 = \frac{\hat{g}_t}{\hat{g}_t + \hat{p}_t + \hat{s}_{ek}^2}$$

em que \hat{g}_t é o estimador da variância genética aditiva no dia t de controle; \hat{p}_t é o estimador da variância de ambiente permanente; \hat{s}_{ek}^2 é o estimador da variância residual, do grupo de período da lactação em que se inclui o dia t de controle.

As estimativas de correlações genéticas e de ambiente permanente, entre os dias de lactação t e t' são definidas por, respectivamente:

$$\hat{r}_{\hat{g}_{t't}} = \frac{\hat{g}_{t't}}{\sqrt{(\hat{g}_{t't} * \hat{g}_t)}} \quad \text{e} \quad \hat{r}_{\hat{p}_{t't}} = \frac{\hat{p}_{t't}}{\sqrt{(\hat{p}_{t't} * \hat{p}_t)}}$$

RESULTADOS E DISCUSSÃO

(Co)variâncias e correlações entre os coeficientes de regressão aleatória

Na Tabela 2, são apresentadas as estimativas de (co)variância genética e de ambiente permanente dos coeficientes de regressão aleatória, referentes aos modelos W05, W06 e W10.

Tabela 2. Estimativas de (co)variância genética e de ambiente permanente dos coeficientes de regressão aleatória, obtidas pelos modelos W05, W06 e W10.

Componentes		Componentes de (co)variância		
		W05	W06	W10
Coeficientes de regressão genéticos aditivos	a1 a1	9,45372	8,61421	7,71966
	a1 a2	-0,04094	-0,03791	-0,03474
	a1 a3	-7,32369	-7,35386	-7,45928
	a2 a2	0,00022	0,00022	0,00021
	a2 a3	0,00962	0,00750	0,00330
	a3 a3	18,53083	23,41808	31,94334
Coeficientes de regressão de ambiente permanente	p1 p1	6,41520	6,23372	6,25175
	p1 p2	-0,00838	-0,00755	-0,00725
	p1 p3	-6,16446	-6,50579	-8,68160
	p2 p2	0,00004	0,00004	0,00004
	p2 p3	0,02986	0,02911	0,03367
	p3 p3	20,60445	21,73074	32,85006

a1, a2 e a3 – coeficientes de regressão genéticos aditivos, p1, p2 e p3 – coeficientes de regressão de ambiente permanente, referentes as covariáveis $Z_1=1$, $Z_2=t$ e $Z_3=\exp(-Z_4*t)$, da função de WILMINK, em que $Z_4=0,05$, $0,068$ e $0,10$, nos modelos W05, W06 e W10, respectivamente.

Foram observadas diferenças entre as estimativas de (co)variância genética e de ambiente permanente dos modelos W05, W06 e W10, respectivamente, pela utilização dos valores $0,05$, $0,068$ e $0,10$, no termo exponencial da função de WILMINK. BROTHSTONE et al. (2000) observaram valores de (co)variâncias genéticas aditivas, em geral, menores que os obtidos nesse estudo, utilizando os valores $0,068$ e $0,10$ no termo exponencial da função de WILMINK.

Na Tabela 3, encontram-se as estimativas obtidas para as correlações genéticas e de ambiente permanente entre os coeficientes de regressão aleatória dos modelos W05, W06 e W10. Observou-se que houve estimativas de correlações negativas entre os termos **a1** e **a2** e entre **a1** e **a3**. Isso sugere que os animais com maior nível de produção inicial, o qual é determinado pelo coeficiente **a1**, tendem a apresentar uma menor taxa de declínio da produção após o pico, determinada por **a2**, e um menor crescimento da produção em direção ao pico de lactação, determinado por **a3**. Entretanto, as baixas correlações positivas entre os coeficientes **a2** e **a3** indicam que, na raça Girolando, há pouca associação entre as taxas de crescimento da produção até o pico de lactação e entre as taxas de declínio da produção após o pico.

Tabela 3. Estimativas das correlações genéticas e de ambiente permanente entre os coeficientes de regressão aleatória, referentes aos modelos W05, W06 e W10.

		W05	W06	W10
Componentes		Correlações genéticas		
Coefficientes de regressão genéticos aditivos	a1 a2	-0,889	-0,878	-0,864
	a1 a3	-0,553	-0,518	-0,475
	a2 a3	0,149	0,105	0,04
		Correlações de ambiente permanente		
Coefficientes de regressão de ambiente permanente	p1 p2	-0,497	-0,476	-0,482
	p1 p3	-0,536	-0,559	-0,606
	p2 p3	0,988	0,984	0,977

a1, a2 e a3 – coeficientes de regressão genéticos aditivos, p1, p2 e p3 – coeficientes de regressão de ambiente permanente, referentes as covariáveis $Z_1=1$, $Z_2=t$ e $Z_3=\exp(-Z_4*t)$, da função de WILMINK, em que $Z_4=0,05$, $0,068$ e $0,10$, nos modelos W05, W06 e W10, respectivamente.

Tal fato também foi observado por COBUCI (2002), em estudo de avaliação da persistência na lactação de vacas da raça Holandês, utilizando modelos de regressão aleatória.

Componentes de variância para a produção de leite no dia do controle

As estimativas dos componentes de variância para a produção de leite no dia do controle, referentes aos modelos W05, W06 e W10 são apresentadas na Tabela 4.

Tabela 4. Estimativas das variâncias genética aditiva (Va), de ambiente permanente (Vp), residual (Vr) e fenotípica (Vf), referentes aos modelos W05, W06 e W10.

DEL*	W05				W06				W10			
	Va	Vp	Vr	Vf	Va	Vp	Vr	Vf	Va	Vp	Vr	Vf
5	9,033	9,392	3,353	21,779	9,618	8,207	3,809	21,636	10,030	8,025	4,312	22,366
35	4,956	4,735	3,353	13,044	5,104	4,915	3,809	13,829	5,123	5,349	4,312	14,784
65	4,535	5,236	2,916	12,688	4,424	5,308	2,897	12,629	4,060	5,430	2,916	12,406
95	3,552	5,181	2,916	11,650	3,333	5,148	2,897	11,378	3,003	5,192	2,916	11,112
125	2,682	5,010	2,430	10,122	2,509	4,975	2,491	9,976	2,303	5,002	2,531	9,837
155	2,149	4,879	2,233	9,262	2,060	4,865	2,257	9,182	1,980	4,875	2,270	9,125
185	2,004	4,822	2,233	9,059	1,999	4,826	2,257	9,082	2,033	4,813	2,270	9,116
215	2,258	4,844	2,387	9,490	2,328	4,859	2,391	9,579	2,463	4,816	2,395	9,674
245	2,915	4,946	2,387	10,248	3,048	4,964	2,391	10,403	3,269	4,884	2,395	10,549
275	3,973	5,128	2,721	11,823	4,157	5,141	2,793	12,091	4,453	5,016	2,841	12,310
305	5,434	5,391	2,721	13,547	5,657	5,390	2,793	13,840	6,013	5,214	2,841	14,068

* Dias em lactação.

Observa-se na Tabela 4 e Figura 1 que as estimativas de variância genética aditiva foram maiores no início e no fim da lactação, e foram menores ao redor de 185 dias de lactação. Houve uma queda acentuada nas estimativas obtidas pelos três modelos, até os 35 dias de lactação. Fato semelhante também foi observado por COBUCI (2002), JAMROZIK et al. (1997b), REKAYA et al. (1999) e KETTUNEN et al. (2000).

O modelo W10 apresentou estimativas maiores que os modelos W05 e W06, nos períodos até 35 dias e após os 185 dias de lactação. Entretanto, apresentou os valores mais baixos entre os dias 35 e 185 de lactação. Por sua vez, o modelo W06 exibiu valores intermediários, em relação aos outros modelos, ao longo de toda a lactação.

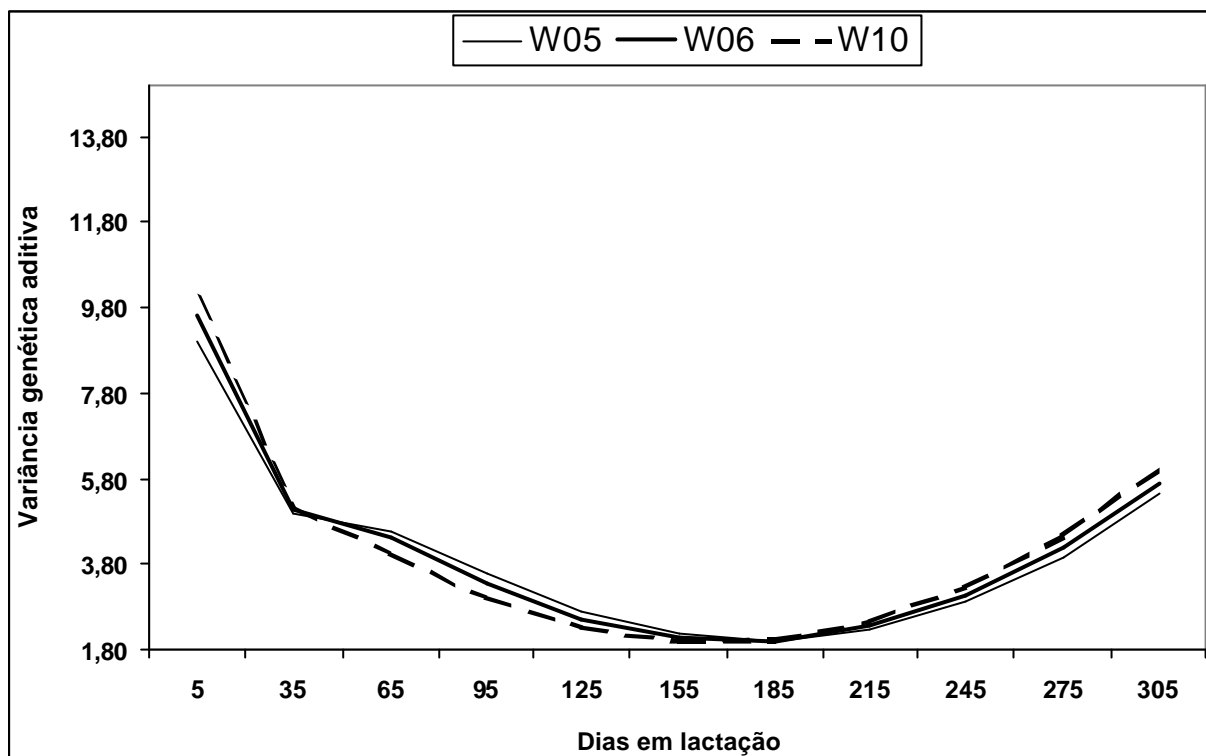


Figura 1. Estimativas da variância genética aditiva obtidas pelos modelos W05, W06 e W10, entre os dias 5 e 305 de lactação.

Na Figura 2 está representada a variância de ambiente permanente, referente aos modelos W05, W06 e W10.

As estimativas de variância de ambiente permanente dos modelos em estudo foram semelhantes, após os 65 dias de lactação. Observou-se um grande declínio nos valores, no período de 5 a 35 dias de lactação, o que também foi observado com as estimativas da variância genética aditiva.

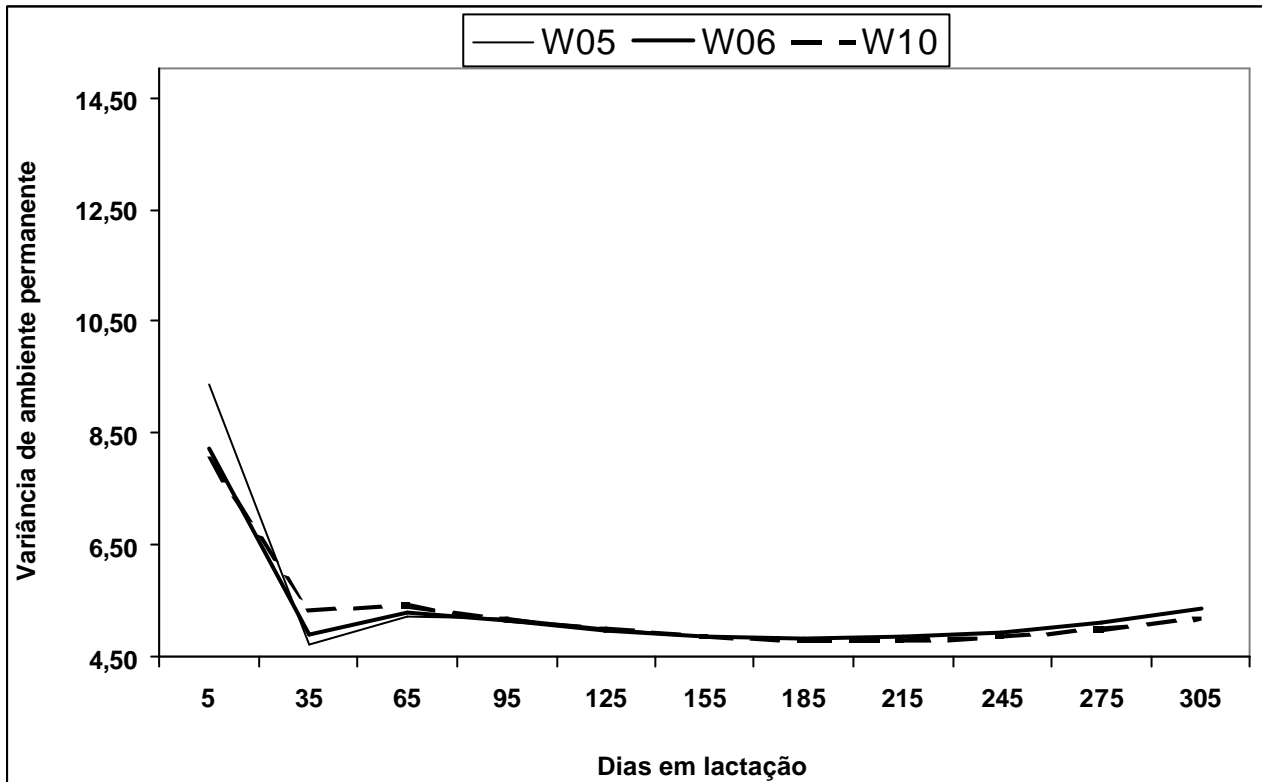


Figura 2. Estimativas da variância de ambiente permanente obtidas pelos modelos W05, W06 e W10, entre os dias 5 e 305 de lactação.

