

JOÃO CRUZ REIS FILHO

**ALTERNATIVAS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA NA RAÇA  
GIR LEITEIRO**

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

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2009

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

T

R375a  
2009

Reis Filho, João Cruz, 1981-  
Alternativas para avaliação genética na raça gir leiteiro /  
João Cruz Reis Filho. – Viçosa, MG, 2009.  
xiv, 85f. : il. (algumas col.) ; 29cm.

Orientador: Ricardo Frederico Euclides.  
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.  
Inclui bibliografia.

1. Gir (Zebu) - Melhoramento genético. 2. Bovino de  
leite. 3. Genética - Metodologia - Avaliação. I. Universidade  
Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22.ed. 636,20821

JOÃO CRUZ REIS FILHO

**ALTERNATIVAS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA NA RAÇA  
GIR LEITEIRO**

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

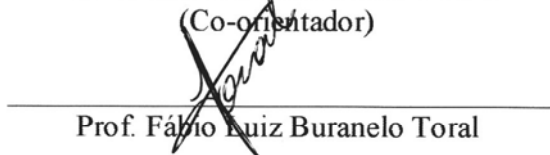
APROVADA: 20 de novembro de 2009.



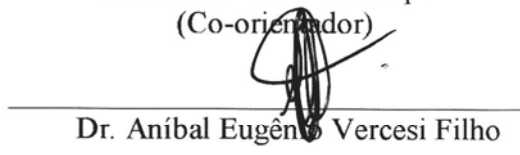
Prof. Robledo de Almeida Torres  
(Co-orientador)



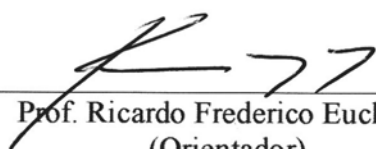
Dr. Rui da Silva Verneque  
(Co-orientador)



Prof. Fábio Luiz Buranelo Toral



Dr. Aníbal Eugênio Vercesi Filho



Prof. Ricardo Frederico Euclides  
(Orientador)

Aos meus maiores incentivadores: meus pais Rosalva e João.

À minha esposa Natália.

## AGRADECIMENTOS

A Deus, sempre presente, mesmo nos meus momentos de solidão.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), pela generosa acolhida à minha família.

Ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), por garantir meu sustento há duas gerações.

À Embrapa Gado de Leite e à Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL), por viabilizarem o material básico para este estudo.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa no início do Curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão das bolsas de Iniciação Científica, Mestrado e Doutorado.

À FAPEMIG (Processos 5423/07 e 1826/06) e, novamente, ao CNPq (Processo 475957/2006-7), pelo apoio financeiro.

Aos criadores da raça Gir Leiteiro, pela inspiração e persistência.

A todos os melhoristas da minha família, pelo exemplo.

Ao Professor Ricardo Frederico Euclides, meu “orientador”, pela amizade e pelos ensinamentos e, sobretudo, pela confiança em mim depositada.

Ao Professor Robledo de Almeida Torres, meu “protetor” desde a infância, pelos ensinamentos, pela amizade, pelo estímulo e pela disponibilidade.

Ao Dr. Rui da Silva Verneque, meu “padrinho”, exemplo de funcionário público, pelos ensinamentos e pela amizade e disposição ímpares.

Ao Dr. Aníbal Eugênio Vercesi Filho, meu “parceiro”, pela amizade, pelas contribuições e por me ensinar o comportamento de um Diretor-Técnico vencedor.

Ao Professor Fábio Toral, meu “amigo, afilhado e padrinho”, pelo desprendimento, por afastar-se do trabalho e da família para viabilizar o sonho de outrem, com sacrifício e dedicação inimagináveis.

Ao Dr. Júlio Carvalheira, pela cessão do Programa para análise do modelo autorregressivo, indispensável à elaboração deste trabalho.

Aos Drs. Marco Antônio Machado e Maria Gabriela Peixoto, da Embrapa Gado de Leite, pela amizade e participação no Exame de Qualificação.

Ao Professor Antônio Policarpo Carneiro, pela amizade, pelas contribuições no Exame de Qualificação e pela disponibilidade para suplência na banca de defesa.

A todos os professores e mestres que contribuíram para a minha formação, pelo crescimento.

Às minhas Coordenadoras Marilena e Kátia, pela amizade e compreensão.

A todos os meus amigos, sejam eles giristas, de Miradouro ou de Viçosa, do MAPA ou do COLUNI, da Agronomia ou da pós-graduação etc., por existirem e serem tantos, a ponto de agradecê-los de forma genérica pela agradável convivência, pelos momentos de descontração e de alegria.

Às minhas irmãs Deise e Denise, ao meu cunhado Conrado e à minha sobrinha Carolina, por constituírem minha família.

Ao Sr. Francisco, D. Lúcia, Cleide e João Bosco, por completarem a minha família.

Aos meus pais João e Rosalva, pelo exemplo, pelo amor incondicional, pela vida, enfim, por tudo.

À Natália, pelo amor, incentivo, companheirismo e pela compreensão.

Por fim, a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

## **BIOGRAFIA**

JOÃO CRUZ REIS FILHO, filho de João Cruz Reis e Rosalva Torres da Cruz Reis, nasceu em 22 de novembro de 1981, em Belo Horizonte, MG.

Cursou o ciclo básico da educação nos colégios Santa Marcelina e São Paulo, em Muriaé, MG.

Em fevereiro de 1996, ingressou no Colégio de Aplicação (COLUNI) da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, MG.

Em março de 1999, iniciou o Curso de Agronomia na UFRV, onde foi bolsista de iniciação científica na área de Melhoramento Animal.

Em janeiro de 2002, iniciou sua criação de Gir Leiteiro, na Fazenda Sumaúma, em Miradouro, MG, cidade onde passara os melhores momentos de sua infância.

Em janeiro de 2004, recebeu os “votos de louvor ao formando”, juntamente com o título de Engenheiro-Agrônomo pela Universidade Federal de Viçosa, e iniciou seus estudos de pós-graduação.

Em fevereiro de 2006, defendeu a dissertação “Endogamia na Raça Gir”, obtendo o título de “Magister Scientiae” pelo Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da UFRV. Permaneceu vinculado ao mesmo Programa, dando continuidade à sua pós-graduação.

Em maio de 2007, casou-se com Natália.

Em junho de 2007, ingressou, por concurso público, na carreira de Fiscal Federal Agropecuário do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), mudando-se para Brasília, DF.

Em 20 de novembro de 2009, submeteu-se à defesa da tese para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

## SUMÁRIO

	Página
RESUMO .....	ix
ABSTRACT .....	xii
INTRODUÇÃO GERAL .....	1
CAPÍTULO 1 .....	4
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA GIR LEITEIRO PARA PRODUÇÃO TOTAL DE LEITE EM MÚLTIPLAS LACTAÇÕES, POR MEIO DE MODELOS DE REPETIBILIDADE E DE REGRESSÃO ALEATÓRIA.....	4
RESUMO .....	4
ABSTRACT .....	6
1. INTRODUÇÃO .....	8
2. MATERIAL E MÉTODOS .....	10
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	14
4. CONCLUSÕES .....	18
5. REFERÊNCIAS .....	19
CAPÍTULO 2 .....	21
ALTERNATIVAS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE VACAS GIR LEITEIRO PARA PRODUÇÃO DE LEITE EM MÚLTIPLAS LACTAÇÕES.....	21

	Página
RESUMO .....	21
ABSTRACT .....	23
1. INTRODUÇÃO .....	25
2. MATERIAL E MÉTODOS .....	27
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	34
4. CONCLUSÕES .....	41
5. REFERÊNCIAS .....	42
CAPÍTULO 3 .....	44
INCORPORAÇÃO DE LACTAÇÕES COM CAUSAS DE SECAGEM NÃO CONVENCIONAIS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE VACAS GIR LEITEIRO .....	44
RESUMO .....	44
ABSTRACT .....	46
1. INTRODUÇÃO .....	48
2. MATERIAL E MÉTODOS .....	50
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	57
4. CONCLUSÕES .....	63
5. REFERÊNCIAS .....	64
CAPÍTULO 4 .....	66
RELACIONAMENTO GENÉTICO DOS TOUROS PROVADOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE COM A POPULAÇÃO DE ANIMAIS GIR LEITEIRO .....	66
RESUMO .....	66
ABSTRACT .....	68
1. INTRODUÇÃO .....	70
2. MATERIAL E MÉTODOS .....	71
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	74
4. CONCLUSÕES .....	81
5. REFERÊNCIAS .....	82
CONCLUSÕES GERAIS .....	84

## RESUMO

REIS FILHO, João Cruz, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2009. **Alternativas para avaliação genética na raça Gir Leiteiro.** Orientador: Ricardo Frederico Euclides. Coorientadores: Robledo de Almeida Torres e Rui da Silva Verneque.

Os arquivos de pedigree e de produção de leite da raça Gir provenientes do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL), conduzido pela Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL), foram utilizados na pesquisa de alternativas para avaliação genética da produção de leite na raça e fornecimento de subsídios para o desenvolvimento do PNMGL. Foram realizados estudos comparativos das avaliações genéticas para a produção de leite acumulada em 305 dias de lactação (PL305), por meio de modelos de regressão aleatória e de repetibilidade – este último considerado o método tradicional – e estudos com a produção de leite no dia do controle (PLDC), por meio de modelos autorregressivo e de repetibilidade, que também foram comparados com o método tradicional. Também, estudaram-se a possibilidade de incorporação de lactações com causas de secagem não convencionais (morte ou separação do bezerro, doença, morte ou venda da vaca e retirada da vaca do controle leiteiro) e o relacionamento genético dos touros provados com a população, visando fornecer subsídios para a escolha de touros jovens para o teste de progênie. Na edição do arquivo de dados, somente as três primeiras lactações foram mantidas,

eliminando-se também lactações cuja idade da vaca ao parto estivesse fora do intervalo de 24 e 66, 36 e 84, 48 e 102 meses para primeira, segunda e terceira ordens de parto, respectivamente. Os controles cujas produções estiveram abaixo ou acima de 3,5 desvios-padrão da média no dia do controle foram eliminados. Lactações com três ou menos controles também foram excluídas. Da mesma forma, observou-se o número mínimo de três lactações para cada classe de efeito fixo. Os efeitos fixos incluídos nos modelos variaram conforme as análises, podendo conter rebanho-ano do parto, mês do parto ou mês e ano do controle, ordem de parto ou classe de dia do controle aninhado em ordem de parto, número de ordenhas diárias e condições de manejo. No caso das análises com PLDC, os controles foram agrupados em 31 classes de dias em lactação (por ordem de parto), com a primeira classe compreendendo as produções aferidas entre o 6º e o 10º dia, a segunda do 11º ao 20º dia e, assim, sucessivamente com intervalos de 10 dias, em que a última classe continha somente as produções aferidas entre o 301º e o 305º dia de lactação. Em média, cada vaca apresentou oito controles por lactação, independentemente da ordem de parto. À exceção do arquivo com as causas de secagem não convencionais, que utilizou 140.369 controles de 17.733 lactações de 10.900 vacas, os demais arquivos de análises utilizaram a PL305 de 15.065 lactações ou respectivos 125.191 controles, provenientes de 9.242 vacas. Os partos de vacas da raça Gir submetidas a duas ou três ordenhas diárias ocorreram entre 1983 e 2009, em três diferentes níveis de manejo: o extensivo (produção a pasto), o semiextensivo (produção a pasto com suplementação concentrada) e o intensivo (animais confinados e, ou, com uso de substâncias galactogênicas). Um algoritmo recursivo foi utilizado para reduzir o arquivo de pedigree de 50.371 para 17.483 animais considerados informativos, partindo-se do arquivo de produção de 10.900 vacas e buscando todos os seus ascendentes que estivessem ligados a pelo menos dois animais na base de dados. As avaliações genéticas foram feitas usando-se os programas dos sistemas MTDFREML (modelos de repetibilidade), REMLF90 (modelo de regressão aleatória) e rotinas do MATLAB (modelo autorregressivo). Utilizando as PL305 das três primeiras lactações, o modelo de regressão aleatória pode ser utilizado como alternativa para incrementar a precisão das avaliações genéticas, proporcionando maiores estimativas de herdabilidade (de 0,26 a 0,28), méritos genéticos preditos semelhantes (correlações acima de 0,97) e alta coincidência entre os animais selecionados (acima de 92%), em comparação com o modelo tradicional de repetibilidade. Utilizando a

produção de leite no dia do controle das três primeiras lactações, o modelo autorregressivo proporcionou menores variâncias residuais, maior variância genética aditiva e maiores estimativas de herdabilidades (de 0,26 a 0,32), além de méritos genéticos preditos com maior acurácia, sendo alternativa recomendada para a avaliação genética do Gir Leiteiro, em comparação com os modelos de repetibilidade, que utilizaram tanto a PLDC quanto a PL305, cujas estimativas de herdabilidade foram 0,18 e 0,24, respectivamente. Nesse sentido, o emprego do modelo autorregressivo, por analisar os registros de produção de leite no dia do controle, permite melhor aproveitamento dos dados e a inclusão de lactações tradicionalmente não utilizadas nas avaliações genéticas, o que pode incrementar a acurácia dos méritos genéticos preditos (em geral, média de 5%) sem, contudo, gerar grandes alterações na classificação dos animais avaliados (no arquivo completo, correlações amostrais e de ordem acima de 95%). Por fim, a estimativa do coeficiente de endogamia médio para a população ativa do Gir Leiteiro foi de 1,04%, indicando a tendência de os animais mais endogâmicos não permanecerem nos rebanhos. A utilização do coeficiente de relação médio dos touros com a população pode prevenir o incremento da endogamia na raça Gir, por auxiliar na escolha de reprodutores candidatos ao teste de progênie, oriundos de linhagens menos representadas no PNMGL.

## ABSTRACT

REIS FILHO, João Cruz, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, November, 2009.  
**Alternatives for genetic evaluation in Gyr cattle.** Adviser: Ricardo Frederico Euclides. Co-advisers: Robledo de Almeida Torres and Rui Da Silva Verneque.