As estimativas das variâncias residuais, obtidas pelos modelos W05, W06 e W10, referentes aos grupos de períodos de lactação, definidos anteriormente, são apresentadas na Figura 3. Observou-se que o modelo W05 obteve as menores estimativas de variância residual, ao longo da lactação, ao contrário do modelo W10, o qual apresentou estimativas mais altas de variância residual, comparando-se aos modelos W05 e W06. Isso sugere que o modelo W05 oferece um melhor ajustamento e aumenta a habilidade da função de WILMINK em modelar a produção de leite no dia do controle, principalmente no final da lactação.

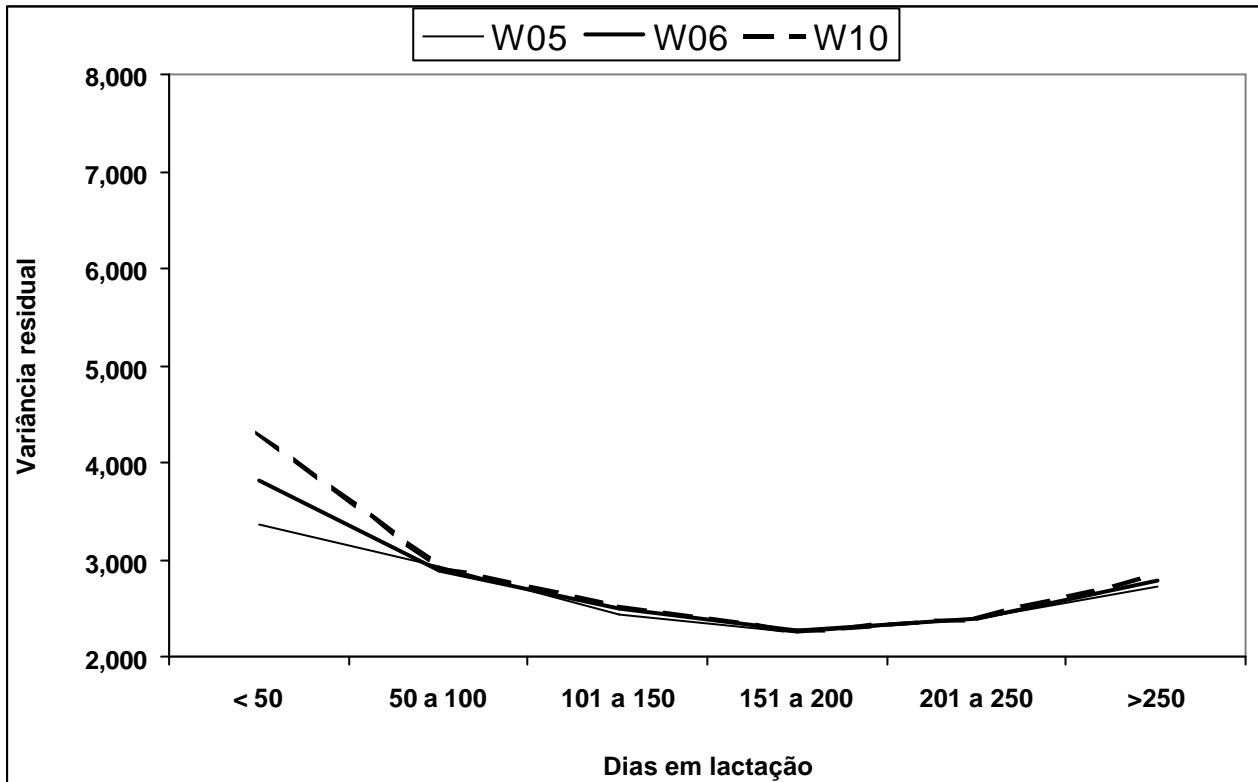


Figura 3. Estimativas da variância residual, obtidas pelos modelos W05, W06 e W10, nos diversos grupos de período da lactação.

Os valores obtidos neste estudo foram diferentes daqueles obtidos por BROTHERSTONE et al. (2000), que observaram menores estimativas de variância residual no início (próximas a zero) e maiores estimativas no final da lactação. Os autores citam que o modelo que utilizou o valor 0,068 no termo exponencial da função de WILMINK apresentou um melhor ajuste aos dados, quando comparado ao modelo que usou o valor 0,10. Tal fato também foi observado nesse estudo, já que o modelo W06 apresentou menores variâncias residuais, ao longo da lactação, que o modelo W10.

Segundo BROTHERSTONE et al. (2000), as estimativas de variâncias residuais podem ser maiores no início da lactação, possivelmente devido ao fato de que algumas vacas ainda não se adaptaram ao procedimento de ordenha e devido a problemas de saúde

no pós-parto, e no encerramento da lactação. Um fato que pode ter contribuído para os valores elevados das estimativas de variância residual no final da lactação dos animais Girolando seria a duração da lactação, que geralmente não chega aos 305 dias, já que a média da duração da lactação da raça Girolando é de 259 dias.

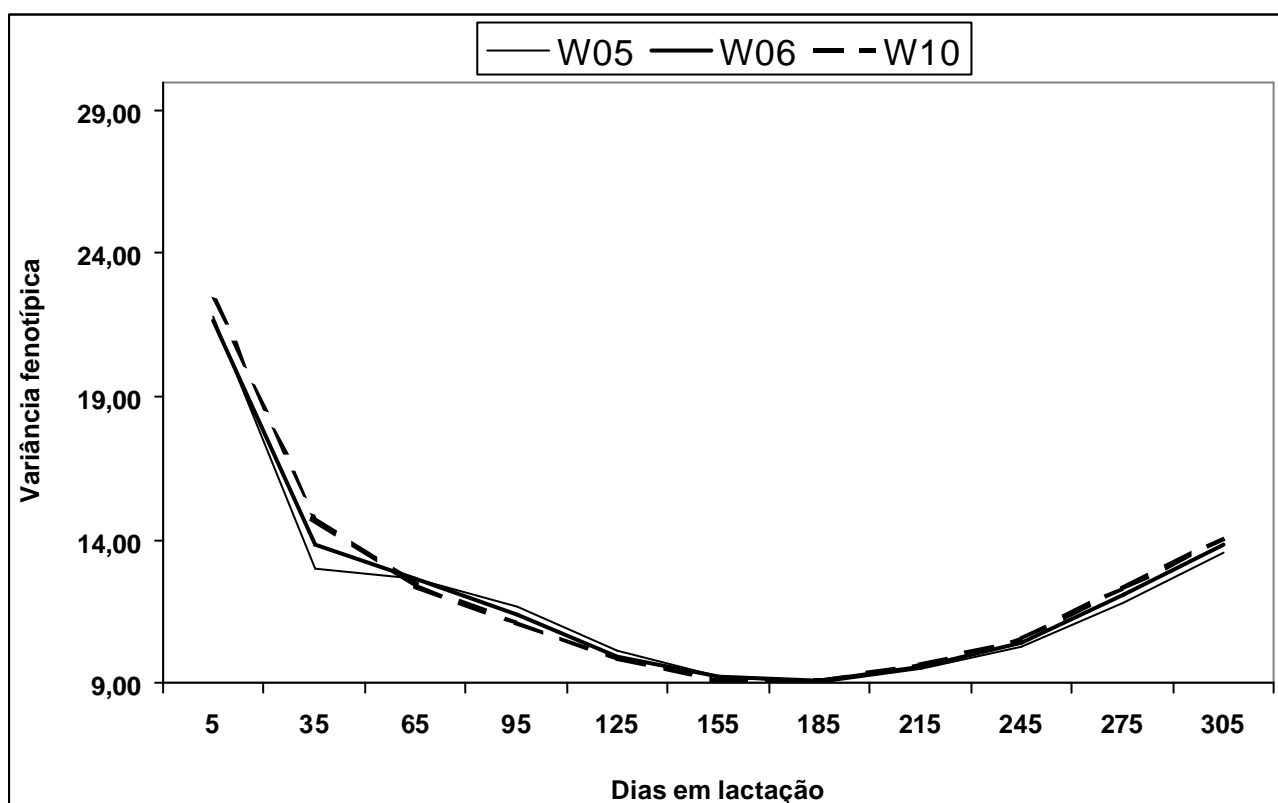


Figura 4. Estimativas da variância fenotípica obtidas pelos modelos W05, W06 e W10, entre os dias 5 e 305 de lactação.

Os modelos W05, W06 e W10 apresentaram estimativas semelhantes de variância fenotípica (Figura 4), até 35 dias e após 65 dias de lactação. Foram observadas estimativas mais altas no início da lactação e um declínio acentuado das mesmas, como havia ocorrido com as variâncias genética aditiva e de ambiente permanente, dos modelos em estudo.

Parâmetros genéticos

As estimativas de herdabilidade (Figura 5), obtidas nesse estudo, variaram de 0,22 a 0,41, 0,22 a 0,44 e 0,22 a 0,45, para os modelos W05, W06 e W10, respectivamente. COSTA et al. (2002), utilizando informações de produção no dia do controle de vacas da raça Gir, observaram estimativas de herdabilidade entre 0,20 e 0,70. COBUCI (2002), entretanto, obteve valores mais baixos, entre 0,15 e 0,31, utilizando dados de animais da raça Holandesa, de rebanhos de Minas Gerais.

No período inicial da lactação, até 20 dias, o modelo W05 apresentou as menores estimativas de herdabilidade, em relação aos outros modelos, chegando ao valor de 0,38. Entretanto, no período entre os dias 35 e 155, o modelo que apresentou as menores estimativas foi o W10. Após os 185 dias de lactação, o modelo W05 voltou a apresentar as menores estimativas de herdabilidade, variando de 0,22 até 0,42. JAMROZIK et al. (1997b) também observaram o valor de 0,38 no período inicial da lactação, estudando o uso da função de WILMINK em modelos de regressão aleatória, na avaliação genética de rebanhos da raça Holandês no Canadá.

Em geral, as estimativas das herdabilidades obtidas pelos três modelos foram maiores no início e no final da lactação, chegando a 0,42 (W05) e 0,45 (W06 e W10), como mostra a Figura 5. GENGLER et al. (1999), utilizando produções no dia do controle de vacas holandesas de rebanhos dos Estados Unidos, dividiram a lactação em quatro períodos de 75 dias, e observaram estimativas de 0,15 a 0,21, no início e no final da lactação, respectivamente, sendo essas estimativas menores que as obtidas nesse estudo.