Pedigree and milk production files from the National Brazilian Dairy Gyr Breeding Program (PNMGL), led by Embrapa Dairy Cattle in partnership with the Brazilian Association of Dairy Gyr Breeders (ABCGIL) were used in research alternatives for the genetic evaluation of milk production in the breed and to provide subsidies for the development of PNMGL. Comparative studies of genetic evaluations for cumulative 305 days milk yields (PL305), using random regression and repeatability models - the latter considered the traditional method - and studies in test day records of milk yields (TD), by means of autoregressive and repeatability models, which were also compared with the traditional method. Also, the possibility of the incorporation of lactations with non-conventional drying off causes (death or separation of the calf, illness, death or sale of the cow and removal of the cow from the official milk control) and the genetic relationship of proven bulls with the population in order to provide subsidies for the selection of young bulls for the progeny test was studied. In the edition of the data file, only the first three lactations were retained, also eliminating lactations whose first calving was outside the range of 24 and 66, 36 and 84, 48 and 102 months for the first, second and third parity orders, respectively. Controls whose production were below or above 3.5 standard

deviations from the average in the test day were eliminated. Lactations with three or fewer controls were also excluded. Likewise, there was a minimum of three lactations for each class of fixed effect. The fixed effects included in the models varied according to the analysis, and may contain the herd-calving year, birth month or month and year of the test, parity or class of days in milk nested in parity order, number of milkings and management conditions. In the case of the analysis with TD, the tests were grouped into 31 classes of days in milk (by parity order), with the first class comprising the yields produced between the 6th and 10th day, the second of the 11th to 20th day and so on successively at intervals of 10 days where the last class only had yields produced between 301 and 305 lactation days. On average, each cow presented eight tests per lactation, regardless of parity. Except for the file with the non conventional drying off causes, which used 140,369 TD records of 17,733 lactations of 10,900 cows, the other files analyzed used the PL305 of 15,065 lactations or their respective 125,191 TD records from 9,242 cows. The cows calving occurred between 1983 and 2009 from Gyr cows subjected to two or three milkings, at three different levels of management: extensive (grass production), semiextensive (grass production with concentrate supplement) and intensive (confined animals and/or with galactogenic substance use). A recursive algorithm was used to reduce the pedigree file of 50,371 to 17,483 animals that were considered informative, starting from the output file of 10,900 cows and looking for all of their ancestors who were connected to at least two animals in the database. Genetic evaluations were made using MTDFREML system programs (repeatability models), REMLF90 (random regression model) and MATLAB routines (autoregressive model). Using the first three lactations of PL305, the random regression model can be used as an alternative to enhance the accuracy of genetic evaluations, providing higher estimates of heritability (0.26 to 0.28), predicted similar genetic merits (correlations above 0.97) and high coincidence between the selected animals (above 92%) compared with the traditional model of repeatability. Using the TD milk yields in the first three lactations, the autoregressive model provided smaller residual variances, a higher additive genetic variance and higher heritability estimates (0.26 to 0.32), and predicted genetic merit with greater accuracy being a recommended alternative for the genetic evaluation of the Dairy Gyr, compared to the repeatability model, which used both the TD as well as the PL305, whose heritability estimates were 0.18 and 0.24, respectively. In this sense, the use of an autoregressive model, by examining

the daily milk yields, allows better use of the data and the inclusion of lactations not traditionally used in genetic evaluation, which can increase the accuracy of predicted genetic merits (in general, averaging 5%) without, however, generating major changes in the classification of the evaluated animals (in the full file, sample and rank correlations above 95%). Finally, the estimated average inbreeding coefficient for the active population of Dairy Gyr was 1.04%, indicating a trend of the more inbred animals not staying in their herds. Using the average relatedness coefficient of bulls with the population could prevent the increase of inbreeding in Gyr breed, to help in selection of candidates for the progeny test from lines less represented in PNMGL.

## **INTRODUÇÃO GERAL**

Originária da Índia, a raça Gir rapidamente se difundiu no Brasil em virtude de sua rusticidade e adaptabilidade aos mais diversos sistemas de produção. Inicialmente selecionada para produção de carne, logrou ser a raça zebuína mais numerosa no país, mas foi no período de decadência que a raça reencontrou sua vocação natural, a aptidão leiteira, transformando-se em um sustentáculo da pecuária nacional.

O Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL), iniciado em 1985, foi a consolidação de um longo e árduo trabalho de seleção da raça para a aptidão leiteira, que começou nos primórdios do século XX, por instituições públicas (fazendas experimentais do Ministério da Agricultura), seguidas por criadores pioneiros. Por sinal, a integração público-privado é caráter marcante e fator preponderante para o sucesso do Programa. Executado pela Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL), o Programa tem contado com o apoio financeiro dos Ministérios da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) e de Ciência e Tecnologia (MCT), agências de fomento (CNPq, CAPES e FAPEMIG) e centrais de inseminação artificial, entre outros.

O objetivo do PNMGL é promover o melhoramento genético da raça Gir Leiteiro por meio da identificação, seleção e multiplicação de genótipos superiores para as principais características de importância econômica. Entre as diversas atividades do PNMGL, destacam-se a identificação e seleção de touros

geneticamente superiores para características de produção, de conformação e de manejo, por meio do teste de progênie de reprodutores e, mais recentemente, com apoio da biologia molecular, cujos primeiros resultados foram publicados em 1993, o que possibilitou a organização de ampla base de dados, utilizada neste trabalho.

O êxito alcançado pelo Gir Leiteiro nos últimos anos, com preços recordes na comercialização de animais, grande demanda nacional e internacional por material genético e contínuo crescimento na venda de sêmen, representa a coroação do esforço empreendido por todos aqueles que acreditaram na raça Gir como alternativa para produção de leite nos trópicos.

No momento em que o mundo volta sua atenção para as mudanças climáticas, em especial o aquecimento global, a disponibilidade de recurso genético capaz de produzir alimento, em quantidade e qualidade, sob condições adequadas de bem-estar animal, ainda que o ambiente seja adverso e restritivo, o Gir Leiteiro cresce em importância para a reorganização da pecuária global em bases mais sustentáveis. Para atender às demandas atuais e futuras, os programas de melhoramento devem estar atentos a essas tendências, incorporando novas características e tecnologias sempre que possível.

Ainda assim, o maior desafio para na implementação de programas de melhoramento genético de raças leiteiras nos países em desenvolvimento é o alto custo das operações sistemáticas de coleta de dados no campo. Em decorrência disso, muitos programas de melhoramento já estabelecidos têm enfrentado, dificuldades para ampliar o quantitativo de rebanhos acompanhados, o que resulta em número reduzido de vacas e lactações controladas.

Apesar do alto custo de geração das informações nos programas de melhoramento genético, importante fatia delas não são aproveitadas em razão de impedimentos metodológicos. De certo modo, isso interfere na principal atividade do melhoramento genético, que é a seleção dos animais por seus méritos genéticos, com vistas à realização dos acasalamentos para formação da próxima geração.

Nesse contexto, o desenvolvimento e busca de metodologias e modelagens mais adequadas, que proporcionem maior acurácia na predição do valor genético dos animais para as características de interesse, são uma necessidade recorrente. Pequenos incrementos que contribuem para melhor classificação dos animais, especialmente dos touros, podem gerar grandes impactos nos sistemas produtivos.

A comparação entre os modelos de repetibilidade e de regressão aleatória, utilizando informações de produção de leite acumulada até 305 dias de lactação, é apresentada no Capítulo 1. No Capítulo 2, os modelos de repetibilidade e autorregressivo que utilizaram registros de produção de leite no dia do controle foram comparados com o modelo tradicional utilizado no PNMGL, que analisou a produção até 305 dias de lactação, por meio de um modelo de repetibilidade. No Capítulo 3 é avaliado o impacto da incorporação de registros de produção de leite no dia do controle oriundos de lactações com causas de secagem não convencionais, por meio de um modelo autorregressivo.

Outro fator decisivo para o sucesso dos programas de melhoramento genético está na escolha de reprodutores jovens para ingressarem no teste de progênie, especialmente quando os recursos são limitados e a capacidade anual para avaliação de touros é reduzida. O difícil equilíbrio entre o máximo ganho genético possível e o mínimo estreitamento da base genética reforça a necessidade de buscar subsídios técnico-científicos para prevenir a erosão de um recurso genético estratégico.

No Capítulo 4 é divulgado o relacionamento genético médio entre os touros da raça Gir, avaliados com mérito genético positivo, e a população. Neste estudo, analisaram-se também características da estrutura genética para essa parte da amostra, que continha as vacas com informações de produção de leite nos últimos 26 anos e seus ascendentes informativos.

## **CAPÍTULO 1**

# **AVALIAÇÃO GENÉTICA DE ANIMAIS DA RAÇA GIR LEITEIRO PARA PRODUÇÃO TOTAL DE LEITE EM MÚLTIPLAS LACTAÇÕES, POR MEIO DE MODELOS DE REPETIBILIDADE E DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

## **RESUMO**

Dados de 15.065 lactações de 9.242 vacas Gir foram analisados por modelos de repetibilidade (MREP) e de regressão aleatória (MRA), com o objetivo de comparar as estimativas dos componentes de variâncias e os méritos genéticos preditos com base na produção total de leite até 305 dias de lactação das três primeiras ordens de parto. A matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco foi composta por 17.483 animais informativos. Os efeitos fixos de rebanho-ano de parto, mês de parto, número de ordenhas e condições de manejo, além dos efeitos linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto, foram comuns a ambos os modelos. No MREP, a ordem de parto (OP) foi utilizada como efeito classificatório, já no MRA foi ajustada como covariável de efeito linear. No MRA foram utilizados polinômios lineares para modelagem dos efeitos de animal e ambiente permanente. A variância residual obtida quando se usou o MRA foi menor que no MREP e, à exceção da primeira ordem de parto, os componentes genético-aditivo e de ambiente permanente foram maiores no MRA do que no MREP. A variância fenotípica no

MRA aumentou em função da OP. As estimativas de herdabilidades para as três OPs pelo MRA variaram de 0,26 a 0,28, sendo superiores à estimativa de 0,24 obtida quando se usou o MREP. A alta correlação genética entre os valores genéticos preditos para as três OPs pelo MRA apontou que as estimativas da segunda OP (OP2) poderiam ser comparadas com as do MREP. As correlações amostrais e de ordem entre os valores genéticos preditos pelo MRA-OP2 e o MREP foram superiores a 0,97. Observou-se também coincidência de animais selecionados por ambas as metodologias acima de 92% entre os 10 e 20% melhores touros e 25 e 50% entre as melhores vacas. Embora os resultados de ambas as abordagens sejam similares, a utilização do MRA pode incrementar as expectativas de ganhos genéticos com a seleção, ainda que utilizando informações de produção total de leite na lactação. Mais estudos são necessários para avaliar a utilização dos coeficientes de regressão aleatória para avaliação genética dos candidatos à seleção.

## **CHAPTER 1**

# **GENETIC EVALUATION OF DAIRY GYR BREED FOR TOTAL MILK YIELD IN MULTIPLE LACTATIONS, USING REPEATABILITY AND RANDOM REGRESSION MODELS**

### **ABSTRACT**

Data from 15,065 lactations of 9242 Gyr cows were analyzed by repeatability (MREP) and random regression (MRA) models in order to compare the estimates of variance components and predicted genetic merits, based on the cumulative 305 days milk yields of the first three lactations. The numerator relationship matrix (NRM) was composed of 17483 informative animals. The fixed effects of herd-calving year, calving month, number of milkings and management conditions, in addition to linear and quadratic covariates of calving age, were common to both models. In MREP, the parity order (PO) was used as a classificatory effect and in the MRA was fitted as a linear covariate effect. In the MRA, linear polynomials were used for modeling the animal and the permanent environment effects. The residual variance obtained when the MRA was used was lower than in the MREP and, except for the first parity, the additive genetic components and permanent environmental effects were greater in the MRA than in the MREP. The phenotypic variance in the MRA increased with the PO. Estimates of heritability for the three POs by the MRA ranged from 0.26 to 0.28, and was higher than the estimate of 0.24 obtained when using the MREP. The high

genetic correlation between estimated breeding values for the three POs by the MRA showed that the estimates of the second PO (PO2) could be compared with the MREP. Sample and rank correlations between the predicted breeding values by the MRA-PO2 and MREP were above 0.97. Coincidence of animals selected by both methods was also observed, over 92% between the top 10 to 20% bulls and 25 to 50% better cows. Although the results of both approaches are similar, the use of the MRA can increase the expected genetic gains with the selection, even using information of cumulative milk yield during lactation. More studies are needed to evaluate the use of random regression coefficients for genetic evaluation of candidates for selection.

## 1. INTRODUÇÃO

Os principais programas de melhoramento genético de raças leiteiras no Brasil, como Gir Leiteiro, Guzerá e Girolando, utilizam a produção total de leite até 305 dias na primeira lactação para predição do mérito genético dos animais (VERNEQUE et al., 2009; PEIXOTO et al., 2009; FREITAS et al., 2009), assim como o sumário de touros Gir e Gir Mocho de aptidão leiteira (ALBUQUERQUE et al., 2009).

Alguns estudos dessas raças apontam para potenciais benefícios em utilizar a produção de leite no dia do controle, em detrimento da produção total na lactação, especialmente pela utilização de modelos de regressão aleatória (FREITAS, 2003; COSTA et al., 2005; HERRERA et al., 2008; PEREIRA, 2009).

Uma desvantagem dos modelos de regressão aleatória (MRA) é a maior exigência de recursos computacionais, devido ao maior número de efeitos aleatórios nas equações de modelos mistos e ao maior número de observações por análise, por utilizarem a produção no dia do controle (JAMROZIK; SCAHEFFER, 1997). Talvez por isso, os países que utilizam os MRA nas avaliações genéticas para a produção de leite o fazem apenas com informações da primeira lactação das vacas (INTERBULL, 2008).

Os MRA foram originalmente propostos como alternativa para modelar características que são medidas repetidamente na vida dos animais, os chamados dados longitudinais (KIRKPATRICK et al., 1994). Assim como as produções no dia do controle dentro de cada lactação, as produções totais em múltiplas lactações

também podem ser tratadas como medidas repetidas de um indivíduo. Essa abordagem, embora comum com a utilização dos modelos de repetibilidade, foi pouco explorada pelos MRA, que foram exaustivamente estudados para dados de uma única lactação (em geral, a primeira). Assim, a avaliação genética dos animais com base em múltiplas lactações poderia se beneficiar das potenciais vantagens da utilização dos MRA, sem que se façam pressuposições inconvenientes ou inapropriadas sobre os parâmetros do modelo.

Este trabalho foi realizado com o objetivo de comparar as estimativas dos componentes de variâncias e os méritos genéticos preditos para os animais com base na produção total das três primeiras lactações de vacas Gir, por modelos de repetibilidade e de regressão aleatória.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

As análises foram efetuadas com dados do Arquivo Zootécnico Nacional, depositado na Embrapa Gado de Leite, provenientes do Programa Nacional de Melhoramento Genético do Gir Leiteiro (PNMGL). O PNMGL é executado pela Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL) e contempla a condução do teste de progênie de reprodutores desde 1985. Até o presente, 186 reprodutores foram avaliados geneticamente e cerca de 171 estão em teste (VERNEQUE et al., 2009).

Na preparação do arquivo de dados, somente as três primeiras lactações foram mantidas na base de dados, eliminando-se lactações ocorridas fora de determinado intervalo de idade da vaca ao parto. Dessa forma, nas lactações consideradas válidas as idades das vacas ao parto (em meses), mínima e máxima, foram 24 e 66, 36 e 84, 48 e 102 meses, para primeira, segunda e terceira ordens de parto, respectivamente.

Na Tabela 1, encontram-se o número de lactações utilizadas nas análises, ocorridas entre 1983 e 2009, produzidas por 9.242 vacas submetidas a duas ou três ordenhas diárias, em três diferentes níveis de manejo: o extensivo (produção a pasto), o semiextensivo (produção a pasto com suplementação concentrada) e o intensivo (animais confinados e, ou, com uso de substâncias galactogênicas). Observou-se o número mínimo de três lactações para cada classe de efeito fixo. Algumas vacas possuíam informações em apenas uma ordem de parto (4.239, 561 e 328, para primeira, segunda e terceira lactações, respectivamente). Outras vacas possuíam duas

lactações controladas (1.771, 151 e 483, para primeira e segunda, primeira e terceira e segunda e terceira, respectivamente). Somente 1.709 vacas possuíam dados das três ordens de parto no arquivo.

Tabela 1 – Número de lactações no arquivo das análises

Ordem de Parto (OP)	Lactações
1	7.870
2	4.524
3	2.671
Total	15.065

Visando reduzir a demanda computacional, utilizou-se um algoritmo recursivo para manter no arquivo de pedigree somente vacas Gir puras com produção e seus ancestrais. Dessa forma, os indivíduos mestiços, os que não tinham dados ou não eram progenitores de vacas Gir puras com produção, não possuíam ancestrais conhecidos e estavam ligados a apenas um animal no banco de dados foram excluídos do arquivo de pedigree, que continha originalmente 50.371 animais. Após o término de sucessivos ciclos de eliminação, a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco foi composta com 17.483 animais considerados informativos.

O modelo de repetibilidade utilizado na análise foi:

$$y_{ijklmo} = \mu + rap_i + mp_j + op_k + nord_l + man_m + c_1(ipmes_{o(k)}) + c_2(ipmes_{o(k)})^2 + a_o + p_o + e_{ijklmo}$$

em que:

$y_{ijklmo}$  é a produção total de leite até 305 dias de lactação;

$\mu$  é uma constante geral presente em todas as observações;

$rap_i$  é o efeito fixo do rebanho-ano do parto  $i$ ;

$mp_j$  é o efeito fixo devido ao mês do parto  $j$ ;

$op_k$  é o efeito fixo devido à ordem de parto  $k$ ;

$nord_l$  é o efeito fixo devido ao número de ordenhas diárias  $l$ ;

$man_m$  é o efeito fixo devido às condições de manejo  $m$ ;

$c_1$  e  $c_2$  são os coeficientes de regressão linear e quadrático da covariável idade da vaca  $o$  ao parto  $k$  ( $ipmes_{o(k)}$ , em meses);

$a_o$  é o efeito aleatório do animal  $o$ ;

$p_o$  é o efeito aleatório de ambiente permanente que incide sobre o animal  $o$ ; e

$e_{ijklmo}$  é o erro aleatório.

As estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando-se o sistema Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood (MTDFREML), descrito por Boldman et al. (1995). O critério de convergência adotado foi a variância dos valores do simplex inferior a  $10^{-9}$ . Os procedimentos de estimação dos componentes de variância foram repetidos até que o valor da função de verossimilhança permanecesse constante em duas análises consecutivas.

O modelo de regressão aleatória utilizado pode ser descrito como:

$$y_{ijklmo} = \mu + rap_i + mp_j + b_1 op_k + nord_l + man_m + c_1(ipmes_{o(k)}) + c_2(ipmes_{o(k)})^2 + a_{0_o} + a_{1_o} op_k + p_{0_o} + p_{1_o} op_k + e_{ijklmo}$$

em que:

$b_1$  é o coeficiente de regressão linear do efeito da ordem de parto sobre a produção total de leite até 305 dias;

$a_{0_o}$  e  $a_{1_o}$  são os coeficientes de regressão aleatória (intercepto e linear, respectivamente) do valor genético aditivo do animal  $o$ ;

$p_{0_o}$  e  $p_{1_o}$  são os coeficientes de regressão aleatória (intercepto e linear, respectivamente) do efeito de ambiente permanente individual do animal  $o$ ; e os demais termos foram definidos anteriormente.

A trajetória média da produção total de leite em função da ordem de parto, o valor genético aditivo e o efeito de ambiente permanente individual foram modelados

por meio de polinômios ordinários lineares. Os polinômios lineares foram utilizados porque foram consideradas no máximo três lactações completas por animal.

As análises de regressão aleatória foram realizadas com a utilização do programa REMLF90 (MISZTAL, 2002), que usa o algoritmo Maximização de Esperança (EM) com aceleração para encontrar a solução do sistema de equações. O critério de convergência foi alcançado quando o quadrado das diferenças relativas entre estimativas consecutivas foi menor que  $10^{-10}$ .

No caso dos modelos de regressão aleatória, as variâncias genética aditiva ( $\hat{\sigma}_{g_k}^2$ ) e de ambiente permanente individual ( $\hat{\sigma}_{p_k}^2$ ) para a produção total de leite até 305 na lactação  $k$  podem ser obtidas por meio de  $\hat{\sigma}_{g_k}^2 = [1 \quad op_k] \hat{G} [1 \quad op_k]^T$  e  $\hat{\sigma}_{p_k}^2 = [1 \quad op_k] \hat{P} [1 \quad op_k]^T$ , em que  $\hat{G}$  e  $\hat{P}$  representam as estimativas das matrizes de (co)variâncias dos coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto e de ambiente permanente individual, respectivamente.

As soluções dos coeficientes de regressão aleatória do animal  $o$ , isoladamente, podem não ser suficientes para classificar os melhores animais para seleção, mas as funções dessas soluções fornecem importantes informações para os procedimentos de seleção. Então, os valores genéticos aditivos dos animais para as produções totais de leite até 305 dias foram obtidos nas três lactações consideradas por meio da seguinte equação:

$$a_{o_k} = a_{0_o} + a_{1_o} op_k .$$

Após a predição dos valores genéticos com os dois modelos (de repetibilidade e de regressão aleatória), os animais foram ordenados, e utilizou-se o procedimento CORR do SAS (SAS, 2004) para calcular as correlações de Pearson (amostral) e de Spearman (de ordem) para grupos de interesse. O percentual de animais em comum selecionados pelas duas metodologias, para diferentes intensidades de seleção entre os gêneros, também foi calculado.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2 são apresentados os componentes de variância estimados para os modelos de repetibilidade (MREP) e de regressão aleatória (MRA). Para esse último, os componentes foram estimados para cada ordem de parto, com base nas matrizes dos coeficientes de regressão aleatória  $\hat{G}$  e  $\hat{P}$ , apresentadas a seguir:

$$\hat{G} = \begin{bmatrix} 145900 & 11940 \\ 11940 & 8076 \end{bmatrix}$$

$$\hat{P} = \begin{bmatrix} 199220 & -24020 \\ -24020 & 41060 \end{bmatrix}$$

Tabela 2 – Estimativas de variâncias e herdabilidades ( $h^2$ ) da produção total de leite até 305 dias de lactação, utilizando-se os modelos de repetibilidade (MREP) e de regressão aleatória (MRA) por ordem de parto

Modelos	$\sigma_g^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_f^2$	$h^2$
MREP	185417	212801	372447	770665	0,24
MRA – OP1	177856	192240	330900	700966	0,26
MRA – OP2	225964	267380	330900	824244	0,27
MRA – OP3	290224	424640	330900	1045764	0,28

\* Variâncias (kg<sup>2</sup>): genéticas aditivas ( $\sigma_g^2$ ), de ambiente permanente ( $\sigma_p^2$ ), residuais ( $\sigma_e^2$ ) e fenotípicas ( $\sigma_f^2$ ).

No modelo de regressão aleatória (MRA), as variâncias genética aditiva e permanente de ambiente aumentaram em função da ordem de parto. De certa forma, esse resultado é inesperado, já que com o avançar das partições menor número de animais permanece, o que em teoria implicaria redução de variabilidade fenotípica. Embora esse observado incremento da herdabilidade com a ordem de parto seja contraditório, as estimativas de herdabilidades tanto para o MRA quanto para o modelo de repetibilidade (MREP) encontram-se dentro da faixa sugerida na literatura (COSTA et al., 2005; HERRERA et al., 2008; ALBUQUERQUE et al., 2009; PEREIRA, 2009; VERNEQUE et al., 2009).

O aumento da herdabilidade em função da ordem de parto observado no MRA pode ser justificado por não se utilizar modelagem para a variância residual, mantida constante na análise. De todo modo, a variância residual estimada pelo MREP mostrou-se maior que aquela do MRA, demonstrando superioridade desse último, mesmo sem qualquer ajuste mais refinado. Segundo Carvalheira et al. (2002), uma abordagem analítica que reduza o componente de variância residual pode aumentar a taxa de ganho genético pelo incremento da acurácia da predição dos méritos genéticos.

As variâncias genética aditiva e permanente de ambiente estimadas pelo MREP apresentaram valores superiores aos obtidos para a primeira ordem de parto (OP1) e inferiores aos demais (OP2 e OP3). Alternativamente e considerando que a regressão foi ajustada somente nas três primeiras lactações por meio de polinômio linear, as estimativas dos componentes de variância estimados para a OP2 do MRA podem ser utilizadas para comparação com as estimativas do MREP, já que coincidem com o valor médio. Assim, o MRA proporcionou partição da variância total, que gerou estimativa maior de herdabilidade que o MREP, o que permitiria obter maiores acurácias com a seleção.

De fato, como pode ser observado na Tabela 3, as predições obtidas pelo MRA para os valores genéticos na OP2 podem ser tomadas como referência para comparação com o MREP, visto que as correlações entre os valores genéticos da segunda lactação são altamente correlacionados com os da OP1 e OP3, com magnitudes superiores àquelas observadas nas correlações entre estas últimas.

Tabela 3 – Covariâncias e correlações genéticas (acima da diagonal) e de ambiente permanente (abaixo da diagonal) entre os valores genéticos para a produção total de leite até 305 dias de acordo com a ordem de parto (OP), utilizando-se o modelo de regressão aleatória

OP	Covariâncias			Correlações		
	1	2	3	1	2	3
1	1	197872	217888	1	0,99	0,96
2	209280	1	254056	0,92	1	0,99
3	226320	325480	1	0,79	0,97	1

É interessante frisar que, enquanto o mérito genético predito pelo MREP é uma única estimativa, o obtido pelo MRA é uma composição obtida com base em duas estimativas de parâmetros de regressão ( $\hat{a}_{0_o}$  e  $\hat{a}_{1_o}$ ). Dessa forma, em cada lactação  $k$  obtém-se um valor genético, segundo o cálculo  $a_{o_k} = a_{0_o} + a_{1_o} op_k$ .

Essa particularidade permite agrupar os animais, de imediato, em dois grupos, os com  $\hat{a}_1$  menor ou maior que zero. Esse tipo de abordagem poderia ser utilizado como critério para descarte de vacas, visto que haveria expectativa de as vacas com  $\hat{a}_1 < 0$  possuírem menores diferenciais comparativos nas suas produções com o aumento da ordem de parto. No arquivo das vacas com produção, 2.642 apresentaram  $\hat{a}_1 < 0$  e 6.600 demonstraram  $\hat{a}_1 > 0$ . Torna-se interessante observar que, entre as 2.254 vacas que compõem as 25% melhores de acordo com o MREP, apenas duas possuíam  $\hat{a}_1 < 0$  e, das 4547 vacas (50% melhores pelo MREP), somente 29 tinham  $\hat{a}_1$  negativo. No caso dos touros, 302 e 515 apresentaram  $\hat{a}_1$  menor e maior que zero, respectivamente. É importante destacar que todos os touros classificados entre os 10% e os 20% melhores, segundo o MREP, apresentaram  $\hat{a}_1$  positivo. Pelo exposto, infere-se a utilização dos coeficientes de regressão pode ser ferramenta auxiliar no processo de tomada de decisão na seleção de animais.

Considerando que o mérito genético predito para a segunda lactação no MRA representa adequadamente essa metodologia, na Tabela 4 são apresentadas as correlações de Pearson e de Spearman entre os méritos genéticos preditos por esse modelo e o de repetibilidade.