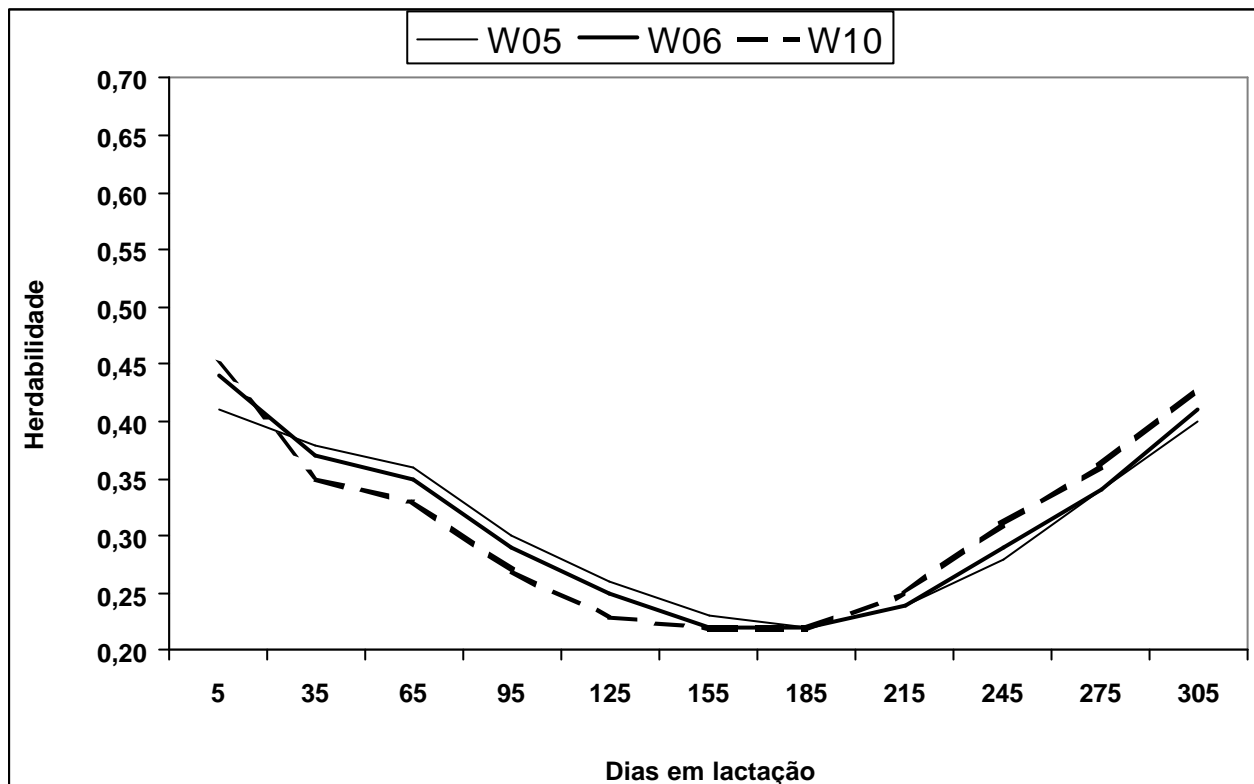


Figura 5. Estimativas de herdabilidade obtidas pelos modelos W05, W06 e W10, entre os dias 5 e 305 de lactação.

Diversos autores têm estimado as herdabilidades para as produções de leite no dia do controle, utilizando diversas funções e modelos (PANDER et al., 1992; SWALVE, 1995; VARGAS et al., 1998; REKAYA et al., 1999). Eles observaram estimativas maiores no meio da lactação e menores no início e final da lactação, o que contradiz as estimativas obtidas nesse estudo. Entretanto, as curvas de herdabilidade obtidas nesse estudo estão de acordo com os resultados observados por KIM et al. (2001) e com os resultados de JAMROZIK & SCHAEFFER (1997), que utilizaram informações de produções de leite no dia do controle de vacas primíparas da raça Holandês, em modelo de regressão aleatória.

A tendência geral das curvas de herdabilidade, obtidas nesse estudo, foi diferente das tendências das curvas observadas em alguns

estudos anteriores. BROOTHERSTONE et al. (2000) obtiveram valores menores de herdabilidade no início da lactação e maiores ao final da lactação. Entretanto, COSTA et al. (2002) observaram valores altos de herdabilidade no início da lactação e a diminuição desses valores em direção ao final da lactação.

São exibidas, na Figura 6, as estimativas das correlações genéticas do dia 5 (início da lactação) com o restante dos dias em lactação. Todos os modelos obtiveram estimativas negativas de correlação genética, a partir dos 110 dias de lactação. Entretanto, os modelos W06 e W10 demonstraram valores negativos já a partir dos 100 dias de lactação. COBUCCI (2002) não obteve estimativas de correlações genéticas negativas utilizando um modelo que ajustava a função de WILMINK para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente. Entretanto, o autor observou valores negativos de correlação genética quando utilizou um modelo de regressão aleatória que considerava a variância de ambiente permanente constante.

BROOTHERSTONE et al. (2000), observaram estimativas negativas entre o primeiro controle e os controles a partir dos 42 dias de lactação. Os autores citam que funções paramétricas, como WILMINK, exibem uma certa inabilidade para modelar a associação entre as produções no início e fim da lactação, resultando em estimativas de correlações genéticas negativas entre o início da lactação e o restante da lactação.

Em geral, foram observadas correlações genéticas altas e próximas da unidade, entre as produções de controles adjacentes, e os valores de correlação foram diminuindo com o aumento do intervalo entre os controles. Tal fato também foi relatado por COBUCCI (2002), COSTA et al. (2002), REKAYA et al. (1999), OLORI et al. (1999) e KETTUNEN et al. (2000).

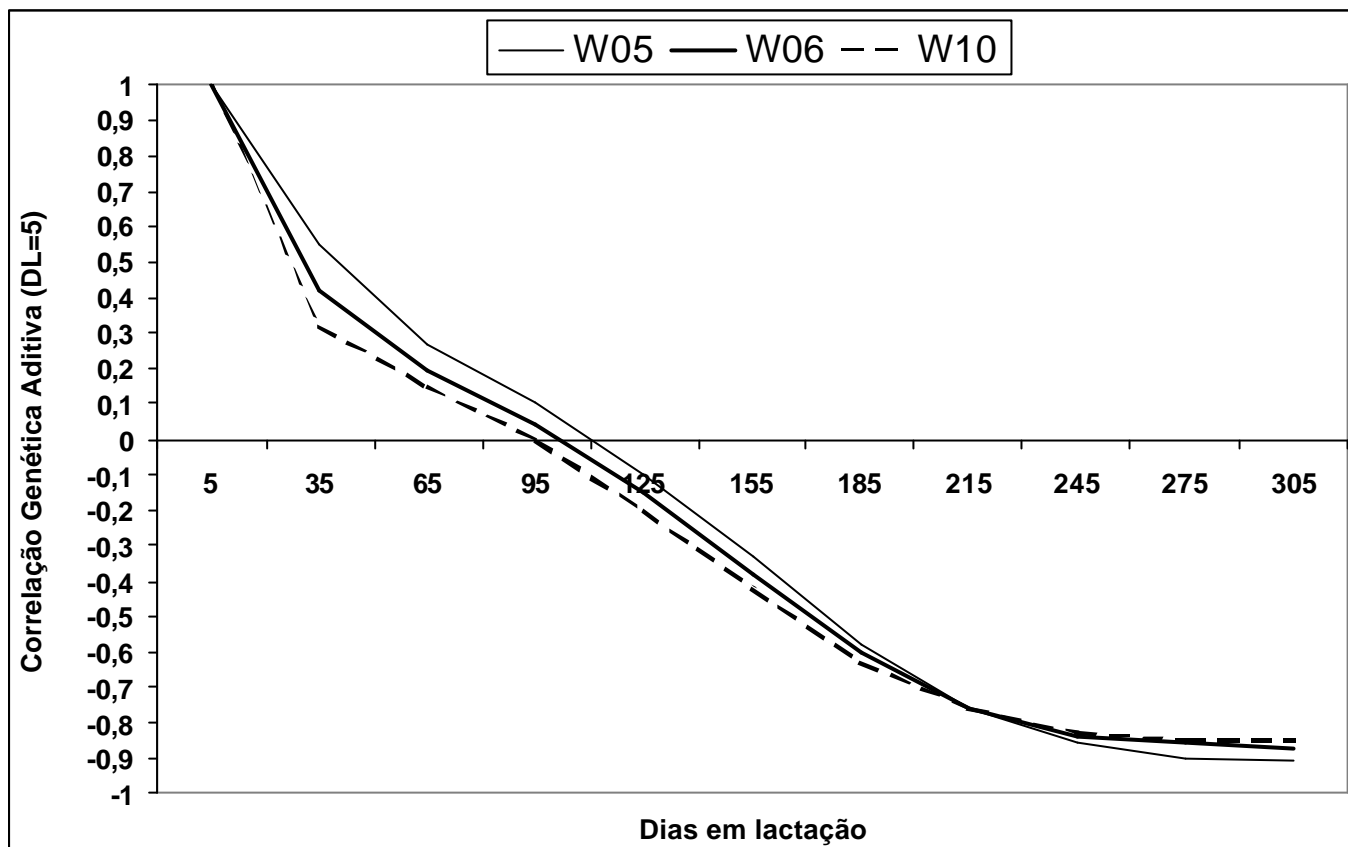


Figura 6. Estimativas de correlações genéticas obtidas pelos modelos W05, W06 e W10, entre o dia de lactação 5 e o restante da lactação.

Na Figura 7 estão representadas as correlações genéticas entre o dia 305 (final da lactação) e os períodos iniciais da lactação. Observou-se que as estimativas de correlações genéticas negativas somente ocorreram até o dia 100 de lactação, aproximadamente. O modelo W05 apresentou estimativas negativas de correlação genética até o dia 110 de lactação, ao passo que os modelos W06 e W10 obtiveram estimativas negativas até os 100 dias de lactação, aproximadamente.

As estimativas de correlações genéticas obtidas nesse estudo sugerem que a função de WILMINK é mais eficiente na modelação da associação entre as produções no final da lactação e as demais produções nos períodos iniciais da lactação, já que foi observado um

número menor de estimativas negativas entre o fim e o início da lactação, do que entre o início e o final da lactação. Além disso, observou-se que o modelo W10 resultou em um número menor de estimativas negativas de correlação entre o período final e o resto da lactação e o modelo W05 gerou um número menor de estimativas negativas entre o início e o restante da lactação.

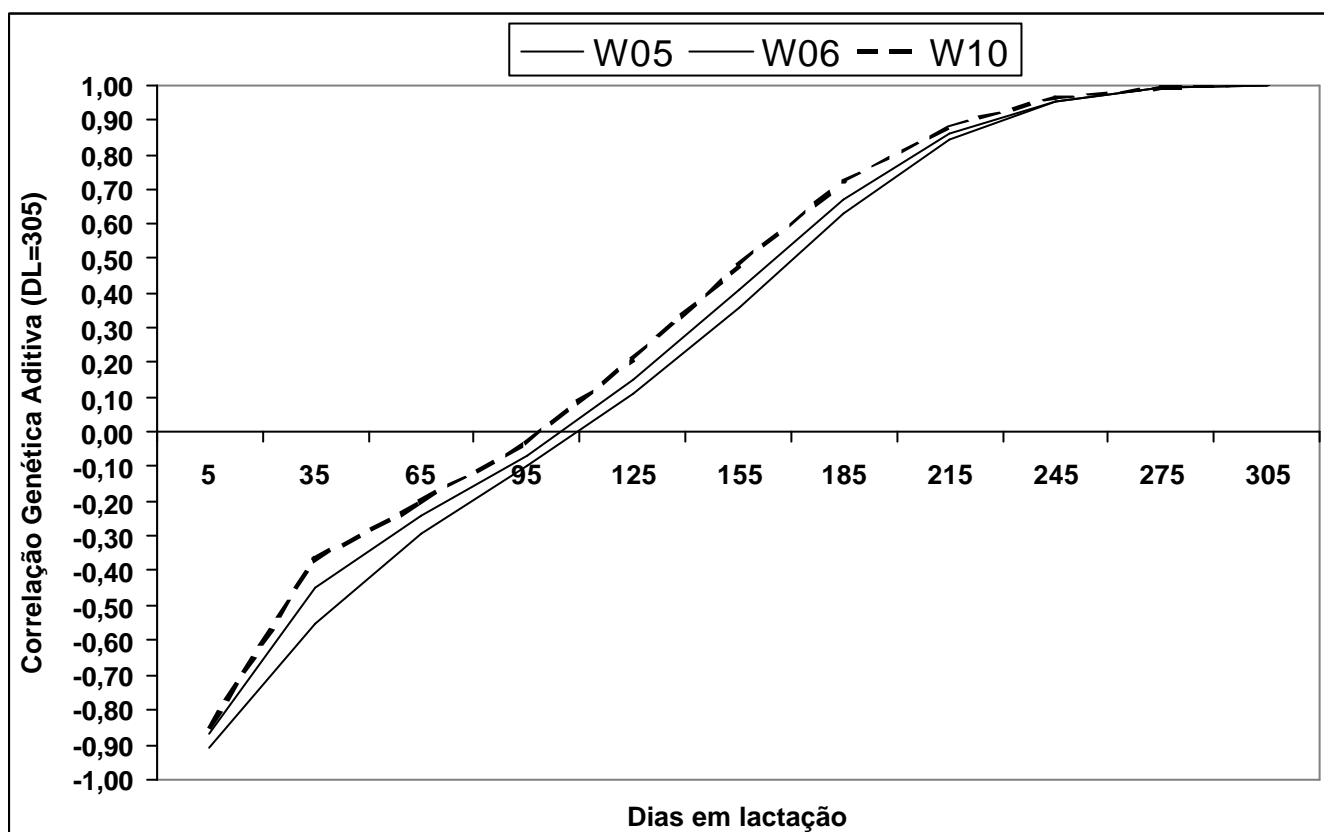


Figura 7. Estimativas de correlações genéticas obtidas pelos modelos W05, W06 e W10, entre o dia de lactação 305 e o restante da lactação.

Os modelos W05, W06 e W10 obtiveram as seguintes estimativas de correlações fenotípicas entre o início e o restante da lactação: -0,01 a 0,45, -0,05 a 0,34 e -0,09 a 0,22, respectivamente (Tabela 4). Com relação às correlações entre o fim e o restante da lactação, foram

observados os seguintes valores, para os modelos W05, W06 e W10, respectivamente: -0,01 a 0,79, -0,05 a 0,79 e -0,09 a 0,79.

BROTHERSTONE et al. (2000) observaram estimativas de correlações fenotípicas, entre o início e o restante da lactação, de 0,06 a 0,62, utilizando produções no dia do controle de vacas holandesas primíparas. Os valores obtidos nesse estudo foram um pouco menores que os observados por BROTHERSTONE et al. (2000), e, além disso, os autores não observaram estimativas negativas de correlação.

Os resultados obtidos para as correlações de ambiente permanente, pelos modelos W05, W06 e W10, são apresentados na Tabela 5. Em geral, o modelo W05 obteve as maiores estimativas de correlação, utilizando como referência o dia 5 ou 305 de lactação.

Tabela 4. Estimativas das correlações fenotípicas entre o início (DL1=5) e o resto da lactação (DL2), e entre o final (DL1=305) e o restante da lactação, obtidas pelos modelos W05, W06 e W10.

DL1	DL2	W05	W06	W10	DL1	DL2	W05	W06	W10
5	35	0,45	0,34	0,22	305	5	-0,01	-0,05	-0,09
5	65	0,28	0,23	0,17	305	35	0,13	0,14	0,15
5	95	0,23	0,20	0,14	305	65	0,23	0,24	0,25
5	125	0,20	0,17	0,11	305	95	0,32	0,33	0,35
5	155	0,17	0,14	0,08	305	125	0,43	0,44	0,46
5	185	0,14	0,10	0,04	305	155	0,54	0,55	0,57
5	215	0,10	0,06	0,00	305	185	0,64	0,65	0,65
5	245	0,06	0,02	-0,03	305	215	0,71	0,72	0,72
5	275	0,02	-0,01	-0,06	305	245	0,77	0,77	0,77
5	305	-0,01	-0,05	-0,09	305	275	0,79	0,79	0,79

DL1 - dia de lactação representando o início ou final da lactação.

DL2 – dias representando o restante da lactação.

W05, W06 e W10 – modelos de regressão aleatória que ajustam a função de WILMINK modificada no termo exponencial, utilizando os valores 0,05, 0,06 e 0,10.

COBUCI (2002) observou valores de correlação de ambiente permanente de 0,05 a 0,99, sendo que os maiores valores ocorreram entre os controles adjacentes e os menores ocorreram entre controles

mais distantes. Os menores valores, obtidos nesse estudo, não estão de acordo com os obtidos por COBUCI (2002), já que o menor valor observado foi de 0,27, obtido pelo modelo W10.

Observou-se que, utilizando o início da lactação, representada pelo dia 5, como referência, as estimativas obtidas pelos três modelos tenderam a aumentar com o aumento do intervalo entre o dia 5 e os outros dias de lactação. Entretanto, quando foi considerado o dia 305 de lactação como referência, houve uma tendência de aumento das estimativas obtidas pelos três modelos, à medida que o intervalo entre o dia 305 e os outros dias de lactação diminuía.

Tabela 5. Estimativas das correlações de ambiente permanente entre o início (DL1=5) e o resto da lactação (DL2), e entre o final (DL1=305) e o restante da lactação, obtidas pelos modelos W05, W06 e W10.

DL1	DL2	W05	W06	W10	DL1	DL2	W05	W06	W10
5	35	0,58	0,46	0,27	305	5	0,86	0,85	0,78
5	65	0,42	0,39	0,28	305	35	0,90	0,84	0,80
5	95	0,44	0,44	0,35	305	65	0,81	0,80	0,81
5	125	0,51	0,51	0,42	305	95	0,83	0,83	0,85
5	155	0,58	0,58	0,49	305	125	0,87	0,88	0,89
5	185	0,65	0,65	0,55	305	155	0,91	0,91	0,92
5	215	0,71	0,71	0,62	305	185	0,94	0,95	0,95
5	245	0,77	0,76	0,68	305	215	0,97	0,97	0,97
5	275	0,82	0,81	0,73	305	245	0,99	0,99	0,99
5	305	0,86	0,85	0,78	305	275	1,00	1,00	1,00

DL1 - dia de lactação representando o início ou final da lactação.

DL2 – dias representando o restante da lactação.

W05, W06 e W10 – modelos de regressão aleatória que ajustam a função de WILMINK modificada no termo exponencial, utilizando os valores 0,05, 0,06 e 0,10.

Na Tabela 6, são exibidos os valores máximos do Log da função de verossimilhança, obtidos pelos modelos W05, W06 e W10. Para melhor visualizar e comparar os três modelos, os valores de Log serão exibidos como diferenças em função do valor obtido pelo modelo W05, o qual é o padrão da função de WILMINK.

Tabela 6. Valores máximos do Log da função de verossimilhança, obtidos pelos modelos W05, W06 e W10.

	W05	W06	W10
Log L máximo como diferença*	0,000	-15,290	-33,575
Log L máximo verdadeiro	-8741,917	-8757,207	-8775,492

W05, W06 e W10 – modelos de regressão aleatória que ajustam a função de WILMINK modificada no termo exponencial, utilizando os valores 0,05, 0,06 e 0,10.

Log L – valor de Log da função de verossimilhança, obtida pelo programa DXMRR (MEYER, 1998).

*Log L máximo como diferença = Log modelo – Log W05.

As diferenças entre os valores de Log da função de verossimilhança, obtidos pelos modelos W05, W06 e W10, exibidas na Tabela 6, sugerem que o modelo W05 se ajustou melhor aos dados que o modelo W06, que por sua vez, ofereceu um melhor ajuste que o modelo W10. BROTHERSTONE et al. (2000) também observaram que um modelo que utilizou o valor 0,068 no termo exponencial da função de WILMINK foi superior, em termos de ajuste aos dados, do que outro modelo que usou o valor 0,10. Entretanto, os autores não relataram nenhuma comparação desses dois modelos com um modelo de regressão aleatória que utilizasse a função de WILMINK em sua forma padrão, com o valor de 0,05 no termo exponencial.

CONCLUSÕES

O modelo que utilizou o valor de -0,05 no termo exponencial da função de WILMINK, mostrou-se superior aos demais modelos, para estimar os parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle de animais da raça Girolando. Tal modelo obteve as menores estimativas de variância residual, valores de herdabilidade mais próximos aos observados na literatura, maiores valores, em geral, de correlações genética aditiva, de ambiente permanente e fenotípica, entre o início e o resto da lactação e entre o final e os controles anteriores, além de exibir uma menor incidência de correlações negativas, referentes a esses períodos. O modelo W05 também obteve o maior valor do Log máximo da função de verossimilhança, o que o classificou como o modelo que melhor se ajustou aos dados da raça Girolando.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BROTHERSTONE, S., WHITE, I.M.S., MEYER, K. 2000. genetic modelling of daily milk yield using orthogonal polynomials and parametric curves. *Anim. Sci.* 70:407-415.
- COBUCI, J.A. 2002. Uso de Modelos de Regressão Aleatória na Avaliação da Persistência na Lactação de animais da Raça Holandesa. Viçosa: UFV, 2002, 99p. Dissertação (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, MG, 2002.
- COSTA, C.N., MELO, C.M.R., MACHADO, C.H.C. et al. 2002. Avaliação de funções polinomiais para ajuste da produção de leite no dia do controle de primeiras lactações de vacas Gir com modelo de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, Recife, Pernambuco. Anais... Recife: SBZ, 2002. (CD-ROM).
- EMMERLING, R., LIDAUER, M., MÄNTYSAARI, E.A. 2002. Multiple lactation random regression test-day model for Simmental and Brown Swiss in Germany and Austria. www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin29/Emmerling.pdf. Acessado em novembro de 2002.
- GENGLER, N., TIJANI, A., WIGGANS, G.R. et al. 1999. Estimation of (co)variances of test-day yields in first and later lactation of United States Holstein cows. Proc. Int. Workshop on genetic Improvement of functional Traits in Cattle. *Interbull Bull.* 22:69-73.
- JAKOBSEN, J.H., MADSEN, P., JENSEN, et al. 2002. Genetic Parameters for Milk Production and Persistency for Danish Holsteins Estimated in Random Regression Models using REML. *J. Dairy Sci.* 85:1607–1616.
- JAMROZIK, J., SCHAEFFER. L. R. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation Holstein. *J. Dairy Sci.*, 80(4):762-770.
- JAMROZIK, J., SCHAEFFER. L. R.; DEKKERS, J. C. M.; 1997b. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. *J. Dairy Sci.*, 80(6):1217-1226.
- JAMROZIK, J., KISTEMAKER, G.J., DEKKERS, J.C.M., SCHAEFFER, L.R. 1997a. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. *J. Dairy Sci.*, 80:2550-2556.

- JOHNSON, D.L., THOMPSON, R. 1995. Restricted maximum-likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse-matrix techniques and average information. *Journal of Dairy Science*. 78:449-456.
- KETTUNEN, A., MÄNTYSAARI, E. A. 1996. Estimation of genetic parameters for test day milk production at different stages of lactation in first parity dairy cows. Page 51 in Proc. 47th Annu. Mtg., Eur. Assoc. Anim. Prod. Wageningen Pers, Wageningen, The Netherlands.
- KIM, S.D., HAN, K.J., CHO, J.H., et al. 2001. National Genetic Evaluation for Test-Day Milk Yield of First Parity using Random Regression Test-Day Animal Model in Korean Holstein Cattle. [www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin29/Han.pdf](http://www.interbull.slu.se/bulletins/bulletin29/Han.pdf) . Acessado em novembro de 2002.
- LIDAUER, M., MÄNTYSAARI, E.A., STRADÉN, I. et al. 2000. Multiple trait random regression test-day model for all lactations. Proc. Int. Workshop on Genetic improvement of functional Traits in Cattle. *Interbull Bull*. 25:81-86.
- LIU, Z., REINHARDT, F., REENTS, R. 2001. Parameters estimates of a random regression test day model for first three lactation somatic cell scores. Proc. Int. Workshop on Genetic Improvement of functional Traits in Cattle. *Interbull Bull*. 26:61-65.
- MEYER, K. 1998. 'DXMRR' – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by restricted maximum likelihood. Proceedings of the sixth world congress on genetics applied to livestock production. Armidale, vol. 27. pg:465-466.
- NELDER, J.A., MEAD, R. 1965. A simplex method for function minimization. *Computer J*. 7:308.
- OLORI, V.E., HILL, W.G., MCGUIRK, B.J., BROTHERSTONE, S. 1999. Estimating variance components for test-day milk yields by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. *Livestock Production Science*. 61:53-63.
- PANDER, B.L., HILL, W.G., THOMPSON, R. 1992. Genetic parameters of test-day records of British Holstein-Friesian heifers. *Animal Production*. 55:11-21.
- POWELL, M.J.D. 1964. An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives. *Computer J*. 7:155.

- PTACK, E.; SCHAEFFER, L. R. 1993. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. *Livestock Production Science*, 34(1):23-34.
- REENTS, R., JAMROZIK, J., SCHAEFFER, L.R., DEKKERS, J.C.M. 1995. Estimation of genetic parameters for test day records of somatic cell score. *J. Dairy Sci.* 78:2847–2857.
- REINHARDT, F., LIU, Z., BÜNGER, A., DOPP, L., REENTS, R. 2002. Impact of Application of a Random Regression Test Day Model to Production Trait Genetic Evaluations in Dairy Cattle. [www-interbull.slu.se/events/ Programme Interlaaken 2002.pdf](http://www.interbull.slu.se/events/Programme%20Interlaaken%2002.pdf) . Acessado em dezembro de 2002.
- REKAYA, R., CARABANO, M.J., TORO, M.A. 1999. Random regression in animal models for test-day production in dairy cattle. Proceedings of the fifth world congress on genetics applied to livestock production. Guelph, vol. 18. pg:443-446.
- SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. 1994. Random regression in animal models for test day production in dairy cattle. In: Proceedings 5th world congress genetic applied livestock production. Guelph, ON, Canada, p.443-446.
- SCHAEFFER, L. R.; JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G. J.; VAN DOORMAAL, B. J. 2000. Experience whit test-day model, *Journal Dairy Science*, 83(5):1135-1144.
- SWALVE, H. H. 1995. The effect of test ay models on the estimation of genetic parametersand breeding values for dairy yields traits, *Journal Dairy Science*, 78(4):929-938.
- SWALVE, H. H. 2000. Theoretical basis and computacional methods for fiffereent test-day genetic evaluations methods, *Journal Dairy Science*, 83(5):1115-1124.
- VARGAS, B., PEREZ, E., VAN ARENDONK, J. A M. 1998. Analysis of test day yield data of Costa Rican dairy cattle. , *Journal Dairy Science*, 81(1):225-263.
- WIGGANS, G. R.; GODDARD, M. E. 1997. A computationally feasible test day model for genetic evaluation of yield traits in the United States. *Journal Dairy Science*, 80(8):1795-1800.

WILMINK, J. B. M. 1987. Efficiency of selection for different cumulative milk, fat and protein yields in first lactation. *Livestock Production Science*, 17(3):211-224.