Tabela 4 – Correlações amostrais (Pearson) e de ordem (Spearman) entre os méritos genéticos preditos dos animais avaliados pelos MREP e MRA-OP2

Grupo	Número	Pearson	Spearman
Geral (machos e fêmeas)	17.483	>0,99	>0,99
Touros (pais de vacas com produção)	817	> 0,99	> 0,99
Touros (10% melhores)	82	0,99	0,97
Touros (20% melhores)	164	0,99	0,98
Vacas (com produção)	9.242	>0,99	>0,99
Vacas (25% melhores)	2.254	>0,99	0,99
Vacas (50% melhores)	4.547	>0,99	>0,99

As elevadas estimativas das correlações observadas na Tabela 4 permitem dizer que as metodologias praticamente se equivalem. Esse fato é corroborado pela alta percentagem de animais em comum selecionados por ambas as abordagens. Simulando-se uma seleção de 10 e 20% dos melhores touros, seriam escolhidos em comum 92,7 e 96,3% dos animais, respectivamente. No caso das vacas com produção de leite aferida e pressupondo-se uma pressão inferior, 97,6 e 98,4% seriam selecionadas em comum para manutenção das 25 e 50%, respectivamente, de maior mérito genético por cada metodologia. Entretanto, a análise de algumas pressuposições assumidas para cada modelo seria útil para a escolha de um deles. O modelo de repetibilidade pressupõe correlação genética igual a 1 entre todos os pares de dados de um animal, igual variância e igual correlação ambiental. Na prática, algumas dessas pressuposições não se sustentam nas análises de dados reais. Os modelos de regressão aleatória pressupõem que os coeficientes de regressão para uma mesma covariável são aleatórios, de forma a permitir variação na forma das curvas. Assim, as diferenças genéticas entre animais podem ser modeladas como desvios em relação à trajetória média (MRODE, 2005).

#### **4. CONCLUSÕES**

Os modelos de regressão aleatória podem ser utilizados para a predição do mérito genético dos animais com base nas medidas de produção total em cada lactação. Os méritos genéticos preditos por essa metodologia aproximam-se dos tradicionalmente obtidos com o modelo de repetibilidade e proporcionam alta coincidência entre os animais selecionados. Os coeficientes de regressão podem ser ferramentas auxiliares na seleção. Todavia, a partição das variâncias no modelo de regressão aleatória proporcionou maiores estimativas de herdabilidade e podem incrementar as expectativas de ganhos com a seleção.

## 5. REFERÊNCIAS

ALBUQUERQUE, L. G.; EL FARO, L.; TONHATI, H.; MACHADO, C. H. C.; JOSAHKIAN, L. A.; CADETTE, E. G. **7<sup>a</sup> Sumário de Touros de Aptidão Leiteira** – Raças Gir e Gir Mocha 2009. Uberaba, MG: ABCZ, 2009. 22 p.

BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VAN VLECK, L. D. **A manual for use of MTDFREML**. A set of programs to obtain estimative of variances and covariances [DRAFT]. Beltsville: U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 125 p.

CARVALHEIRA, J. G. V.; POLLAK, E. J.; QUAAS, R. L.; BLAKE, R. W. An autoregressive repeatability animal model for test-day records in multiple lactations. **Journal of Dairy Science**, v. 85, p. 2040-2045, 2002.

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

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

FREITAS, A. F.; COSTA, C. N.; MENEZES, C. R. A.; PAIVA, L. C. **Programa Nacional de Melhoramento Genético da Raça Girolando** – Teste de progênie: sumário de touros 2009. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2009. 45 p. (Documentos, 132).

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

INTERBULL 2008. Disponível em: <<http://www-interbull.slu.se/eval/framesida-prod.htm>>. Acesso em: 20 dez. 2008.

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

KIRKPATRICK, M.; HILL, W. G.; THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and aging, illustrated with lactations in dairy cattle. **Genetics Research Cambridge**, v. 64, p. 57-69, 1994.

PEIXOTO, M. G. C. D.; VERNEQUE, R. S.; PENNA, V. M.; PEREIRA, M. C.; MACHADO, C. H. C.; MACHADO, M. A.; LÔBO, R. B.; CARVALHO, M. R. S. **Programa Nacional de Melhoramento Genético do Guzerá para Leite** – resultados do teste de progênie, do Arquivo Zootécnico Nacional e do Núcleo MOET. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2009. 54 p. (Documentos, 132).

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

MISZTAL, I. **2002 – REMLF90**: manual. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/remlf90.pdf>>. Acesso em: 5 set. 2009.

MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. 2. ed. Oxfordshire, UK: CABI Publishing, 2005. 344 p.

SAS Institute Inc. **SAS/STAT® 9.1 User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc., 2004.

VERNEQUE, R. S.; PEIXOTO, M. G. C. D.; VERCESI FILHO, A. E.; MACHADO, M. A.; REIS FILHO, J. C.; SILVA, M. V. G. B.; FERNANDES, A. R.; MACHADO, C. H. C. **Programa Nacional de Melhoramento Genético do Gir Leiteiro** – Sumário Brasileiro de Touros – Resultado do teste de progênie – maio de 2009. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2009. 64 p. (Documentos, 131).

## **CAPÍTULO 2**

### **ALTERNATIVAS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE VACAS GIR LEITEIRO PARA PRODUÇÃO DE LEITE EM MÚLTIPLAS LACTAÇÕES**

#### **RESUMO**

Dados de produção de leite no dia do controle (125.191 registros) e acumulada até 305 dias de lactação (15.065 lactações) das três primeiras ordens de parto de 9.242 vacas Gir, ocorridos entre 1983 e 2009, foram utilizados para comparar três alternativas de avaliação genética. A matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco foi reduzida a 17.483 animais, por meio de algoritmo que elimina animais considerados não informativos. Os registros de produção de leite no dia do controle (PLDC) foram analisados pelos modelos de repetibilidade (REP-PLDC) e autorregressivo (AR), ao passo que as informações de produção acumulada até 305 dias de lactação também foram analisadas por um modelo de repetibilidade (REP-305). Os efeitos fixos de rebanho-ano do parto, número de ordenhas diárias e condições de manejo foram comuns a todos os modelos. Além desses, o modelo REP-305 continha como efeitos fixos o mês do parto, a ordem de parto (OP) e os efeitos linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto. Por sua vez, os modelos que utilizaram a PLDC consideraram os efeitos fixos de ano do controle, mês do controle, classe do controle aninhado dentro da OP (31 níveis por OP) e os

efeitos linear e quadrático da idade da vaca ao controle. Além dos efeitos aleatórios de animal e de ambiente permanente presentes nos três modelos, os modelos REP-PLDC e AR continham efeito aleatório de ambiente de curto prazo, aninhando dentro de vaca, e ordem de parto, assumido como independente entre lactações. Os efeitos de ambiente permanente de longo e curto prazos no modelo AR, foram ajustados seguindo-se um processo autorregressivo de primeira ordem. As estimativas de herdabilidade foram 0,24 e 0,18 nos modelos REP-305 e REP-PLDC. No modelo AR, as estimativas de herdabilidade decresceram em função da OP, sendo estimadas em 0,32; 0,28; e 0,26 na primeira, segunda e terceira OPs, respectivamente. O modelo AR apresentou, proporcionalmente, as menores estimativas de variâncias residuais e a maior variância genética aditiva, sugerindo um eficiente ajuste proporcionado pelo processo autorregressivo. Embora os méritos genéticos preditos pelos três modelos sejam altamente correlacionados, tanto para o método de Pearson (correlação amostral) quanto para o de Spearman (correlação de ordem), as maiores acurácias observadas no modelo AR o qualificam como alternativa recomendada para utilização nas avaliações genéticas da raça Gir.

## **CHAPTER 2**

### **ALTERNATIVES TO THE GENETIC EVALUATION OF GYR DAIRY COWS FOR MILK PRODUCTION IN MULTIPLE LACTATIONS**

#### **ABSTRACT**

Data of daily milk yields (125,191 test day records) and cumulative 305 days milk yields (15,065 lactations) of the first three parities of 9,242 Gir cows, which occurred from 1983 to 2009 were utilized to compare three alternatives for genetic evaluation. The numerator relationship matrix (NRM) was reduced to 17,483 animals, through an algorithm that eliminates animals considered uninformative. The test day records (TD) were analyzed by the repeatability (REP-TD) and autoregressive (AR) models, while cumulative 305 days yields were also analyzed by a repeatability model (REP-305). The fixed effects of herd- calving year, number of daily milkings and management conditions were common to all models. In addition, the REP-305 model contained the fixed effects calving month, parity order (PO) and the linear and quadratic covariate of age at calving. As such, models that used the TD considered the fixed effects of test year, test month, days in milk class nested within the PO (31 levels by PO) and the linear and quadratic age of the cow at the test. Besides the random effects of animals and permanent environment present in the three models, the REP-TD and AR models contained the short-term environment random effect, nested in cow and parity order, assumed to be independent between

lactations. The long and short term effects of permanent environments in the AR model were adjusted following an autoregressive first order process. Heritability estimates were 0.24 and 0.18 for the REP-305 and REP-TD models. For the AR model, the heritability estimates decreased according to the PO, being estimated at 0.32; 0.28; and 0.26 for first, second and third lactations respectively. The AR model proportionally had the lowest estimates of residual variances and highest additive genetic variance, suggesting an efficient adjustment provided by the autoregressive process. Even though the predicted genetic merits of the three models are highly correlated for both the Pearson (sample correlation) and Spearman (rank correlation) method, the greatest accuracies observed in the AR model qualify them as a recommended alternative for use in the genetic evaluations of Gyr breed.

## 1. INTRODUÇÃO

Os programas brasileiros de melhoramento genético das raças leiteiras Gir Leiteiro, Guzerá e Girolando utilizam no processo de seleção os méritos genéticos dos animais, preditos com base em dados de produção de leite acumulada até 305 dias de lactação (VERNEQUE et al., 2009; PEIXOTO et al., 2009; FREITAS et al., 2009). Embora esses programas apresentem sucesso, comprovado pelo incremento genético médio ao longo dos anos e crescimento nas vendas de animais, embriões ou prenhezês e de sêmen nos últimos anos (ASBIA, 2008), a busca por metodologias ou modelos mais adequados que permitam aumentar o ganho genético é sempre oportuna e desejável.

Nesse sentido, algumas vantagens têm sido atribuídas aos modelos para ajuste da produção de leite no dia do controle (PLDC) em relação aos modelos tradicionais de produção acumulada até 305 dias de lactação. Entre elas, a definição mais precisa dos grupos de contemporâneos e dos efeitos ambientais a eles associados, o melhor ajuste para lactações de diferentes durações e, portanto, descrição mais específica do efeito de estágio de lactação dos animais em produção, maximização da quantidade de informações associadas a cada animal e não utilização de fatores de ajustamento para estender lactações parciais (PTAK; SCHAEFFER, 1993; SWLAVE, 1995; VISSCHER; GODDARD, 1995; REKAYA et al., 1999).

A utilização de métodos que permitissem a avaliação de animais com lactações em curso ou parciais viabilizaria a realização de avaliações com maior frequência, e a redução do intervalo de gerações (HILL et al., 1995) poderia

contribuir para os programas nacionais de melhoramento genético, visto que esses publicam os resultados apenas anualmente.

No Brasil, estudos com a raça Gir utilizando a produção no dia do controle foram realizados visando à seleção por produções parciais com o uso do modelo de repetibilidade (LEDIC et al., 2002) e da seleção para produção de leite na primeira lactação, ou sua persistência, utilizando modelos de regressão aleatória (COSTA et al., 2005; HERRERA et al., 2008; PEREIRA, 2009). Todavia, os modelos autorregressivos podem ser alternativas interessantes para a análise da PLDC em múltiplas lactações (CARVALHEIRA et al., 1998 e 2002) e ainda não foram estudados para as raças leiteiras utilizadas no Brasil.

Objetivou-se comparar os resultados das avaliações genéticas de animais Gir Leiteiro para produção de leite no dia do controle utilizando os modelos autorregressivo e de repetibilidade, bem como os resultados desses com os do modelo de repetibilidade tradicional, que usa a produção acumulada até 305 dias de lactação. Desejou-se estudar alternativas mais precisas para avaliação genética em gado de leite, visando aperfeiçoar o processo de seleção de animais, com dados de rebanhos brasileiros.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

Dados do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL), que compõem o Arquivo Zootécnico Nacional, foram utilizados neste trabalho. O PNMGL foi iniciado em 1985 pela Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL) e, entre suas atividades, realiza o teste de progênie para a identificação e seleção de touros geneticamente superiores para as características de interesse econômico. Até o momento, cerca de 357 reprodutores foram submetidos ao teste, dos quais 186 possuem resultados divulgados (VERNEQUE et al., 2009).

Na análise de consistência do arquivo de dados foram excluídos os controles ocorridos abaixo de 5 ou acima de 305 dias após o parto, bem como aqueles cujas produções foram maior ou menor que 3,5 desvios-padrão em relação à média no dia do controle. Mantiveram-se na base somente as três primeiras lactações, com o mínimo de três controles, desde que ocorridas com idade da vaca ao parto, mínima e máxima, de 24 e 66, 36 e 84, 48 e 102 meses na primeira, segunda e terceira ordens de parto, respectivamente.

Os arquivos de dados possuíam controles oriundos de duas ou três ordenhas diárias, de lactações ocorridas entre 1983 e 2009. Com base nos diferentes sistemas de produção, as lactações foram classificadas em três níveis de manejo: o extensivo (produção a pasto), o semiextensivo (produção a pasto com suplementação concentrada) e o intensivo (animais confinados e, ou, com uso de substâncias galactogênicas).

As produções de leite no dia do controle foram agrupadas em 31 classes de dias em lactação (por ordem de parto), com a primeira classe compreendendo as produções aferidas entre o 6º e o 10º dia, a segunda do 11º ao 20º dia, e assim sucessivamente com intervalos de 10 dias, sendo que a última classe continha somente as produções aferidas entre o 301º e o 305º dia de lactação. Em média, cada vaca apresentou oito controles por lactação, independentemente da ordem de parto. Em cada classe de efeito fixo, observou-se o número mínimo de três lactações.

No arquivo final, algumas vacas possuíam informações em apenas uma ordem de parto (4.239, 561 e 328 na primeira, segunda e terceira lactações, respectivamente). Outras vacas tinham duas lactações controladas (1.771, 151 e 483, na primeira e segunda, primeira e terceira e segunda e terceira, respectivamente). Somente 1.709 vacas possuíam concomitantemente dados das três ordens de parto no arquivo. Na Tabela 1, encontra-se o número de vacas e de controles utilizados nas análises.

Tabela 1 – Número de vacas e controles nos arquivos das análises

Ordem de Parto	Vacas	Controles
OP1	7.870	64.981
OP2	4.524	37.869
OP3	2.671	22.341
<b>TOTAL</b>	<b>9.242</b>	<b>125.191</b>

Como forma de reduzir o número de animais no arquivo de pedigree (originalmente com 50.371 cabeças), utilizou-se um algoritmo recursivo para manter nesse arquivo somente vacas Gir com dados de produção e seus ancestrais. Assim, os indivíduos que não tinham dados de produção ou que não eram progenitores de animais com dados, não possuíam ancestrais conhecidos e estavam ligados a apenas um animal no banco de dados foram excluídos do arquivo de pedigree e da genealogia de seu descendente. A matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco foi reduzida a 17.483 animais após o término de sucessivos ciclos de

eliminação, reduzindo a demanda computacional por manter somente animais informativos.

Os mesmos dados foram analisados por três diferentes modelagens. A primeira análise foi com um modelo de repetibilidade utilizando a produção total nas três primeiras lactações, a segunda também partiu de um modelo de repetibilidade, mas com as produções de leite no dia do controle, e, por último, utilizou-se um modelo autorregressivo para as mesmas produções no dia do controle das três primeiras lactações.

Um modelo de repetibilidade comum é aquele em que os componentes genéticos não aditivos são negligenciáveis e com a pressuposição adicional de uma covariância não genética de medidas repetidas no mesmo animal. A covariância entre resíduos de medidas repetidas no mesmo animal resulta em estrutura que pode ser descrita como:

$$\text{cov}(e_i, e_j) = \delta_{ij}\sigma_e^2 + \sigma_p^2$$

em que  $\delta_{ij}$  é o produto de Kronecker, ou em notação matricial nas três medidas repetidas:

$$\text{var} \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_e^2 + \sigma_p^2 & \sigma_p^2 & \sigma_p^2 \\ & \sigma_e^2 + \sigma_p^2 & \sigma_p^2 \\ & & \sigma_e^2 + \sigma_p^2 \end{bmatrix}$$

e tendo a estrutura de (co)variâncias fenotípicas:

$$\text{var} \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_e^2 + \sigma_p^2 + a_{mm}\sigma_a^2 & \sigma_p^2 + a_{mm}\sigma_a^2 & \sigma_p^2 + a_{mm}\sigma_a^2 \\ & \sigma_e^2 + \sigma_p^2 + a_{mm}\sigma_a^2 & \sigma_p^2 + a_{mm}\sigma_a^2 \\ & & \sigma_e^2 + \sigma_p^2 + a_{mm}\sigma_a^2 \end{bmatrix}$$

em que:

$\sigma_e^2$  representa a variância única de cada observação;

$\sigma_p^2$  representa a covariância de ambiente entre pares de medidas de um mesmo animal (com pressuposição de a correlação ser igual em todos os pares); e

$a_{mm}\sigma_a^2$  representa a covariância genética aditiva sob uma correlação genética unitária entre medidas de um mesmo animal.

O modelo de repetibilidade para produção de leite acumulada até 305 dias de lactação (REP-305) utilizado na análise foi:

$$y_{ijklmn} = \mu + rap_i + mp_j + op_k + nord_l + man_m + c_1(ipmes_{o(k)}) + c_2(ipmes_{o(k)})^2 + a_o + p_o + e_{ijklmo}$$

em que:

$y_{ijklmo}$  é a produção total de leite até 305 dias de lactação;

$\mu$  é uma constante geral presente em todas as observações;

$rap_i$  é o efeito fixo do rebanho-ano do parto  $i$ ;

$mp_j$  é o efeito fixo devido ao mês do parto  $j$ ;

$op_k$  é o efeito fixo devido à ordem de parto  $k$ ;

$nord_l$  é o efeito fixo devido ao número de ordenhas diárias  $l$ ;

$man_m$  é o efeito fixo devido às condições de manejo  $m$ ;

$c_1$  e  $c_2$  são os coeficientes de regressão linear e quadrático da covariável idade da vaca  $o$  ao parto  $k$  ( $ipmes_{o(k)}$ , em meses);

$a_o$  é o efeito aleatório do animal  $o$ ;

$p_o$  é o efeito aleatório de ambiente permanente que incide sobre o animal  $o$ ; e

$e_{ijklmo}$  é o erro aleatório.

O modelo de repetibilidade utilizado para analisar a produção no dia do controle (REP-PLDC) foi:

$$y_{ijklmnopqr} = \mu + rap_i + ac_j + mc_k + nord_m + man_n + c_1(icmes_{r(pl)}) + c_2(icmes_{r(pl)})^2 + cdel(op)_{o(l)} + a_p + p_p + t_{q(pl)} + e_{ijklmnopqr}$$

em que:

$y_{ijklmnopqr}$  é a produção de leite no dia do controle (PLDC);

$\mu$  é uma constante geral presente em todas as observações;

$rap_i$  é o efeito fixo do rebanho-ano do parto  $i$ ;

$ac_j$  é o efeito fixo devido ao ano do controle  $j$ ;

$mc_k$  é o efeito fixo devido ao mês do controle  $k$ ;

$nord_m$  é o efeito fixo devido ao número de ordenhas diárias  $m$ ;

$man_n$  é o efeito fixo devido às condições de manejo  $n$ ;

$c_1$  e  $c_2$  são os coeficientes de regressão linear e quadrático da covariável idade da vaca ao controle (em meses);

$icmes_{r(pl)}$  é a idade da vaca  $p$  no controle  $r$  da ordem de parto  $l$  (em meses);

$cdel(op)_{o(l)}$  é o efeito da classe de dias em lactação da produção dentro da ordem de parto  $l$ ;

$a_p$  é efeito aleatório do animal  $p$ ;

$p_p$  é o efeito aleatório de ambiente permanente;

$t_{q(pl)}$  é o efeito aleatório de ambiente de curto-prazo, aninhando dentro de vaca e ordem de parto, assumido como independente entre lactações; e

$e_{ijklmnopqr}$  é o erro aleatório.

Para esses dois modelos, as estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos foram obtidas pelo sistema Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood (MTDFREML), descrito por Boldman et al. (1995). O MTDFREML utiliza o método da máxima verossimilhança restrita e algoritmo livre de derivadas para estimação dos componentes de variância, e o método simplex para procura dos valores dos componentes de covariância que minimizam a função  $-2 \log_e L$  ( $L$  é a função de verossimilhança). O critério de convergência adotado exigiu variância dos valores do simplex inferior a  $10^{-9}$ . O procedimento foi repetido três vezes, utilizando-se as estimativas obtidas na análise precedente como valores iniciais. Em seguida, as herdabilidades foram estimadas e os valores genéticos, preditos.

É bastante improvável que todos os controles sejam igualmente correlacionados independentemente de sua proximidade. Assim, um modelo mais “realista” foi proposto com a imposição de uma estrutura de covariância autorregressiva para os resíduos (QUAAS, 1984 citado por CARVALHEIRA et al., 2002). A mais simples dessa estrutura é um processo estacionário autorregressivo de primeira ordem, que é aplicável para intervalos iguais. A seguir, a estrutura proposta para três medidas repetidas:

$$\text{var} \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & \rho & \rho^2 \\ & 1 & \rho \\ sim. & & 1 \end{bmatrix} \sigma_e^2 = F \sigma_e^2$$

em que:

$\sigma_e^2$  representa a variância ambiental; e

$\rho$  representa a autocorrelação com  $|\rho| < 1$ .

Dados contíguos em um modelo autorregressivo são igualmente correlacionados se o intervalo entre eles for constante, o que produz correlação decrescente entre dados não contíguos proporcional com o distanciamento no tempo que os separa. A matriz F pode ser facilmente fatorada em LDL', em que L(L') é uma matriz triangular inferior (superior) e D, uma matriz diagonal. Essa fatorização é especialmente útil para o cálculo do determinante de F, por exemplo, para avaliação da função de verossimilhança.

Essa modelagem, contudo, pode criar problemas na interpretação de influências ambientais porque sua estrutura é inteiramente assumida como autocorrelacionada, o que ignora efeitos independentes de um particular dia do controle. Portanto, uma representação potencialmente mais realista para os efeitos aleatórios de ambiente na produção diária de leite pode ser assim (para três observações repetidas):

$$\text{var} \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} = \text{var} \begin{bmatrix} t_1 + r_1 \\ t_2 + r_2 \\ t_3 + r_3 \end{bmatrix} = F\sigma_t^2 + I\sigma_r^2$$

em que:

t e r são dois componentes de ambiente resultantes de uma partição da variância ambiental (e) com t seguindo um processo autorregressivo de primeira ordem, em medidas repetidas de produção de leite no dia do controle (PLDC), e r um efeito independente;

$\sigma_t^2$  representa a covariância de ambiente entre medidas repetidas de PLDC;

F representa a estrutura de autocorrelação de primeira ordem que associa as medidas realizadas em cada vaca como definido anteriormente; e

$\sigma_r^2$  representa a variância residual comum a todas as observações.

Dessa forma, os dois componentes de ambiente representam influências distintas em cada dado de PLDC. Um componente ( $\sigma_t^2$ ) compreende os efeitos de ambiente de curto prazo (STE), e o outro componente ( $\sigma_r^2$ ) compreende todas as outras fontes de variação consideradas não temporárias, mas que independentemente afetam a PLDC.

O intervalo de tempo desigual entre lactações sucessivas (o período seco) impede de usar o efeito STE para também representar a covariância entre lactações. Em consequência, uma estrutura autorregressiva pode ser uma abordagem realista

para representar os efeitos de ambiente de longo-prazo (LTE), para os quais abrandase a restrição (ou pressuposição) de que as covariâncias entre lactações são iguais e invariantes (HARVILLE, 1979; QUAAS, 1984 citados por CARVALHEIRA et al., 2002).

A descrição desse modelo autorregressivo (AR) utilizado nas análises é:

$$y_{ijklmnopqr} = \mu + rap_i + ac_j + mc_k + nord_m + man_n + c_1(icmes_{r(pl)}) + c_2(icmes_{r(pl)})^2 + cdel(op)_{o(l)} + a_p + p_{p(l)} + t_{q(pl)} + e_{ijklmnopqr}$$

em que:

$p_{p(l)}$  é o efeito aleatório de ambiente de longo-prazo (LTE) seguindo um processo autorregressivo de primeira ordem entre lactações;

$t_{q(pl)}$  é o efeito aleatório de ambiente de curto-prazo (STE) aninhando dentro de vaca e ordem de parto, assumido como independente entre lactações, e seguindo um processo autorregressivo de primeira ordem dentro de vaca e entre PLDC, e os demais termos como definidos anteriormente para o modelo de repetibilidade que utilizou a PLDC.

Para se obter as estimativas dos componentes de variância e predição dos méritos genéticos do modelo autorregressivo, utilizaram-se rotinas do MATLAB (CARVALHEIRA et al., 2002). Na estimação dos componentes de variância, considerou-se que a convergência foi atingida quando a variância do  $-2\log$  das funções de verossimilhança em todos os pontos definidos no pico do simplex foi menor que  $10^{-9}$ , desde que o resultado seja consistente, partindo de diferentes informações *a priori*.

Os valores genéticos preditos para a PLDC foram multiplicados por 305, com o objetivo de equiparar com a escala comumente adotada da produção total até 305 dias de lactação. Alternativamente, os valores genéticos preditos com base na PLDC foram multiplicados pela duração média de lactação das vacas com produção. A edição dos dados e a comparação dos resultados, por meio do cálculo das correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos preditos, foram feitas com procedimentos do SAS (SAS, 2004).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2 são apresentadas as estimativas dos componentes de variância estimados pelos diferentes modelos. É importante ressaltar que no modelo de repetibilidade que utilizou a produção total até 305 dias (REP-305) a magnitude dos componentes é maior em relação aos modelos que utilizaram a produção no dia do controle, devido às diferenças na escala:  $\text{kg}^2$  vs.  $(\text{kg}/\text{dia})^2$ . Para permitir visualização mais clara das diferenças entre os componentes, uma transformação das estimativas obtidas com o modelo REP-305 foi realizada de forma aproximada (consideraram-se 305 dias), trazendo-as para a mesma unidade dos demais modelos.

Na mesma raça, utilizando dados de produção total de leite até 305 dias de lactação, Verneque et al. (2009) encontraram estimativa de herdabilidade igual a 0,30, superior à obtida no modelo REP-305. Já a estimativa de herdabilidade do modelo REP-PLDC se encontra no intervalo observado por Ledic et al. (2002), que também utilizaram a PLDC em modelos de repetibilidade. As estimativas de herdabilidades obtidas pelo modelo autorregressivo foram maiores que as obtidas por Herrera et al. (2008) e Pereira (2009), que empregaram modelos de regressão aleatória com a PLDC na primeira lactação.

Tabela 2 – Estimativas de variâncias e herdabilidades ( $h^2$ ) da produção total na lactação até 305 dias utilizando o modelo de repetibilidade (REP-305) e de produção de leite no dia do controle e os modelos de repetibilidade (REP-PLDC) e autorregressivo (AR - por ordem de parto)

	$\sigma_g^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_t^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_f^2$	$h^2$
REP-305 <sup>1</sup>	185417	212801	-	372447	770665	0,24
REP-305 <sup>2</sup>	1,99	2,29	-	4,00	8,28	0,24
REP-PLDC <sup>2</sup>	1,72	1,89	2,19	3,83	9,64	0,18
AR <sup>2</sup>	3,00	≈0				
AR OP1 <sup>2</sup>			5,78	0,60	9,37	0,32
AR OP2 <sup>2</sup>			7,16	0,64	10,80	0,28
AR OP3 <sup>2</sup>			7,86	0,79	11,64	0,26

\*Variâncias: <sup>1</sup> (kg)<sup>2</sup>; <sup>2</sup> (kg/dia)<sup>2</sup> - genéticas aditivas ( $\sigma_g^2$ ), de ambiente permanente de longo prazo ( $\sigma_p^2$ ), de ambiente de curto prazo ( $\sigma_t^2$ ), residuais ( $\sigma_e^2$ ) e fenotípicas ( $\sigma_f^2$ ).