CAPÍTULO 2

AValiação GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA GIROLANDO UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA E DE PRODUÇÃO ATÉ 305 DIAS DE LACTAÇÃO

Resumo – Para realizar a comparação entre as avaliações genéticas obtidas por um modelo de regressão aleatória, que ajustou a função de WILMINK, e por um modelo de produção até 305 dias, foram utilizados 6.840 registros de produção de leite no dia do controle de 973 vacas primíparas da raça Girolando, filhas de 154 touros, em 50 rebanhos supervisionados, no período de 1989 a 2002, pelo serviço de controle leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando, além de registros da produção de leite na lactação até 305 dias de 726 vacas Girolando primíparas, filhas de 108 touros, de diferentes composições raciais Holandês x Gir. Os modelos foram comparados pelas estimativas de variâncias e de herdabilidades, e pelos valores genéticos preditos. A estimativa obtida pelo modelo de regressão aleatória, para a herdabilidade até 305 dias, foi 0,31, enquanto a estimativa obtida pelo modelo de produção até 305 dias foi 0,24. Foram observadas alterações significativas nas classificações pelos valores genéticos preditos, de touros e vacas, entre os modelos comparados nesse estudo, confirmando as baixas correlações de ordem, observadas entre essas classificações. Apesar disso, o ajuste da produção de leite pela utilização de modelo de regressão aleatória apresenta diversas vantagens, como, por exemplo, o maior número de observações por animal, que pode contribuir para maior confiabilidade das avaliações genéticas dos animais dessa raça.

Palavras-chave: classificação de animais, raça Girolando, regressão aleatória e valores genéticos.

CHAPTER 2

GENETIC EVALUATION OF GIROLANDO ANIMALS USING RANDOM REGRESSION AND FULL LACTATION MODELS

Abstract – Variance components, genetic parameters and breeding values were obtained for test-day milk yield of Girolando cows by random regression using the WILMINK function and compared to the estimates obtained by fitting a 305d milk yield lactation model. Data comprising 6,840 test-day milk yield records of 973 Girolando primiparous cows, daughters of 154 bulls, in 50 herds supervised, between 1989 and 2002, by the Girolando Brazilian Association's milk recording service, and full lactation records of 726 Girolando cows, daughters of 108 bulls, from different genetic compositions. Heritability estimates showed by the random regression model and by the full lactation model, for milk yield up to 305d, were 0.31 and 0.24, respectively. Significant changes were observed in bulls and cows breeding value rankings between models, confirming the low rank correlation estimates. However, milk yield fit using a random regression model can bring some advantages like more records per animal, which can improve the reliability of Girolando animals genetic evaluations.

Key words: Girolando, breeding values, random regression and rankings.

INTRODUÇÃO

As avaliações genéticas de vacas e touros têm sido realizadas utilizando-se modelos que consideram a produção até 305 dias de lactação. O período de lactação de 305 dias é considerado como ideal para gerar um bezerro por vaca ao ano, e permitir um período seco de 60 dias, importante na involução uterina e readaptação do sistema reprodutivo, na recuperação da condição corporal do animal e na regeneração de tecidos secretores das glândulas mamárias.

A produção da vaca em uma determinada lactação é calculada a partir de controles mensais. Entretanto, devido aos custos do controle leiteiro, ou problemas de saúde da vaca, as mensurações da produção podem não ser feitas de forma eficiente, o que pode gerar uma estimativa viesada da produção e comprometer as análises por esses modelos.

O modelo de produção até 305 dias considera que cada lactação da vaca é uma medida repetida de uma mesma característica, como, por exemplo, a produção de leite. Vacas que encerraram suas produções, em uma determinada lactação, após os 305 dias de duração da lactação, têm consideradas, nas análises, a produção até 305 dias, e as que encerram antes de 305 dias, como por exemplo, 270 dias, têm esta produção considerada na avaliação. Modelos de produção até 305 dias têm sido utilizados nas avaliações genéticas de animais no Brasil, como publicado por RENNÓ et al. (2002), MELO et al. (2002) e LEDIC et al. (2002).

Devido ao número reduzido de rebanhos inscritos no controle leiteiro oficial, os melhoristas no Brasil têm, à sua disposição, reduzido número de observações por vaca, para serem usadas nas avaliações genéticas.

Segundo SWALVE (2000), os modelos de regressão aleatória oferecem várias vantagens, como: a adequação a diversos esquemas de

controle leiteiro; a habilidade de estimar, precocemente, o mérito genético dos animais, levando à diminuição no intervalo de geração e à maior ganho genético por unidade de tempo; a correção direta para efeitos fixos que mudam ao longo de uma escala de tempo, como, por exemplo, diferenças entre os meses de controle, dentro de uma mesma lactação de uma vaca; a não utilização de fatores de ajustamento de lactação; e a não obrigatoriedade na utilização de lactações encerradas. Segundo COSTA et al. (2002), os modelos de regressão aleatória oferecem, além das vantagens citadas por SWALVE (2000), um possível aumento na acurácia das avaliações genéticas, pois tais modelos utilizam um número maior de observações por animal, comparando-se com modelos tradicionais, o que seria uma grande vantagem para os programas de melhoramento de gado de leite do Brasil.

A utilização dos modelos de regressão aleatória nas avaliações genéticas de vacas e touros permite obter predições de valores genéticos para qualquer animal em qualquer período da lactação, ou, por exemplo, o valor genético de um determinado touro antes mesmo de suas filhas terem a produção até 305 dias completa.

Nesse contexto, é importante verificar a viabilidade do uso das informações dos componentes de variância dos registros de produção de leite, no dia do controle, de vacas da raça Girolando, nos procedimentos de avaliação genética, em programas de seleção da raça. Assim, esse estudo tem como objetivos gerais obter estimativas dos parâmetros e dos valores genéticos de animais da raça Girolando, utilizando-se um modelo de regressão aleatória, e comparar tais estimativas com as obtidas por um modelo de produção até 305 dias.

MATERIAL E MÉTODOS

BANCO DE DADOS

Utilizaram-se 14.459 registros de produção de leite no dia do controle de 1925 primeiras lactações de vacas da raça Girolando, filhas de 597 touros, em 116 rebanhos supervisionados, no período de 1989 a 2002, pelo serviço de controle leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (Girolando).

Com o objetivo de melhorar a qualidade das informações e a consistência das análises, algumas restrições e eliminações foram efetuadas nas observações dos animais. As informações de vacas com idade ao primeiro parto superiores a 47 meses e inferiores a 20 meses foram excluídas do conjunto de dados, assim como as produções no dia do controle inferiores a 1,0 kg de leite, todos os números de controles maiores que 11 e as lactações com menos de quatro controles. As classes de rebanho-ano-mês de controle (RAM) com menos de três vacas foram eliminadas. Além disso, foi usado o intervalo máximo entre controles consecutivos de 45 dias e a realização do primeiro controle da vaca até 75 dias de lactação.

Após as edições, foram utilizadas, na avaliação genética por meio de modelo de regressão aleatória, 6.840 informações de produções no dia do controle de 973 vacas primíparas da raça Girolando, em 50 rebanhos supervisionados no período de 1989 a 2002, pelo serviço de controle leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (Girolando). As produções no dia do controle são provenientes de 973 primeiras lactações (encerradas ou incompletas), de vacas das seguintes composições raciais: 1/2 Holandês:Gir, 5/8 Holandês:Gir, 3/4 Holandês:Gir e 7/8 Holandês:Gir, filhas de 154 touros.

Os grupos contemporâneos foram definidos pela criação de 796 classes de RAM. Os controles foram realizados no período de 1989 a 2002. As épocas

de controle foram definidas como águas (de outubro a março) e seca (de abril a setembro).

Para a avaliação genética por meio de modelo de produção até 305 dias, foram utilizadas as informações de produção de leite até 305 dias, provenientes de 726 lactações encerradas de vacas primíparas da raça Girolando, filhas de 108 touros, paridas no período de 1989 a 2001, em 47 rebanhos. Os grupos contemporâneos foram representados por 172 classes de rebanho-ano-estação de parto (RAE) e as estações de parto foram definidas como águas (de outubro a março) e seca (de abril a setembro).

MODELO DE PRODUÇÃO ATÉ 305 DIAS

As estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos, usadas na avaliação genética de animais da raça Girolando, foram obtidas utilizando-se o seguinte modelo:

$$y_{ijk} = \mathbf{m} + GS_i + RAE_j + b_1(X_{ijk} - \bar{X}) + b_2(X_{ijk} - \bar{X})^2 + a_k + e_{ijk}$$

em que y_{ijk} é a produção acumulada de leite até 305 dias, do animal k , da composição racial i , pertencente à classe de rebanho-ano-estação de parto j ; b_1 e b_2 são os coeficientes linear e quadrático da regressão da produção de leite em função da idade ao parto; X_{ijk} é a idade ao parto da vaca k , pertencente à classe de rebanho-ano-estação j ; \bar{X} é a média da idade ao parto; a_k é o efeito aleatório aditivo sobre o animal k e e_{ijk} é o efeito aleatório residual, associado à cada observação.

Na forma matricial, o modelo é apresentado como:

$$y = Xb + Za + e$$

em que \mathbf{y} é o vetor de observações de produção de leite; \mathbf{X} é a matriz de incidência dos efeitos fixos; \mathbf{b} é o vetor contendo os efeitos fixos e a covariável; \mathbf{Z} é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios; \mathbf{a} é o vetor de efeitos aleatórios de animais; \mathbf{e} é o vetor de efeitos aleatórios residuais. Foram admitidas as seguintes pressuposições:

$$\begin{Bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{Bmatrix} \sim N(0, V) \quad \text{e} \quad V = \begin{Bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{Bmatrix}$$

em que $V(y) = ZGZ' + R$, $G = A\mathbf{s}_a^2$ e $R = I\mathbf{s}_e^2$, sendo A a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco entre os indivíduos, \mathbf{s}_a^2 a variância genética aditiva da produção de leite, I uma matriz identidade e \mathbf{s}_e^2 a variância residual para a produção de leite.

MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Para a estimação dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos, para a produção de leite no dia do controle, e obtenção dos valores genéticos, foi utilizado um modelo de regressão aleatória. Esses valores foram comparados com os obtidos pelo modelo de produção até 305 dias. O modelo de regressão aleatória é descrito por:

$$y_{ijlnq} = GS_i + RAM_j + \sum_{p=1}^2 c_k S_l + \sum_{m=1}^3 \mathbf{b}_m \mathbf{Z}_m(t) + \sum_{m=1}^3 \mathbf{a}_{nm} \mathbf{Z}_m(t) + \sum_{m=1}^3 P_{nm} \mathbf{Z}_m(t) + e_{ijlnq}$$

em que y_{ijlnq} é a observação q registrada no dia de lactação t do animal n , da composição racial i , na classe j de rebanho-ano-mês de controle; S_l é a idade ao primeiro parto l , em dias, como covariável, com componentes c_k ($k=1,2$) linear e quadrático; \mathbf{b}_m , \mathbf{a}_{nm} e P_{nm} são os coeficientes de regressão aleatória para os efeitos fixos e aleatórios genético aditivo e de

ambiente permanente, respectivamente, associados aos coeficientes específicos da função de WILMINK, que são representados por $Z'_{m(t)} = (1 - d)^t$ e $d = \exp^{-0,05t}$.

A função de WILMINK é descrita por:

$$Y = a_1 + a_2t + a_3\exp^{-0,05t}$$

em que os parâmetros da função são representados por a_1 , a_2 e a_3 . O parâmetro a_1 está associado ao nível de produção de leite inicial; a_2 refere-se à taxa de declínio da produção de leite após o pico de lactação; a_3 , representa o crescimento do nível de produção até atingir o pico.

O modelo de regressão aleatória pode ser descrito pela seguinte notação matricial:

$$Y = Xb + Za + Zp + e,$$

em que b inclui os termos GS_i , RAM_j , S_l e b_m ; a inclui a_{nm} ; p inclui P_{nm} ; X e Z são matrizes de incidência e de covariáveis, respectivamente.

As seguintes pressuposições foram admitidas:

$$\begin{Bmatrix} a \\ p \\ e \end{Bmatrix} \sim N(0, V) \quad \text{em que} \quad V = \begin{Bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & P \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \otimes I \end{Bmatrix}$$

em que G é a matriz de (co)variância genética dos coeficientes de regressão aleatória, considerados como sendo os mesmos para todas as vacas; A é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco entre os animais; \otimes é o operador produto direto; P é a matriz de (co)variância de ambiente permanente dos coeficientes de regressão aleatória, considerados idênticos para todas as vacas; I é uma matriz identidade; R é uma matriz de variância residual, diagonal, $R = \text{diag}\{s_{e_k}^2\}$. Para o ajuste do efeito residual, assumiu-

se que a variância residual era heterogênea entre e homogêneas dentro dos k grupos de período da lactação, definidos pelos intervalos: até 50 dias, 51 a 100 dias, 101 a 150 dias, 151 a 200 dias, 201 a 250 dias e além de 250 dias de lactação.

PARÂMETROS E AVALIAÇÃO GENÉTICA

Os componentes de variância e covariância, referentes aos modelos de regressão aleatória e de produção até 305 dias, foram obtidos pelos programas DXMRR (MEYER, 1998) e DFUNI (MEYER, 1998), respectivamente, que são integrantes do pacote DFREML (MEYER, 1998), que utiliza a metodologia da máxima verossimilhança restrita livre de derivada. Para a obtenção dos componentes de (co)variância, foi adotado o critério de convergência de 10^{-9} .