O modelo de repetibilidade que utiliza a produção total (REP-305), quando comparado com o modelo que utiliza a produção no dia do controle (REP-PLDC), proporcionou maior estimativa de herdabilidade. A variância fenotípica no modelo REP-PLDC foi maior que no REP-305 e, embora a partição das variâncias de ambiente entre e dentro das lactações tenha reduzido a variância residual, não foi suficiente para proporcionar maior estimativa de variância genética aditiva. Talvez por isso e pela maior simplicidade de realizar as análises, o modelo REP-305 é o preferido pelo PNMGL para predizer os méritos genéticos das vacas (VERCESI FILHO et al., 2009). Todavia, os modelos de repetibilidade partem do princípio de que as diferentes medidas, sejam elas lactações ou controles, são igualmente correlacionadas, com esse valor igual a 1. Uma estrutura autorregressiva pode ser uma abordagem mais realista por abrandar essa restrição (ou pressuposição) de que as covariâncias são iguais e invariantes (HARVILLE, 1979; QUAAS, 1984 citados por CARVALHEIRA et al., 2002).

De fato, a utilização do modelo autorregressivo (AR) com os dados de produção de leite no dia do controle parece que proporciona partição das variâncias

mais interessante, com a variância genética aditiva maior. Deve-se observar que, embora a variância de ambiente permanente de longo prazo seja próxima a zero, os componentes estimados para ambiente de curto-prazo (dentro das lactações) foram relativamente elevados. Nesse sentido, o mais importante foi a baixa magnitude das estimativas de variâncias residuais, gerando herdabilidades maiores que nos modelos de repetibilidade (REP-305 e REP-PLDC).

Utilizando dados simulados, Carvalheira et al. (2002) verificaram que esse modelo autorregressivo estima, com precisão, os efeitos permanentes de ambiente, de longo e curto prazos, estejam eles presentes ou não. Portanto, uma vez que o problema não está na modelagem aplicada, a baixa variância de ambiente permanente de longo prazo pode ser devida à estrutura dos dados, que não possuem todas as três lactações de todas as vacas.

Na Tabela 3 são apresentadas as estimativas das autocorrelações dos componentes de variância de ambiente no modelo autorregressivo. É importante observar que a estrutura autorregressiva permite ajuste flexível das correlações, diferentemente dos modelos de repetibilidade, em que são assumidas serem sempre iguais a 1, conforme previamente descrito. Essa capacidade pode justificar a expressiva redução na magnitude das variâncias residuais (Tabela 2).

Tabela 3 – Estimativas das autocorrelações dos componentes de variância do ambiente de longo-prazo ( $\hat{\rho}_p$ ) e de curto-prazo por ordem de parto ( $\hat{\rho}_{t1}$ ), no modelo autorregressivo

Parâmetro	Estimativa
$\hat{\rho}_p$	≈0,00
$\hat{\rho}_{t1}$	0,79
$\hat{\rho}_{t2}$	0,79
$\hat{\rho}_{t3}$	0,81

Os valores médios, mínimos e máximos e desvios-padrão dos valores genéticos preditos e acurácias estimadas com os diferentes modelos são apresentados

na Tabela 4. Cabe destacar que os valores genéticos preditos pelos modelos que utilizaram a produção de leite no dia do controle (REP-PLDC e AR) foram multiplicados por 305, com vistas a aproximar da magnitude daqueles obtidos com o modelo de repetibilidade que utilizou a produção total até 305 dias de lactação (REP-305).

Tabela 4 – Média, desvio-padrão (DP), mínimo e máximo do valor genético e acurácia nos arquivos de análise

Modelos	Valor Genético (kg)				Acurácia (%)	
	Média	DP	Mínimo	Máximo	Média	DP
REP-305	191,01	317,41	-857,70	1700,50	50,43	19,67
REP-PLDC	172,15	294,07	-724,07	1426,79	51,99	19,99
AR	185,01	373,54	-1191,64	2150,40	60,83	22,52

Embora haja dificuldade em estabelecer outro critério para animais do arquivo de pedigree sem informações de produção, a multiplicação linear por 305 de todos os valores genéticos preditos com a PLDC poderia superestimar o mérito genético das vacas que não produziram leite até os 305 dias de lactação. Com vistas à verificar esse possível problema, nas vacas com informações de produção multiplicaram-se os valores genéticos preditos com a PLDC pelo valor médio de duração das lactações de cada vaca. As correlações amostrais (Pearson) e de ordem (Spearman) entre os valores genéticos multiplicados por 305 ou pela duração de lactação média foram de 0,99, independentemente do modelo (REP-PLDC ou AR). Com base nisso, manteve-se o critério de multiplicação por 305 e, para evitar seleção de vacas de lactação curta, seria interessante a seleção simultânea para produção de leite e persistência de lactação, como sugerido por Herrera et al. (2008) e Pereira (2009).

Os modelos REP-PLDC e AR apresentaram, respectivamente, a menor e maior amplitudes de valores genéticos preditos. De certa forma, isso também indica que a multiplicação dos valores genéticos preditos com base na PLDC por 305 não

influenciou diretamente na magnitude dos valores genéticos. Portanto, a utilização da PLDC em detrimento da produção total aumentou, em média, as acurácias. Uma análise mais detalhada das acurácias pode ser vista na Figura 1.

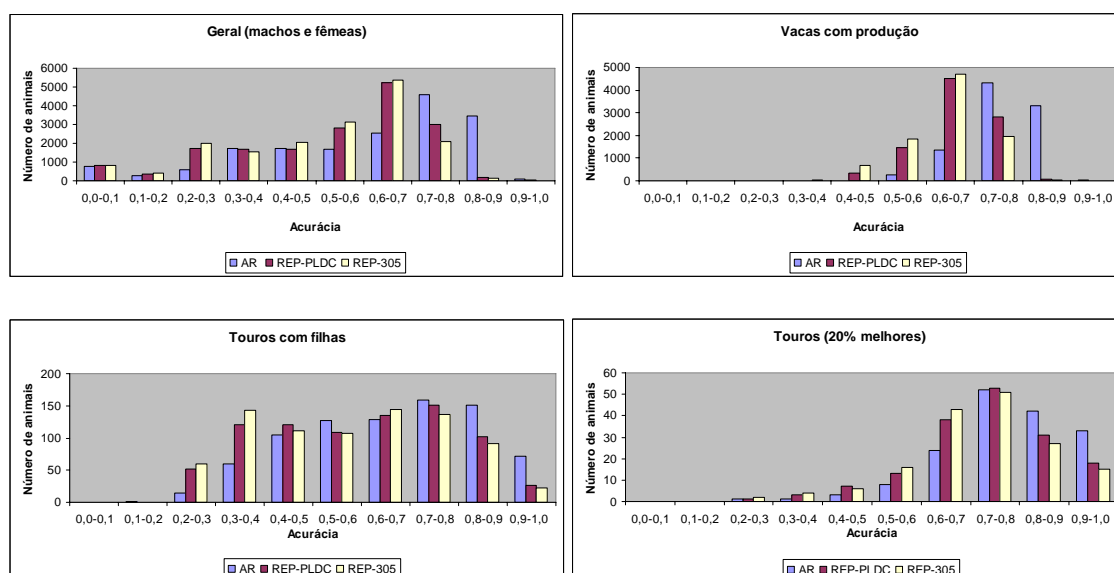


Figura 1 – Histograma das acurácias dos valores genéticos dos diferentes grupos, em função do modelo utilizado na análise.

Pela análise da Figura 1, pode-se concluir que o modelo autorregressivo (AR) proporcionou a maior concentração de animais nas classes com maior acurácia, independentemente do grupo analisado. De maneira menos pronunciada, pôde-se observar que o modelo REP-PLDC também superou o modelo REP-305, resultado devido à utilização de maior número de observações.

As correlações amostrais e de ordem entre os valores genéticos preditos nos três modelos são apresentadas na Tabela 5. Para melhor visualização do efeito da modelagem sobre os valores genéticos preditos foram formados grupos de interesse (vacas com produção e touros, com filhas e classificados entre os 10 e 20% melhores, com base no modelo REP-305).

Tabela 5 – Correlações amostrais (Pearson) e de ordem (Spearman) entre os valores genéticos, acima e abaixo da diagonal, respectivamente, preditos nos diferentes modelos

Grupo	Modelo	AR	REP-PLDC	REP-305
Geral (machos e fêmeas) 17.283 animais	AR	1	0,97	0,94
	REP-PLDC	0,97	1	0,98
	REP-305	0,93	0,97	1
Vacas com produção 9.242 vacas	AR	1	0,96	0,93
	REP-PLDC	0,96	1	0,97
	REP-305	0,93	0,97	1
Touros 817 touros	AR	1	0,98	0,95
	REP-PLDC	0,98	1	0,97
	REP-305	0,94	0,96	1
Touros (10% melhores) 82 touros	AR	1	0,90	0,86
	REP-PLDC	0,83	1	0,93
	REP-305	0,80	0,91	1
Touros (20% melhores) 164 touros	AR	1	0,90	0,84
	REP-PLDC	0,84	1	0,94
	REP-305	0,76	0,92	1

Como pode ser visto na Tabela 5, as correlações entre os modelos que utilizam a PLDC (REP-PLDC e AR) são maiores entre si do que destes para com o modelo que utiliza a produção total na lactação (REP-305). Ainda assim, nos arquivos com todos os animais, com as vacas que tiveram produção de leite medida e com todos os touros, as correlações amostrais e de ordem apresentaram valores superiores a 93%.

Em todos os casos houve tendência de as correlações amostrais serem maiores que as de ordem, fato esse mais evidenciado nas comparações com os 10 e 20% melhores touros. É exatamente nesses dois últimos subarquivos onde as metodologias apresentaram as maiores discrepâncias e também onde possivelmente impactariam mais nos sistemas de produção, uma vez que os melhores touros eram utilizados intensamente. Por isso, a metodologia que proporciona as menores estimativas de variância residual, maiores estimativas de variância genética aditiva e herdabilidades, bem como maiores acurácias, deve ser preferida para a predição de méritos genéticos.

#### **4. CONCLUSÕES**

O modelo autorregressivo que utilizou a produção de leite no dia do controle proporcionou menores variâncias residuais, maior variância genética aditiva e maiores estimativas de herdabilidades, além de méritos genéticos preditos com maior acurácia. Portanto, constitui alternativa recomendada para a análise de produção de leite em vacas Gir Leiteiro. Para evitar a seleção de vacas com lactações curtas e altas produções nos primeiros controles, sugere-se conciliar a seleção paralela com medidas de persistência de lactação.

## 5. REFERÊNCIAS

ASBIA. **Relatório estatístico de produção, importação e comercialização de sêmen 2008**. Disponível em: <<http://www.asbia.org.br/download/mercado/relatorio2008.pdf>>. Acesso em: 1º out. 2009.

BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VAN VLECK, L. D. **A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimative of variances and covariances [DRAFT]**. Beltsville: U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 125 p.

CARVALHEIRA, J. G. V.; BLAKE, R. W.; POLLAK, E. J.; QUAAS, R. L.; DURAN-CASTRO, C. V. Application of an autoregressive process to estimate genetic parameters and breeding values for daily milk yield in a tropical herd of Lucerna and in United States Holstein herds. **Journal of Dairy Science**, v. 81, p. 2738-2751, 1998.

CARVALHEIRA, J. G. V.; POLLAK, E. J.; QUAAS, R. L.; BLAKE, R. W. An autoregressive repeatability animal model for test-day records in multiple lactations. **Journal of Dairy Science**, v. 85, p. 2040-2045, 2002.

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

FREITAS, A. F.; COSTA, C. N.; MENEZES, C. R. A.; PAIVA, L. C. **Programa Nacional de Melhoramento Genético da Raça Girolando – Teste de progênie: Sumário de Touros 2009**. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2009. 45 p. (Documentos, 132).

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

HILL, W. G.; BROTHERSTONE, S.; VISSCHER, P. M. **Current and future developments in dairy cattle breeding: a research viewpoint**. Edinburgh: British Society of Animal Science, 1995. p. 59-66. (Occasional Publication, 19).

LEDIC, I. L.; TONHATI, H.; VERNEQUE, R. S.; EL FARO, L.; MARTINEZ, M. L.; COSTA, C. N.; PEREIRA, J. C. C.; FERNANDES, L. O.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativa de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais para as produções de leite no dia do controle e em 305 dias de lactação de vacas da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 5, p. 1953-1963, 2002.

PEIXOTO, M. G. C. D.; VERNEQUE, R. S.; PENNA, V. M.; PEREIRA, M. C.; MACHADO, C. H. C.; MACHADO, M. A.; LÔBO, R. B.; CARVALHO, M. R. S. **Programa Nacional de Melhoramento Genético do Guzerá para Leite** – resultados do teste de progênie, do Arquivo Zootécnico Nacional e do Núcleo MOET. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2009. 54 p. (Documentos, 132).

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

PTAK, E.; SCHAEFFER, L. R. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. **Livestock Production Science**, v. 34, p. 23-34, 1993.

REKAYA, R.; CARABAÑO, M. J.; TORO, M. A. Use of test-day yields for the genetic evaluation of production traits in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, v. 57, p. 203-217, 1999.

SAS Institute Inc. **SAS/STAT® 9.1 User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc., 2004.

SWALVE, H. H. The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yield traits. **Journal of Dairy Science**, v. 78, p. 929-938, 1995.

VERCESI FILHO, A. E.; FERNANDES, A. R.; RAMOS, M.; VERNEQUE, R. S. **Avaliação genética e de conformação de rebanhos Gir Leiteiro**. Uberaba, MG: ABCGIL, 2009. 28 p.

VERNEQUE, R. S.; PEIXOTO, M. G. C. D.; VERCESI FILHO, A. E.; MACHADO, M. A.; REIS FILHO, J. C.; SILVA, M. V. G. B.; FERNANDES, A. R.; MACHADO, C. H. C. **Programa Nacional de Melhoramento Genético do Gir Leiteiro** – Sumário Brasileiro de Touros – Resultado do teste de progênie: maio de 2009. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2009. 64 p. (Documentos, 131).

VISSCHER, P. M.; GODDARD, M. E. Genetic parameters for milk yield, survival, workability and type traits for Australian dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 78, n. 1, p. 205-220, 1995.

### **CAPÍTULO 3**

## **INCORPORAÇÃO DE LACTAÇÕES COM CAUSAS DE SECAGEM NÃO CONVENCIONAIS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE VACAS GIR LEITEIRO**

### **RESUMO**

Registros da produção de leite no dia do controle (PLDC) das três primeiras ordens de parto (OP) foram utilizados para verificar as consequências da incorporação de lactações com causas de encerramento não convencionais nos procedimentos de avaliação genética da raça Gir Leiteiro. As causas de secagem ditas não convencionais são o término da lactação por morte ou separação do bezerro, doença, morte ou venda da vaca e retirada da vaca do controle leiteiro. Dois arquivos de produção foram gerados, o primeiro com 125.191 registros de PLDC de 9.242 vacas (Arq1) e o segundo, que incluía as lactações não convencionais, com 140.369 registros de 10.900 vacas (Arq2). O mesmo arquivo de pedigree foi utilizado, com o total de 17.483 animais informativos. Os arquivos de produção foram analisados pelo mesmo modelo autorregressivo, que incluiu os efeitos fixos de rebanho-ano do parto, ano do controle, mês do controle, número de ordenhas diárias, condições de manejo e classe de dias em lactação no controle dentro da OP (31 níveis por OP). A covariável idade da vaca no controle foi modelada pelo ajuste dos efeitos linear e quadrático. Os efeitos aleatórios de ambiente de longo-prazo (LTE) e

de curto-prazo (STE) foram ajustados seguindo-se um processo autorregressivo de primeira ordem. A inclusão das lactações com causas de encerramento não convencionais aumentou em 12% o número de controles e em 18% o número de vacas, além de ter gerado incremento nas estimativas de todos os componentes de variância, à exceção do componente STE, que foi praticamente nulo nos dois casos. Esses resultados impactaram as estimativas de herdabilidade, calculadas em 0,32; 0,28; e 0,26 na primeira, segunda e terceira lactações do Arq1, respectivamente, ao passo que no Arq2 foram 0,34; 0,30; e 0,28, seguindo-se a mesma ordem. As estimativas de acurácia dos valores genéticos preditos no Arq2 foram superiores em relação às do Arq1, devido à inclusão de maior volume de informações, apesar de as correlações amostrais e de ordem entre os méritos genéticos preditos nos dois arquivos terem sido elevadas. Portanto, as lactações com causas de secagem não convencionais poderiam ser incorporadas às rotinas de avaliação genética da raça Gir, utilizando-se modelos que analisem a PLDC, como o autorregressivo, por proporcionarem maiores estimativas de herdabilidades e acurácias dos méritos genéticos, o que poderia aumentar as expectativas de ganhos genéticos com a seleção.

## **CHAPTER 3**

### **INCORPORATION OF LACTATIONS WITH NON-CONVENTIONAL DRYING OFF CAUSES IN THE GENETIC EVALUATION OF GYR DAIRY COWS**

#### **ABSTRACT**

Test day records of milk yields (TD) from the first three lactations were used to evaluate the consequences of incorporating lactations with unconventional drying off causes in the genetic evaluation procedures of Gyr cattle. The causes of so-called non-conventional drying off are the end of lactation through the death or separation of the calf, illness, death or sale of the cow and removal of the cow from the official milk control. Two output files were generated, the first with 125,191 TD-records of 9,242 cows (file1) and the second, which included unconventional lactations, with 140,369 TD-records of 10,900 cows (file2). The same pedigree file was used, with a total of 17,483 informative animals. Production files were analyzed using the same autoregressive model that included the fixed effects of herd-year of birth, test year, test month, number of milkings, management conditions and class of days in milk within parity order (31 levels by lactation). The covariate age of the cow in TD was modeled by fitting the linear and quadratic effects. The random effects of long-term (LTE) and short-term environment (STE) were adjusted according to a first order autoregressive process. The inclusion of lactations with causes of unconventional

drying off increased the number of TD-records by 12% and the number of cows in 18%, besides having generated an increase in all variance components estimates, the exception being the component of STE, which was practically zero in both cases. These results have impacted the heritability estimates, calculated at 0.32, 0.28, and 0.26 for the first, second and third lactations of file1, respectively, while for file2 they were 0.34, 0.30; and 0.28, following the same order. Estimates of accuracy of breeding values in file2 were higher compared to file1 due to the inclusion of a larger volume of information, although the sample correlations and order among the predicted genetic merits in the two files have been high. Therefore, the lactations with non-conventional causes of drying off could be incorporated into the routine genetic evaluation of Gyr breed, using models that analyze the TD, such as autoregressive model, because they provide higher estimates of heritability and accuracy of genetic merit, which could increase expectations for genetic gains with selection.

## 1. INTRODUÇÃO

O maior desafio para o estabelecimento de programas de melhoramento genético de raças leiteiras nos países em desenvolvimento é o alto custo das operações sistemáticas de coleta de dados no campo. Em decorrência disso, muitos programas de melhoramento já estabelecidos têm dificuldade em ampliar o quantitativo de rebanhos acompanhados, o que resulta em número reduzido de vacas e lactações controladas. No Brasil, os testes de progênie das raças Gir Leiteiro, Guzerá e Girolando, a despeito do relativo sucesso que pode ser comprovado pelo crescimento nas vendas de animais, embriões e prenhezes, além do incremento na comercialização de sêmen dessas raças nos últimos anos (ASBIA, 2008), em geral apresentam reprodutores provados com baixa acurácia em virtude do pequeno número de filhas utilizadas nos procedimentos de avaliação genética. Esses programas também têm em comum o fato de utilizarem a produção de leite acumulada até 305 dias de lactação para predição do mérito genético dos animais (VERNEQUE et al., 2009; PEIXOTO et al., 2009; FREITAS et al., 2009).

Diversos estudos têm apresentado vantagens em realizar a avaliação genética utilizando a produção do leite no dia do controle em detrimento da produção acumulada na lactação (SWALVE, 1995; SCHAEFFER; JAMROZIK, 1996; POOL; MEUWISSEN, 1999), especialmente por aumentar a acurácia e estabelecer grupos contemporâneos mais adequadamente.

Para utilização da produção de leite até 305 dias de lactação nas rotinas de avaliação genética, pressupõe-se que a vaca tenha tido condições de expressar seu

potencial durante todo o período, ou seja, que tenha encerrado sua lactação de maneira normal. Todavia, entre os diversos motivos que podem conduzir uma lactação ao seu encerramento precoce, muitos não implicariam necessariamente descarte dos controles que antecedem à secagem, a exemplo da venda da vaca e da morte do bezerro. Lactações em andamento (não encerradas) costumam ser projetadas ou simplesmente excluídas das análises.

No caso do ajuste da produção de leite para a duração da lactação, espera-se que esse remova mais variação genética que fenotípica, reduzindo, portanto, a eficiência da seleção em relação à avaliação genética com dados não ajustados (MADALENA, 1988).

Nesse contexto, objetivou-se incorporar controles oriundos de causas de secagem não convencionais nos procedimentos de avaliação genética, bem como comparar seu impacto na predição dos méritos genéticos e acurácias em relação à avaliação genética da produção de leite no dia do controle (PLDC) de lactações consideradas normais.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados nas análises fazem parte do Arquivo Zootécnico Nacional e são oriundos do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL), executado pela Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL). Entre as atividades do PNMGL, iniciadas em 1985, a identificação e seleção de touros geneticamente superiores para as características de interesse por meio do teste de progênie de reprodutores têm sido as principais estratégias de melhoramento genético da raça. Até o presente, 186 reprodutores foram avaliados geneticamente e 171 encontram-se em diferentes estágios no processo de avaliação (VERNEQUE et al., 2009).

Dois arquivos de produção foram gerados, diferindo em virtude da inclusão de controles provenientes de lactações em aberto (não encerradas) e com causas de encerramento não convencionais (Arq2) àquelas lactações consideradas normais (Arq1). Entendeu-se por causas não convencionais a morte ou separação do bezerro, doença, morte ou venda da vaca e retirada da vaca do controle leiteiro, partindo-se da pressuposição de que os controles que antecederam o encerramento da lactação não foram influenciados pela secagem propriamente dita. Somente lactações provenientes de vacas Gir puras foram utilizadas.

Na preparação do arquivo de dados, controles abaixo de 5 e acima de 305 dias após o parto foram excluídos. Apenas as três primeiras lactações foram mantidas na base de dados, sendo lactações fora de determinado intervalo de idade da vaca ao parto eliminadas. Assim, nas lactações consideradas válidas a idade da vaca ao parto,

mínima e máxima foram de 24 e 66, 36 e 84, 48 e 102 meses, na primeira, segunda e terceira ordens de parto, respectivamente.

Os controles cujas produções estiveram abaixo ou acima de 3,5 desvios-padrão em relação à média no dia do controle foram eliminados. Lactações com três ou menos controles também foram excluídas. Da mesma forma, observou-se o número mínimo de três lactações em cada classe de efeito fixo. Os efeitos fixos incluídos no modelo foram rebanho-ano do parto, mês e ano do controle, ordem de parto, número de ordenhas diárias e condições de manejo.

Os arquivos de dados possuíam controles oriundos de duas ou três ordenhas diárias, de lactações ocorridas entre 1983 e 2009. Com base nos diferentes sistemas de produção, as lactações foram classificadas em três diferentes níveis de manejo: o extensivo (produção à pasto), o semiextensivo (produção a pasto com suplementação concentrada) e o intensivo (animais confinados e, ou, com uso de substâncias galactogênicas).

As produções de leite no dia do controle foram agrupadas em 31 classes de dias em lactação (por ordem de parto), com a primeira classe compreendendo as produções aferidas entre o 6º e o 10º dia, a segunda do 11º ao 20º dia, e assim sucessivamente com intervalos de 10 dias, sendo que a última classe continha somente as produções aferidas entre o 301º e o 305º dia de lactação. Em média, cada vaca apresentou oito controles por lactação, independentemente da ordem de parto.

Como forma de reduzir a demanda de recursos computacionais, utilizou-se um algoritmo recursivo para manter no arquivo de pedigree somente animais com dados de produção e seus ancestrais. Assim, os indivíduos que não tinham dados ou não eram progenitores de animais com dados, não possuíam ancestrais conhecidos e estavam ligados a apenas um animal no banco de dados foram excluídos do arquivo de pedigree e da genealogia de seu descendente. Após o término de sucessivos ciclos de eliminação, a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco foi reduzida de 50.371 para 17.483 animais considerados informativos. Um único arquivo de pedigree foi gerado para as análises do Arq1 e Arq2, com base no arquivo de dados com maior número de controles e de vacas.

Quando os componentes genéticos não aditivos podem ser assumidos como negligenciáveis, um modelo de repetibilidade comum é uma extensão do modelo tradicional de valores genéticos, com a pressuposição adicional de uma covariância não genética de medidas repetidas no mesmo animal. Quaas (1984 citado por

CARVALHEIRA et al., 2002) chamou esse modelo de repetibilidade “simplista”, pois é bastante improvável que todos os controles sejam igualmente correlacionados independentemente de sua proximidade. Um modelo mais “realista” foi proposto com a imposição de uma estrutura de covariância autorregressiva dos resíduos. A mais simples dessa estrutura é um processo estacionário autorregressivo de primeira ordem, que é aplicável em intervalos iguais. A seguir, apresenta-se a estrutura proposta para três medidas repetidas:

$$\text{var} \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & \rho & \rho^2 \\ & 1 & \rho \\ \text{sim.} & & 1 \end{bmatrix} \sigma_e^2 = F \sigma_e^2$$

em que:

$\sigma_e^2$  representa a variância ambiental; e

$\rho$  representa a autocorrelação com  $|\rho| < 1$ .

Dados contíguos em um modelo autorregressivo são igualmente correlacionados se o intervalo entre eles for constante, o que produz correlação decrescente entre dados não contíguos proporcional com o distanciamento no tempo que os separa. A matriz F pode ser fatorada em LDL', em que L(L') é uma matriz triangular inferior (superior) e D é uma matriz diagonal. Essa fatoração é especialmente útil para o cálculo do determinante de F, por exemplo, para avaliação da função de verossimilhança.

Essa modelagem, contudo, pode criar problemas na interpretação de influências ambientais, porque sua estrutura é inteiramente assumida como autocorrelacionada, o que ignora efeitos independentes de um particular dia do controle. Portanto, uma representação potencialmente mais realista dos efeitos aleatórios de ambiente na produção diária de leite pode ser assim (para três observações repetidas):

$$\text{var} \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} = \text{var} \begin{bmatrix} t_1 + r_1 \\ t_2 + r_2 \\ t_3 + r_3 \end{bmatrix} = F \sigma_t^2 + I \sigma_r^2$$

em que:

t e r são dois componentes de ambiente resultantes de partição da variância ambiental (e), com t seguindo um processo autorregressivo de primeira ordem em

medidas repetidas de produção de leite no dia do controle (PLDC), e  $r$  é um efeito independente;

$\sigma_r^2$  representa a covariância de ambiente entre medidas repetidas de PLDC;

$F$  representa a estrutura de autocorrelação de primeira ordem que associa as medidas de cada vaca como definido anteriormente; e

$\sigma_r^2$  representa a variância residual comum a todas as observações.

Dessa forma, os dois componentes de ambiente representam influências distintas em cada dado de PLDC. Um componente ( $\sigma_r^2$ ) compreende os efeitos de ambiente de curto-prazo (STE), dentro de uma lactação (por exemplo, qualidade da dieta, clima, pequenas injúrias, cio). Essas flutuações positivas ou negativas podem ser canceladas ou revertidas com o tempo, seguindo, assim, um padrão ou uma estrutura em que as correlações entre as PLDCs se reduzem com o tempo. O outro componente ( $\sigma_r^2$ ) compreende todas as outras fontes de variação consideradas não temporárias, mas que independentemente afetam a PLDC (CARVALHEIRA et al., 2002).

Os efeitos de ambiente que influenciam permanentemente lactações subsequentes incluem tamanho corporal, doenças e injúrias físicas. Conceitualmente, essa é a definição clássica de efeito de ambiente permanente, contudo o LTE difere dessa concepção por pressupor que lactações não contíguas são menos correlacionadas que aquelas adjacentes. Em uma estrutura autorregressiva, eventos próximos são assumidos como mais altamente correlacionados que eventos distantes. Esses efeitos correlacionados de ambiente de longo-prazo (LTE) podem não ser bem separados na partição com o efeito de ambiente de curto-prazo (STE). Apesar disso, um modelo de repetibilidade de PLDC envolvendo múltiplas lactações necessita prever potenciais covariâncias, incluindo aquelas que ocorrem entre lactações sucessivas (CARVALHEIRA et al., 2002).