A herdabilidade pelo modelo de regressão aleatória, no dia t de lactação foi calculada por:

$$\hat{h}_t^2 = \frac{\hat{g}_{tt}}{\hat{g}_{tt} + \hat{p}_{tt} + \hat{s}_{e_k}^2}$$

em que \hat{g}_{tt} é o estimador da variância genética aditiva no dia t de controle; \hat{p}_{tt} é o estimador da variância de ambiente permanente; $\hat{s}_{e_k}^2$ é o estimador da variância residual, referente ao grupo k de período da lactação o qual o dia t de controle pertence.

A estimativa do coeficiente de herdabilidade para o modelo de regressão aleatória que considerou a produção de leite até 305 dias foi obtida por:

$$\hat{h}_{305}^2 = \frac{\sum_{t=5}^{305} \hat{s}_{a_t}^2}{\sum_{t=5}^{305} \hat{s}_{a_t}^2 + \sum_{t=5}^{305} \hat{s}_{p_t}^2 + \sum_{t=5}^{305} \hat{s}_{e_{tk}}^2}$$

em que $\sum_{t=5}^{305} \hat{s}_{a_t}^2$ representa o somatório das estimativas da variância genética

aditiva para cada dia t de lactação; $\sum_{t=5}^{305} \hat{s}_{p_t}^2$ é o somatório das estimativas de variância de ambiente permanente obtidas para cada dia t de lactação;

$\sum_{t=5}^{305} \hat{s}_{e_{tk}}^2$ é o somatório das estimativas de variância residual referentes a cada dia t de lactação dentro de cada período de lactação k , definidos pelos seguintes intervalos: até 50 dias, 51 a 100 dias, 101 a 150 dias, 151 a 200 dias, 201 a 250 dias e além de 250 dias de lactação.

A estimativa da herdabilidade obtida pelo modelo de produção até 305 dias é dada por:

$$\hat{h}_{305}^2 = \frac{\hat{s}_a^2}{\hat{s}_a^2 + \hat{s}_e^2}$$

em que \hat{s}_a^2 é o estimador da variância genética aditiva e \hat{s}_e^2 é o estimador da variância residual.

Com o modelo de regressão aleatória, foi possível prever o valor genético de cada animal em cada dia de lactação. Sejam $\hat{a}'_i = (\hat{a}_{0i} + \hat{a}_{1i} + \hat{a}_{2i})$ e $Z'_{m(t)} = (1 \quad t \quad \exp(-0,05t))$ os vetores de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos, específicos para cada animal e de m coeficientes específicos da função de WILMINK, respectivamente. O valor genético do animal i para a produção de leite no dia do controle t foi calculado por:

$$VG_t = Z'_{m(t)} \hat{a}_i = \hat{a}_{0i} + \hat{a}_{1i}t + \hat{a}_{2i} \exp(-0,05t)$$

O valor genético predito via regressão aleatória, para as produções até 305 dias foi obtido por:

$$\hat{VG}_{305} = \sum_{t=5}^{305} VG_t$$

que representa o somatório dos valores genéticos obtidos a partir da produção de leite em cada dia t de controle.

Para verificar se houveram alterações entre as classificações pelos valores genéticos preditos, de touros e vacas, obtidos pelos modelos de regressão aleatória e de produção até 305 dias, foram estimados os coeficientes de correlação de ordem de Spearman. Além disso, buscou-se verificar a porcentagem de touros e vacas em comum, adotando-se níveis crescentes de seleção de 10% e 30%, pelos valores genéticos até 305 dias, preditos pelo modelo de regressão aleatória, e pelos valores genéticos preditos pelo modelo de produção até 305 dias.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias da produção até 305 dias (kg), da produção no dia do controle (kg/dia) e das idades ao primeiro parto (meses), com seus respectivos desvios padrão e coeficientes de variação, referentes aos registros de produção de leite utilizados no estudo são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Número de observações (N), médias e respectivos desvios padrão (DP) e coeficientes de variação (CV) da produção até 305 dias, da produção no dia do controle e da idade ao primeiro parto de animais da raça Girolando.

	N	Médias	DP	CV(%)
Produção até 305 dias	726	2969,55	1128,16	37,99
Produção no dia do controle	6840	12,46	4,79	38,42
Idade ao primeiro parto	973	33,1	4,79	14,48

As estimativas das variâncias genética aditiva, fenotípica e residual até 305 dias, obtidas pelo modelo de regressão aleatória, além das estimativas de variância até 305 dias, obtidas por meio da avaliação via modelo de produção até 305 dias, são apresentadas na Tabela 2.

As estimativas de variância obtidas pelo modelo de produção até 305 dias foram maiores que as estimativas obtidas para até 305 dias, do modelo de regressão aleatória. As estimativas de variância obtidas pelo modelo de produção até 305 dias foram também maiores que as observadas por ALBUQUERQUE et al. (1996), que utilizaram um modelo de produção acumulada até 305 dias e por MELO et al. (2002), que utilizaram um modelo de produção até 305 dias, com registros de vacas da raça Holandês. No entanto, as estimativas das variâncias genética aditiva e residual, observadas nesse estudo, foram semelhantes às

obtidas por MELO et al. (2001), que utilizaram informações de produção até 305 dias de vacas da raça Gir. Por outro lado, apesar da estimativa da variância aditiva ser maior que a observada por FERREIRA et al. (2000), as estimativas de variâncias residual e fenotípica foram menores que as obtidas por FERREIRA et al. (2000), que utilizaram registros de produção até 305 dias de vacas da raça Holandesa

Tabela 2. Estimativas das variâncias aditiva (\hat{s}_a^2), de ambiente permanente (\hat{s}_p^2), fenotípica (\hat{s}_f^2) e residual (\hat{s}_e^2), obtidas pelos modelos de regressão aleatória até 305 dias (RR305), e de produção até 305 dias (P305).

	\hat{s}_a^2	\hat{s}_p^2	\hat{s}_f^2	\hat{s}_e^2
RR305	1052,5462	1525,8795	3380,7496	802,3197392
P305	185423,4061		768229,846	582806,4399

O valor obtido pelo modelo de regressão aleatória, para a herdabilidade até 305 dias foi 0,31, enquanto a estimativa da herdabilidade obtida pelo modelo de produção até 305 dias foi 0,24. FREITAS et al. (1996) observaram o valor de herdabilidade de 0,26 na avaliação de vacas mestiças Holandês-Gir, utilizando um modelo de produção até 305 dias. MELO et al. (2002) e ALBUQUERQUE et al. (1996), utilizando observações de produção de leite até 305 dias de vacas da raça Holandesa e Gir, observaram estimativas de coeficiente de herdabilidade de 0,28 e 0,20, respectivamente. Entretanto, MELO et al. (2000) e LEDIC et al. (2002), avaliando vacas da raça Gir, e RENNÓ et al. (2002), utilizando informações de vacas da raça Pardo-Suíço, observaram valores de herdabilidade de 0,17, 0,19 e 0,16, respectivamente. Portanto, a estimativa de herdabilidade obtida nesse

estudo, para a raça Girolando, situa-se no intervalo de magnitude de valores observados para a produção de leite, na literatura, para várias raças leiteiras.

Na Figura 1, estão representadas as curvas de herdabilidades ao longo do período de lactação, para o modelo de regressão aleatória, considerando a herdabilidade no dia t de lactação e a herdabilidade até 305 dias de lactação. As estimativas para cada dia t de lactação variaram de 0,22 a 0,41, enquanto que os valores das herdabilidades até o dia t de lactação variaram de 0,30 a 0,41.

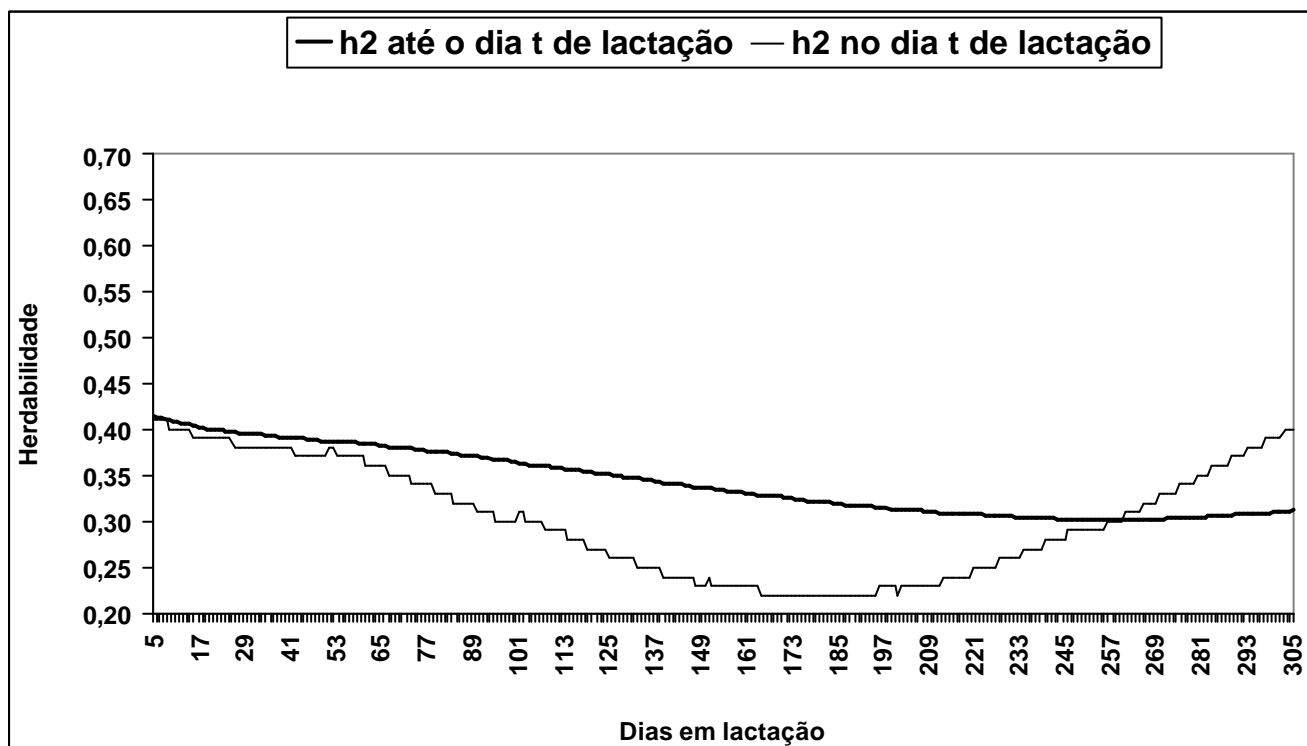


Figura 1. Curvas de herdabilidades ao longo da lactação, no dia t e até o dia t de lactação, obtidas pelo modelo de regressão aleatória.

Observou-se que a curva de herdabilidade no dia t de lactação apresentou valores maiores no início e no final da lactação, o que está de

acordo com os resultados observados por KIM et al. (2001), que utilizaram modelo de regressão aleatória para ajustar as produções de leite no dia do controle de vacas holandesas primíparas da Coréia, e com os resultados de JAMROZIK & SCHAEFFER (1997), que utilizaram informações de produções de leite no dia do controle de vacas primíparas da raça Holandês, em modelo de regressão aleatória. Com relação à curva das herdabilidades obtidas pelo somatório das variâncias de cada dia de controle, no período de 305 dias, observou-se que as maiores estimativas de herdabilidade estavam no início da lactação, iniciando em 0,41, e essas estimativas decresceram em direção ao final da lactação, chegando ao menor valor (0,30) entre 235 e 270 dias (Figura 1). A curva das herdabilidades para cada dia t de lactação exibiu estimativas maiores no início (0,41) e no final (0,40) da lactação, sendo o menor valor observado (0,22) entre 170 e 200 dias. Esse menor valor está próximo da estimativa obtida pelo modelo que considerou a produção até 305 dias, de 0,24. Entretanto, para a curva das herdabilidades obtidas pelos somatórios das variâncias de cada dia de controle, no período de 305 dias, o valor mais próximo da estimativa obtida pelo modelo de produção até 305 dias foi o de 0,30.

Foram preditos os valores genéticos dos touros e das vacas pelo modelo de regressão aleatória, para a produção no dia do controle, e pelo modelo de produção até 305 dias. A Figura 2 mostra a dispersão dos valores genéticos dos touros obtidos pelo modelo de produção até 305 dias (VGL305), em relação aos valores genéticos preditos para os touros até 305 dias, pela regressão aleatória (VG305). Na Figura 3, são exibidos os valores genéticos das vacas Girolando, até 305 dias, obtidos pela regressão aleatória, e os valores genéticos para a produção até 305, pelo modelo que utilizou informações de lactações completas. Nas figuras 2 e 3 foi possível observar, tanto para os touros quanto para as vacas, que houve uma certa coerência entre as classificações dos touros e vacas pelas duas predições de valores genéticos. Tal fato sugere que é

possível identificar animais muito bons ou muito ruins, ou seja, animais nos extremos das classificações, em comum utilizando como critério os valores genéticos até 305 dias, pela regressão aleatória, e até 305 dias, pelo modelo de produção até 305 dias.

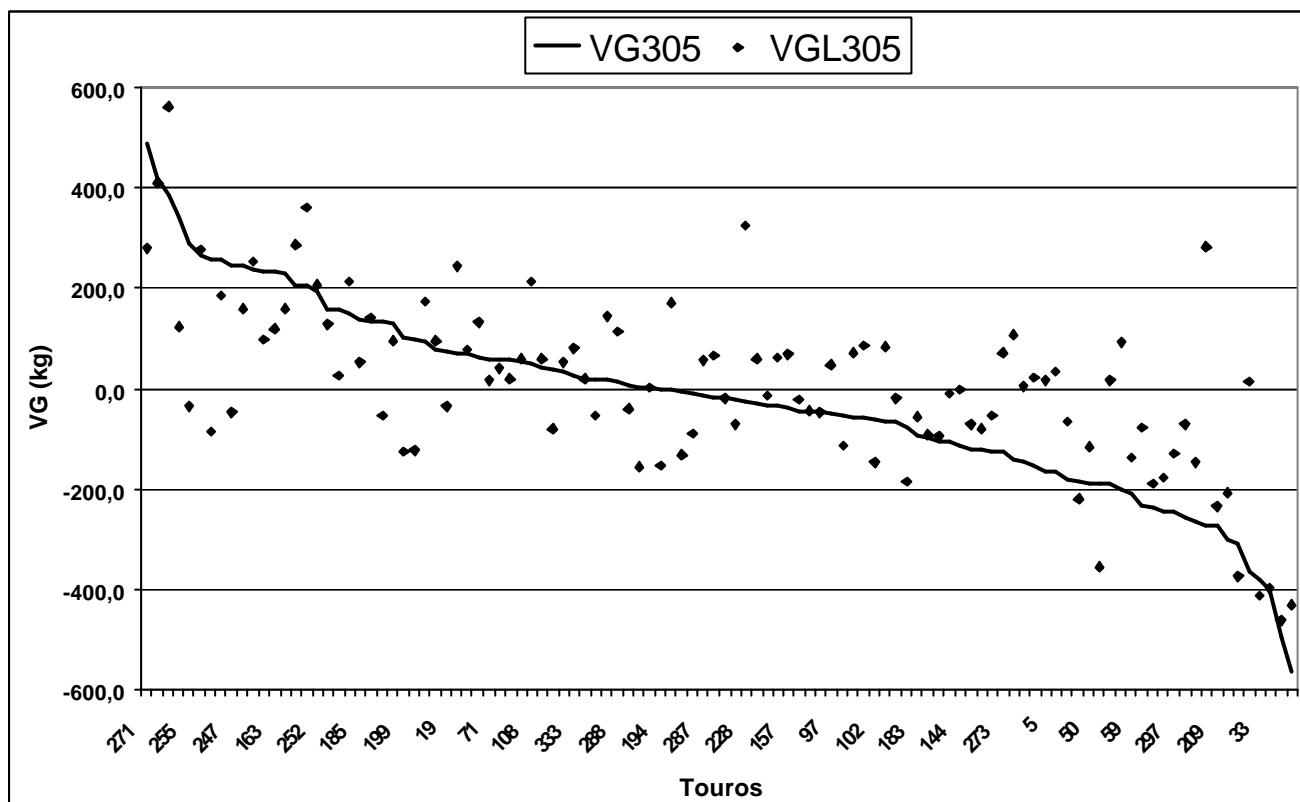


Figura 2. Dispersão dos valores genéticos preditos até 305 dias (VGL305), em relação aos valores genéticos preditos até 305 dias, pelo modelo de regressão aleatória (VG305), de touros Girolando.

Para verificar se houve coerência entre as classificações utilizando-se as duas estimativas de valores genéticos, foram obtidas as correlações de ordem de Spearman entre as classificações de touros e vacas. As correlações entre as classificações pelo valor genético até 305 dias (VGL305) e pelos valores obtidos na regressão aleatória (VG305), de touros e de vacas, foram baixas: 0,61 e 0,71, respectivamente,

sugerindo que houve uma baixa relação entre essas classificações, que pode não indicar com segurança que os melhores animais para a produção até 305 dias serão os melhores pela regressão aleatória, para a raça Girolando.

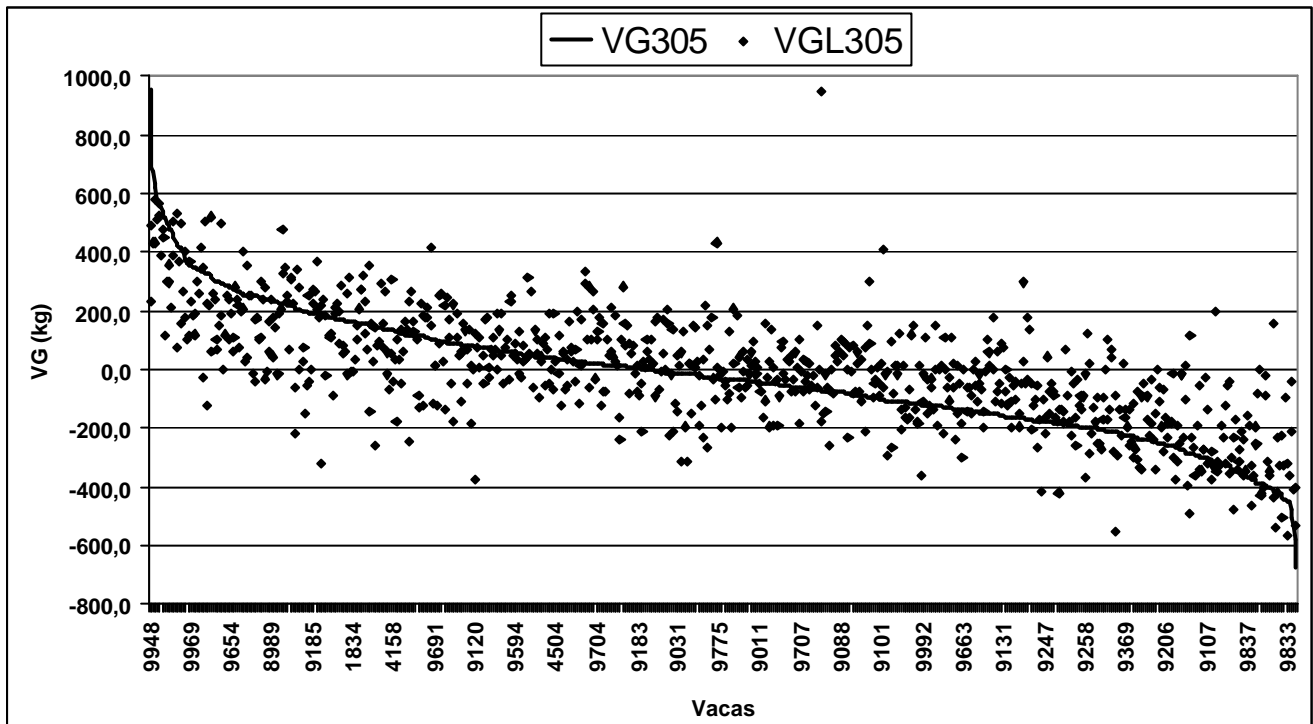


Figura 3. Dispersão dos valores genéticos até 305 dias (VGL305), em relação aos valores genéticos até 305, pelo modelo de regressão aleatória (VG305), de vacas Girolando.

Em um estudo realizado por LIDAUER et al. (2000), utilizando informações de lactações encerradas e produções no dia do controle de vacas da raça Holandês, de rebanhos da Finlândia, observou valores de 0,95 e 0,88, para touros e vacas, respectivamente, para a correlação entre os valores genéticos até 305 dias, pelos modelos de regressão aleatória e de produção até 305 dias. Também, EMMERLING et al. (2002) obtiveram valores de correlação entre os valores genéticos até 305 dias, pelos modelos de regressão aleatória e de lactação completa,

de 0,96 e 0,86 para touros e vacas da raça Simmental, e 0,96 e 0,87 para touros e vacas Pardo-Suíço, de rebanhos da Alemanha. Nesse mesmo estudo, utilizando informações das mesmas raças, mas em rebanhos austríacos, foram observadas as correlações de 0,93 e 0,84 para os animais Simmental e 0,92 e 0,79 para os animais da raça Pardo-Suíço. Os valores obtidos nesse estudo foram inferiores aos observados nas raças européias, talvez devido à estrutura dos dados da raça Girolando, que possui um menor número de registros.

Na Figura 4 são exibidas as curvas dos valores genéticos preditos, ao longo da lactação, dos cinco touros de maior valor genético até 305 dias, preditos pelo modelo de regressão aleatória. A primeira alteração na classificação, partindo do início da lactação, foi observada em torno dos 250 dias de lactação. O touro 271 obteve a quarta colocação para os valores genéticos preditos até 250 dias. Entretanto, após os 250 dias, esse touro obteve valores genéticos superiores aos dos demais touros, atingindo, assim, a primeira colocação pelo valor genético predito até 305 dias. Tal fato pode ser atribuído à duração da lactação média de suas filhas. Na Tabela 3 são exibidas as médias da duração da lactação e da produção até 305 dias das filhas dos cinco touros de maior valor genético até 305 dias.

As filhas do touro 271 apresentaram, em média, uma maior duração da lactação, comparando-se com as filhas dos demais touros, atingindo os 284 dias de lactação, que é um período de lactação superior à média da raça, obtida nesse estudo, de 259 dias. Portanto, além da média elevada das filhas do touro 271 (4032,66 kg), os resultados sugerem que a duração média da lactação de suas filhas pode ter influenciado na predição do valor genético até 305 dias.

Tabela 3. Produção até 305 dias e duração da lactação das filhas dos touros de maiores valores genéticos até 305 dias, preditos pelo modelo de regressão aleatória.

Touros	Número de filhas	Duração da lactação (dias)	Produção até 305 dias (kg)
271	10	284	4032,66
80	8	263	4611,39
202	6	261	3599,20
300	4	214	2782,56
255	12	241	3102,26

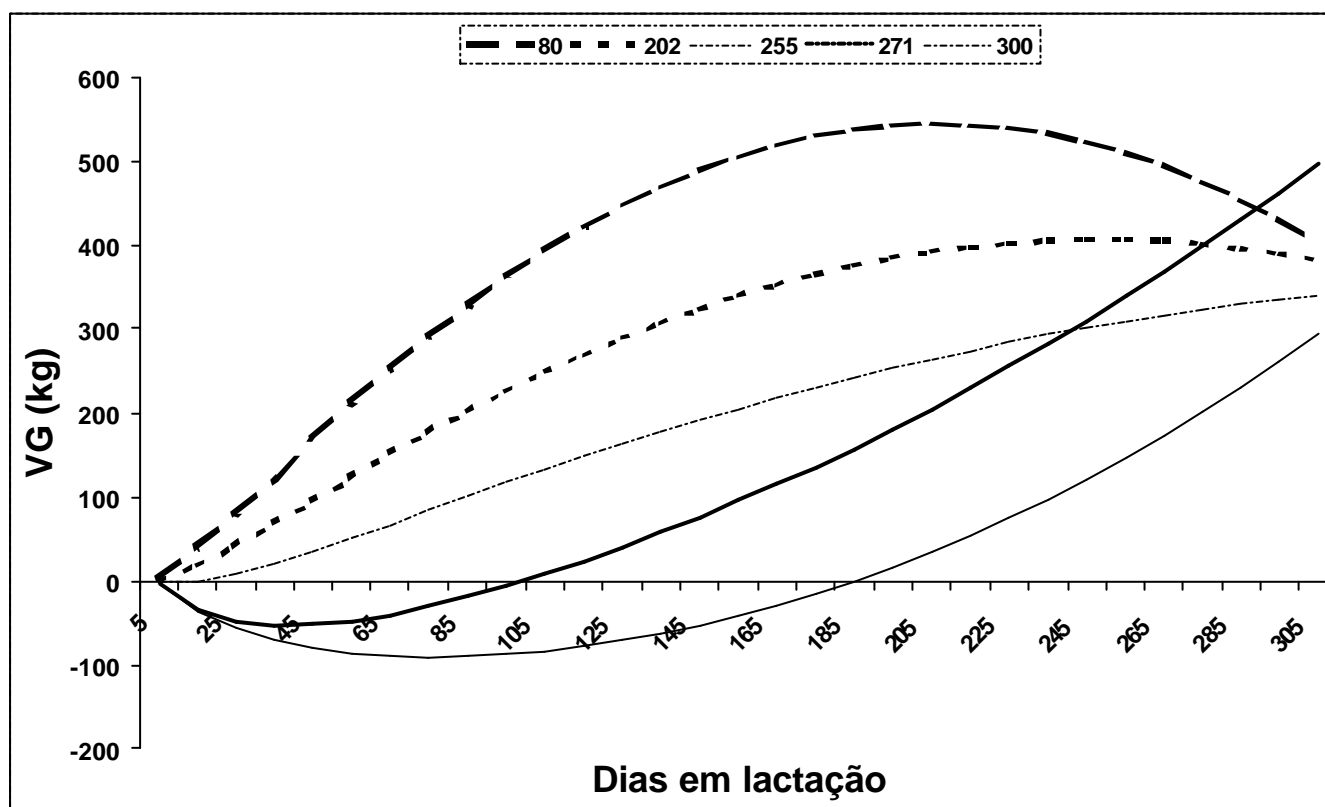


Figura 4. Curvas de valores genéticos preditos dos quatro touros de maior valor genético predito até 305 dias (VG305).

As correlações de ordem obtidas nesse estudo, de 0,61 e 0,71, para touros e vacas, respectivamente, foram baixas e sugerem que há a possibilidade de alterações nas classificações dos animais, entre os valores genéticos até 305 dias, obtidos pela regressão aleatória, e os valores genéticos até 305 obtidos pelo modelo de lactação completa, mas também existe a possibilidade de que grupos de animais sejam selecionados pelas duas predições de valores genéticos. Para verificar tal afirmação, foram estimadas as porcentagens de animais em comum, utilizando-se dois níveis de proporção de animais selecionados (10% e 30%), pelos valores genéticos até 305 dias, obtidos pelos modelos de regressão aleatória e de produção até 305 dias. Essas predições estão representadas na Figura 5, referentes aos touros e às vacas.

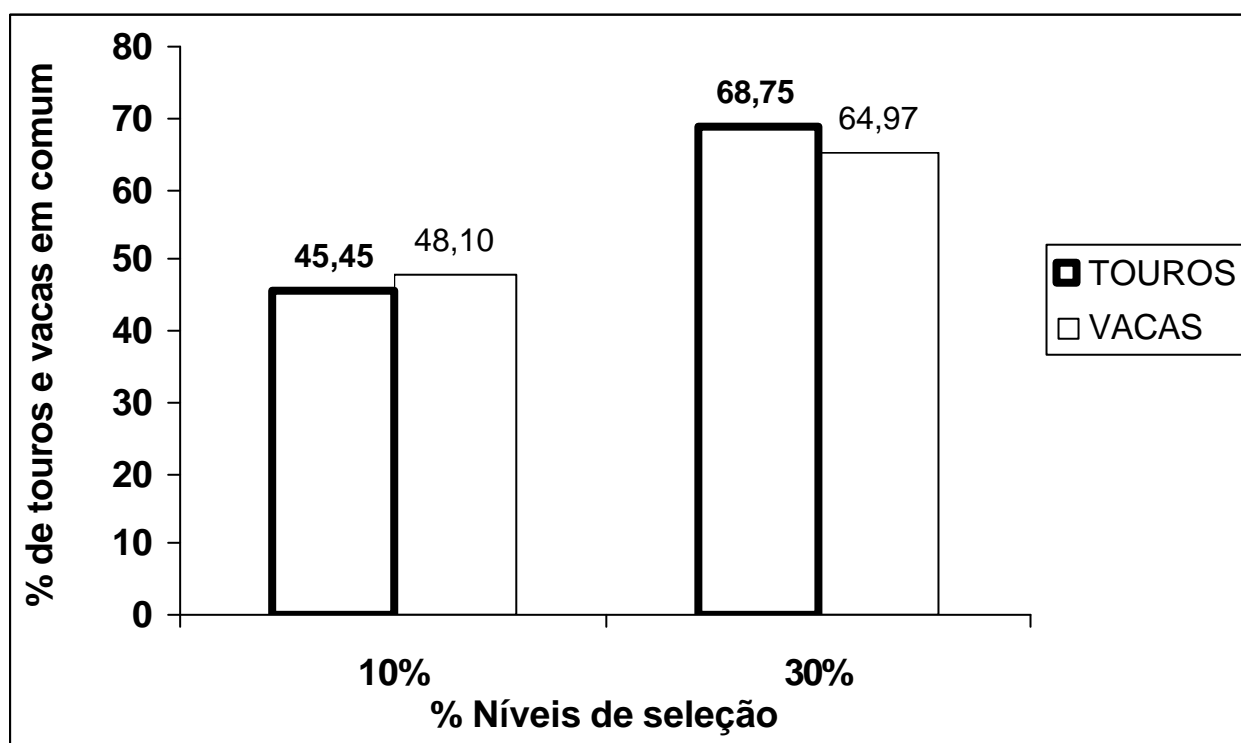


Figura 5. Porcentagens de touros e vacas selecionados em comum, pelos valores genéticos obtidos pelos modelos de regressão (VG305) e de produção até 305 dias (VGL305).

A porcentagem de touros em comum, para o nível de seleção de 10%, entre os valores genéticos preditos até 305, pela regressão aleatória (VG305) e até 305, pelo modelo de produção até 305 dias (VGL305), foi de 45,45%. Para o nível de 30% de seleção, observou-se a porcentagem de animais em comum de 68,75, entre os valores genéticos preditos até 305, pelos modelos de regressão aleatória (VG305) e de produção até 305 dias (VGL305).

Com relação às porcentagens de vacas selecionadas em comum, para níveis de 10% e 30% de seleção, foram observados os valores 48,10 e 64,97, respectivamente. As porcentagens de animais selecionados em comum observadas nesse estudo, foram superiores às porcentagens de animais selecionados em comum, para produção até 305 dias, obtidas por COBUCI (2002), que utilizou um modelo de regressão aleatória para ajuste da produção no dia do controle de vacas da raça Holandês de rebanhos de Minas Gerais.

CONCLUSÕES

O modelo de regressão aleatória apresentou menores estimativas de variâncias aditiva, fenotípica e residual, comparando-se às estimativas de variâncias obtidas pelo modelo de produção até 305 dias. Entretanto, apresentou maior valor de herdabilidade para a produção de leite (0,31), em relação ao modelo de produção até 305 dias (0,24).

A utilização do modelo de regressão aleatória alterou as classificações de touros e vacas da raça Girolando, obtidas pelo modelo tradicional de produção até 305 dias. Foram observadas correlações de ordem relativamente baixas entre os valores genéticos até 305 dias, obtidos pelos modelos de regressão aleatória e de produção até 305 dias. Além disso, as porcentagens de animais selecionados em comum, pelos valores genéticos obtidos pelos modelos utilizados no estudo, confirmaram a baixa relação entre as classificações dos animais pelos valores genéticos obtidos pelos modelos de regressão aleatória e de produção até 305 dias.

O ajuste da produção de leite pela utilização de modelo de regressão aleatória, apesar de apresentar mudanças nas classificações de touros e vacas Girolando, em relação às classificações pelo modelo de lactação completa, oferece diversas vantagens para a predição dos valores genéticos dos animais, como, por exemplo, o maior número de observações por animal, que pode contribuir para maior confiabilidade das avaliações genéticas dos animais dessa raça.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, M.S., FREITAS, M.A., et al. 1996. Parâmetros genéticos da produção de leite na primeira e segunda lactação em rebanhos da raça Gir. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 1, 1996, Fortaleza. Anais... Fortaleza : SBZ, 1996. p.21-23.
- COBUCI, J.A. 2002. Uso de Modelos de Regressão Aleatória na Avaliação da Persistência na Lactação de animais da Raça Holandesa. Viçosa: UFV, 2002, 99p. Dissertação (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, MG, 2002.
- COSTA, C.N., MELO, C.M.R., MACHADO, C.H.C. et al. 2002. Avaliação de funções polinomiais para ajuste da produção de leite no dia do controle de primeiras lactações de vacas Gir com modelo de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, Recife, Pernambuco. Anais... Recife: SBZ, 2002. (CD-ROM).
- EMMERLING, R., LIDAUER, M., MÄNTYSAARI, E.A. 2002. Multiple lactation random regression test-day model for Simmental and Brown Swiss in Germany and Austria. www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin29/Emmerling.pdf. Acessado em novembro de 2002.
- FERREIRA, W.J., TEIXEIRA, N.M., et al. 2000. Parâmetros genéticos e fenotípicos para produção de leite no dia do controle, como medidas repetidas, e produção até 305 dias de lactação de vacas da raça Holandesa. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, Viçosa, Minas Gerais. Anais... Viçosa: SBZ, 2000. (CD-ROM).
- FREITAS, A.F., TEIXEIRA, N.M., et al. 1996. Fatores genéticos e de ambiente sobre características produtivas e reprodutivas em rebanhos de animais mestiços. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 1, 1996, Fortaleza. Anais... Fortaleza : SBZ, 1996. p.59-60.
- JAMROZIK, J., SCHAEFFER, L. R. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation Holstein. *J. Dairy Sci.*, 80(4):762-770.

- KIM, S.D., HAN, K.J., CHO, J.H., et al. 2001. National Genetic Evaluation for Test-Day Milk Yield of First Parity using Random Regression Test-Day Animal Model in Korean Holstein Cattle. [www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin29/Han.pdf](http://www.interbull.slu.se/bulletins/bulletin29/Han.pdf) . Acessado em novembro de 2002.
- LEDIC, I.L., TONHATI, H., VERNEQUE, R.S., et al. 2002. Produções de leite no dia do controle (PLDC) e em 305 dias de lactação (PL305) na raça Gir. I. Estimativa de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientes. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, Recife, Pernambuco. Anais... Recife: SBZ, 2002. (CD-ROM).
- LIDAUER, M., MÄNTYSAARI, E.A., STRADÉN, I. et al. 2000. Multiple trait random regression test-day model for all lactations. Proc. Int. Workshop on Genetic improvement of functional Traits in Cattle. *Interbull Bull.* 25:81-86.
- MELO, C.M.R., COSTA, C.N., et al. 2001. Parâmetros genéticos para a produção de leite acumulada na lactação e de controles individuais de vacas da raça Gir. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38, Piracicaba, São Paulo. Anais... Piracicaba: SBZ, 2001. (CD-ROM).
- MELO, C.M.R., COSTA, C.N., et al. 2002. Parâmetros genéticos para as produções de leite de controles individuais e total de primeiras lactações de vacas da raça Holandesa. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, Recife, Pernambuco. Anais... Recife: SBZ, 2002. (CD-ROM).
- MELO, C.M.R., GONÇALVES, T. M., et al. 2000. Avaliação genética de touros da raça Gir usando produções em lactações completas e/ou projetadas – I. Estimativa de parâmetros genéticos. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, Viçosa, Minas Gerais. Anais... Viçosa: SBZ, 2000. (CD-ROM).
- MEYER, K. 1998. 'DXMRR' – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by restricted maximum likelihood. Proceedings of the sixth world congress on genetics applied to livestock production. Armidale, vol. 27. pg:465-466.
- RENNÓ, F.P., CLÁUDIO, V. A., PEREIRA, J.C., et al. 2002. Parâmetros Genéticos para a idade ao primeiro parto e produção de leite na primeira lactação em bovinos da raça Pardo-Suíça no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, Recife, Pernambuco. Anais... Recife: SBZ, 2002. (CD-ROM).

SWALVE, H. H. 2000. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluations methods, *Journal Dairy Science*, 83(5):1115-1124.

WILMINK, J. B. M. 1987. Efficiency of selection for different cumulative milk, fat and protein yields in first lactation. *Livestock Production Science*, 17(3):211-224.

CONCLUSÕES GERAIS

No presente estudo, verificou-se que houve um efeito significativo da modificação do termo exponencial da função de WILMINK nas estimativas dos componentes de variância e dos valores genéticos para a produção de leite no dia do controle de animais da raça Girolando, obtidas por três modelos de regressão aleatória. O modelo W05, que utilizou o valor padrão de $-0,05$ no termo exponencial da função, mostrou-se superior aos modelos W06 e W10, que utilizaram os valores de $-0,068$ e $-0,10$, respectivamente, pois tal modelo obteve as menores estimativas de variância residual, valores mais adequados de herdabilidade para cada dia de controle, maiores valores, em geral, de correlações genéticas entre os dias de controle, uma menor incidência de estimativas negativas de correlação entre os controles no início e no final da lactação, além do maior valor do Log máximo da função de verossimilhança. Com base nesses resultados, o modelo W05 foi considerado como o que possibilitou o melhor ajuste da produção de leite no dia do controle dos animais da raça Girolando.

O modelo W05, de regressão aleatória, que ajustou a produção de leite no dia do controle, foi comparado a um modelo de ajuste da produção na lactação até 305 dias, pelas estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos, e pela classificação pelos valores genéticos de touros e vacas Girolando. O modelo de regressão apresentou as menores estimativas de variâncias aditiva, fenotípica e residual, mas exibiu um maior valor de herdabilidade, em relação ao modelo de produção até 305 dias. A utilização do modelo de regressão aleatória alterou as classificações de touros e vacas da raça Girolando, obtidas pelo modelo tradicional de produção até 305 dias. Foram observadas correlações de ordem relativamente baixas entre os valores genéticos até 305 dias, obtidos pelos modelos em estudo. Além disso, as porcentagens de animais selecionados em comum, em níveis crescentes

de seleção, confirmaram a baixa relação entre as classificações dos animais pelos valores genéticos obtidos pelos modelos de regressão aleatória e de produção até 305 dias.

Apesar das mudanças nas classificações de touros e vacas Girolando, o ajuste da produção de leite pela utilização de modelo de regressão aleatória oferece diversas vantagens para a predição dos valores genéticos dos animais, como, por exemplo, o maior número de observações por animal, que pode contribuir para maior confiabilidade das avaliações genéticas dos animais dessa raça.