O intervalo de tempo desigual entre lactações sucessivas (o período seco) impede o uso do efeito STE para também representar a covariância entre lactações. Em consequência, uma estrutura autorregressiva pode ser uma abordagem realista para representar os efeitos de LTE, para os quais se abrandam a restrição (ou pressuposição) de que as covariâncias entre lactações são iguais e invariantes (HARVILLE, 1979; QUAAS, 1984 citados por CARVALHEIRA et al., 2002).

Isso posto, o modelo de análise pode ser descrito como:

$$y_{ijklmnopqr} = \mu + rap_i + ac_j + mc_k + nord_m + man_n + c_1(icmes_{r(pl)}) + c_2(icmes_{r(pl)})^2 + cdel(op)_{o(l)} + a_p + p_{p(l)} + t_{q(pl)} + e_{ijklmnopqr}$$

em que:

$y_{ijklmnopqr}$  é a produção de leite no dia do controle (PLDC);

$\mu$  é uma constante geral presente em todas as observações;

$rap_i$  é o efeito fixo do rebanho-ano do parto  $i$ ;

$ac_j$  é o efeito fixo devido ao ano do controle  $j$ ;

$mc_k$  é o efeito fixo devido ao mês do controle  $k$ ;

$nord_m$  é o efeito fixo devido ao número de ordenhas diárias  $m$ ;

$man_n$  é o efeito fixo devido às condições de manejo  $n$ ;

$c_1$  e  $c_2$  são os coeficientes de regressão linear e quadrático da covariável idade da vaca ao controle (em meses);

$icmes_{r(pl)}$  é a idade da vaca  $p$  no controle  $r$  da ordem de parto  $l$  (em meses);

$cdel(op)_{o(l)}$  é o efeito da classe de dias em lactação da produção dentro da ordem de parto  $l$ ;

$a_p$  é efeito aleatório do animal  $p$ ;

$p_{p(l)}$  é o efeito aleatório de ambiente de longo-prazo (LTE) seguindo um processo autorregressivo de primeira ordem entre lactações;

$t_{q(pl)}$  é o efeito aleatório de ambiente de curto-prazo (STE) aninhando dentro de vaca e ordem de parto, assumido como independente entre lactações, e seguindo um processo autorregressivo de primeira ordem dentro de vaca e entre PLDC, e

$e_{ijklmnopqr}$  é o erro aleatório.

O modelo, em notação matricial, é:

$$y = X\beta + Za + Mp + Qt + r$$

em que  $y \sim N(X\beta, V)$ ,  $\beta$  é o vetor desconhecido de efeitos fixos que, com a matriz conhecida  $X$ , define a média;  $a$ ,  $p$  e  $t$  são vetores que representam os efeitos aleatórios devido à animal, ambiente de longo prazo (LTE) e ambiente de curto-prazo (STE), que estão, respectivamente, associados com as observações em  $y$  pelas matrizes  $Z$ ,  $M$  e  $Q$ ;  $r$  é o vetor de resíduos; e  $V$  é a matriz de (co)variâncias. As

esperanças e (co)variâncias desse modelo, com três lactações por vaca ( $L = 3$ ) e utilizando as definições anteriores, são assim representadas:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ t \\ r \end{bmatrix} \sim N \left( \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} V & ZG & MJ & QS & R \\ & G & 0 & 0 & 0 \\ & & J & 0 & 0 \\ & & & S & 0 \\ & sim. & & & R \end{bmatrix} \right),$$

sendo:

$$V = ZGZ' + MJM' + \sum_{L=1}^3 (Q_L S_L Q_L') + R$$

$$G = A_{q_1} \sigma_a^2$$

$$J = \sigma_p^2 \begin{bmatrix} 1 & \rho_p & \rho_p^2 \\ & 1 & \rho_p \\ & & 1 \end{bmatrix} \otimes I_{q_2},$$

$$S_L = \begin{bmatrix} F_{1L} & & \\ & \ddots & \\ & & F_{mL} \end{bmatrix} \sigma_{iL}^2$$

$$F_{mL} = \begin{bmatrix} 1 & \rho_{iL} & \rho_{iL}^2 & \cdots & \rho_{iL}^{n-2} & \rho_{iL}^{n-1} \\ & 1 & \rho_{iL} & & & \rho_{iL}^{n-2} \\ & & \ddots & & & \vdots \\ & & & \ddots & & \rho_{iL}^2 \\ & & & & \rho_{iL} & \rho_{iL} \\ & & & & 1 & \rho_{iL} \\ & & & & & 1 \end{bmatrix}$$

$$R = I_N \sigma_r^2$$

em que  $q_1$  é igual ao número de animais avaliados,  $q_2$  é igual ao número de animais com informações de produção,  $n$  é igual ao número de controles de uma vaca em particular e  $N$  é igual ao número total de controles na análise;  $\otimes$  representa o produto de Kronecker;  $A$  é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco,  $I$  é uma matriz identidade e  $F$  é uma matriz bloco diagonal onde se encontra representada a estrutura de autocorrelação da  $m$ -ésima vaca na  $L$ -ésima ordem de parto. Essa parametrização também permite variâncias diferentes do efeito de ambiente de curto-

prazo para múltiplas lactações ( $\sigma_{ul}^2$ ). Note que  $Q = I$  com esse desenho. Portanto, as equações de modelos mistos correspondentes são:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & X'R^{-1}M & X'R^{-1} \\ & Z'R^{-1}Z + G^{-1} & Z'R^{-1}M & Z'R^{-1} \\ & & M'R^{-1}M + J^{-1} & M'R^{-1} \\ & sim. & & R^{-1} + S^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \\ \hat{t} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \\ M'R^{-1}y \\ R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Na organização do banco de dados para análise, utilizaram-se procedimentos do SAS (SAS, 2004). Para estimação dos componentes de variância e predição dos méritos genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita, foram utilizadas rotinas do MATLAB (CARVALHEIRA et al., 2002). A convergência foi atingida quando os resultados dos componentes de variância estimados se mostraram consistentes, partindo de diferentes informações *a priori*, e quando a variância do  $-2\log$  das funções de verossimilhança para todos os pontos definidos no pico do simplex foi inferior a  $10^{-9}$ . Os valores genéticos preditos para os animais utilizando a PLDC foram multiplicados por 305, com o objetivo de equiparar com a escala comumente adotada da produção acumulada até 305 dias de lactação.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A inclusão das lactações com causas de secagens ditas “não convencionais” proporcionou expressivo aumento no volume de dados disponível para avaliações genéticas, conforme pode ser observado na Tabela 1. Esse incremento de cerca de 12% no número de controles e aproximadamente de 18% no número de vacas representa resgate importante de informações que tiveram custos para serem geradas e estavam sendo subaproveitadas. Cabe ressaltar que o número de rebanhos passou de 209 no Arq1 para 284 no Arq2, o que representa incremento de 35%. As vacas do Arq1 são filhas de 817 diferentes touros, ao passo que no Arq2 esse número sobe para 869.

Tabela 1 – Número de vacas e controles nos arquivos das análises

Arquivo	Arq1		Arq2		Incremento (%)	
	Vacas	Controles	Vacas	Controles	Vacas	Controles
1	7.870	64.981	9.521	74.297	20,98	14,33
2	4.524	37.869	5.168	41.541	14,24	9,70
3	2.671	22.341	3.044	24.531	13,96	9,80
TOTAL	9.242	125.191	10.900	140.369	17,94	12,12

Uma parcela dessas lactações consideradas “não convencionais”, especificamente aquelas em aberto com mais de 150 dias, é usualmente aproveitada nas rotinas de avaliação genética por uso de fatores de correção, com vistas a projetá-las para uma produção total em 305 dias. Naturalmente, os critérios escolhidos para projetar as lactações podem influenciar muito no resultado e, conseqüentemente, na predição dos méritos genéticos. Nesse sentido, se for de interesse realizar a avaliação genética com base em produção total na lactação, Vasconcelos et al. (2004) verificaram que o modelo autorregressivo para a PLDC também possui boa capacidade preditiva, adequado para projetar os controles faltantes de lactações em aberto.

Tabela 2 – Estimativas dos componentes de variância (kg/dia)<sup>2</sup> do efeito genético aditivo ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), efeito de ambiente de longo-prazo (LTE,  $\hat{\sigma}_p^2$ ), efeito de ambiente de curto-prazo (STE,  $\hat{\sigma}_{it}^2$ ) e residual ( $\hat{\sigma}_{ri}^2$ ), fenotípica ( $\hat{\sigma}_f^2$ ), herdabilidades ( $\hat{h}^2$ ) e autocorrelações ( $\hat{\rho}_p$  e  $\hat{\rho}_{it}$ ) em diferentes lactações ( $L_l$ )

Parâmetro/Arquivo	Arq1	Arq2	Parâmetro/Arquivo	Arq1	Arq2
$\hat{\sigma}_a^2$	3,00	3,34	$\hat{\sigma}_{r1}^2$	0,60	0,65
$\hat{\sigma}_p^2$	0,00	0,00	$\hat{\sigma}_{r2}^2$	0,64	0,68
$\hat{\rho}_p$	0,00	0,00	$\hat{\sigma}_{r3}^2$	0,79	0,80
$\hat{\sigma}_{t1}^2$	5,78	5,98	$\hat{\sigma}_f^2 L_1$	9,37	9,98
$\hat{\rho}_{t1}$	0,79	0,79	$\hat{\sigma}_f^2 L_2$	10,80	11,21
$\hat{\sigma}_{t2}^2$	7,16	7,19	$\hat{\sigma}_f^2 L_3$	11,64	12,14
$\hat{\rho}_{t2}$	0,79	0,78	$\hat{h}^2 L_1$	0,32	0,34
$\hat{\sigma}_{t3}^2$	7,86	8,00	$\hat{h}^2 L_2$	0,28	0,30
$\hat{\rho}_{t3}$	0,81	0,81	$\hat{h}^2 L_3$	0,26	0,28

Pela análise da Tabela 2, pode-se observar que, no geral, a inclusão de lactações com causas de encerramento não convencionais proporcionou incremento nas estimativas dos componentes de variância.

A baixa magnitude do componente de variância devido ao efeito de ambiente permanente de longo-prazo é semelhante ao encontrado por Carvalheira et al. (1998) na raça Holandesa. Contudo, nesse mesmo trabalho os referidos autores encontraram importante contribuição desse efeito para a raça Lucerna, supondo que a condição tropical poderia influenciar nesse sentido, fato não comprovado neste trabalho com a raça Gir. De todo modo, em estudo de simulação Carvalheira et al. (2002) verificaram a eficácia do modelo autorregressivo proposto em identificar a ausência ou presença do efeito LTE e que a inclusão do referido efeito no modelo aumenta a acurácia da avaliação por reduzir o risco de desconsiderar essa possível fonte de variação.

As PLDCs em ambos os arquivos, independentemente da ordem de parto, apresentaram alta autocorrelação (variando de 0,78 a 0,81). Observou-se também que, de fato, a grande magnitude do efeito de ambiente de curto-prazo (STE) demonstra a eficiência do processo autorregressivo na redução da variância residual. Consequentemente, as estimativas de herdabilidades também foram superiores, o que pode implicar maiores expectativas de ganhos de seleção. Essas estimativas foram superiores às obtidas na raça Lucerna e semelhantes às da raça Holandesa, em que o mesmo fenômeno de redução da magnitude com o avanço da ordem de parto foi observado (CARVALHEIRA et al., 1998).

As estimativas de herdabilidades obtidas neste estudo foram superiores às obtidas na raça Gir, tanto com produção acumulada até 305 dias de lactação (VERNEQUE et al., 2009) quanto com modelos de repetibilidade (LEDIC et al., 2002) e com regressão aleatória (HERRERA et al., 2008; PEREIRA, 2009).

Na Tabela 3 são apresentadas as estatísticas descritivas que demonstram o efeito da inclusão das lactações com causas de secagem não convencionais sobre o mérito genético dos animais e sua acurácia. Em termos gerais, a inclusão dessas lactações reduziu a média predita dos valores genéticos, embora tenha ampliado o desvio-padrão dessas estimativas. Em relação às acurácias, como esperado, obteve-se incremento nessas estimativas, acompanhado de redução no desvio-padrão. No particular caso das vacas que não constavam no Arq1 e foram incluídas no Arq2, essas alterações foram bem mais significativas, visto que na primeira predição do

mérito genético se utilizaram apenas informações de parentes com base na matriz de relacionamento genético (ou matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco). Nessas 1.658 vacas, em média, a acurácia do valor genético predito aumentou de 44,73 para 70,57%.

Tabela 3 – Média, desvio-padrão (DP), mínimo e máximo do valor genético e acurácia nos arquivos de análise

Arq	N	Valor Genético (kg)				Acurácia (%)	
		Média	DP	Mínimo	Máximo	Média	DP
Arq1	n1	185,01	373,54	-1191,64	2150,40	60,83	22,52
Arq2	n1	170,97	397,83	-1307,29	2080,62	65,90	19,00
Arq1	n2	327,70	329,44	-387,23	1528,51	44,73	20,85
Arq2	n2	304,19	437,74	-1070,52	2022,06	70,57	6,54

\*n1 = 17.483 animais (machos e fêmeas); e n2 = 1.658 vacas com causa de secagem não convencional.

Uma avaliação mais profunda do efeito da inclusão das lactações com causas de secagem não convencionais pode ser realizada com base na Figura 1, onde são apresentados histogramas das acurácias agrupadas em classes, tanto para todos os animais presentes no arquivo de pedigree quanto para pequenos grupos de particular interesse. Em todos os casos, pôde-se observar deslocamento dos animais para classes de maior acurácia do Arq2 em relação ao Arq1. Novamente, essa tendência ficou mais evidente no grupo de vacas cujas lactações foram incluídas no Arq2, por apresentarem causas de secagens não convencionais.

Uma vez verificada a redução na média dos méritos genéticos preditos, decidiu-se pesquisar como essa flutuação poderia influenciar na classificação dos animais, especialmente dos touros. Na Tabela 4 são apresentadas as correlações de Pearson (ou amostral) e de Spearman (ou de ordem) entre os animais, com base nos valores genéticos preditos no Arq1 e no Arq2.

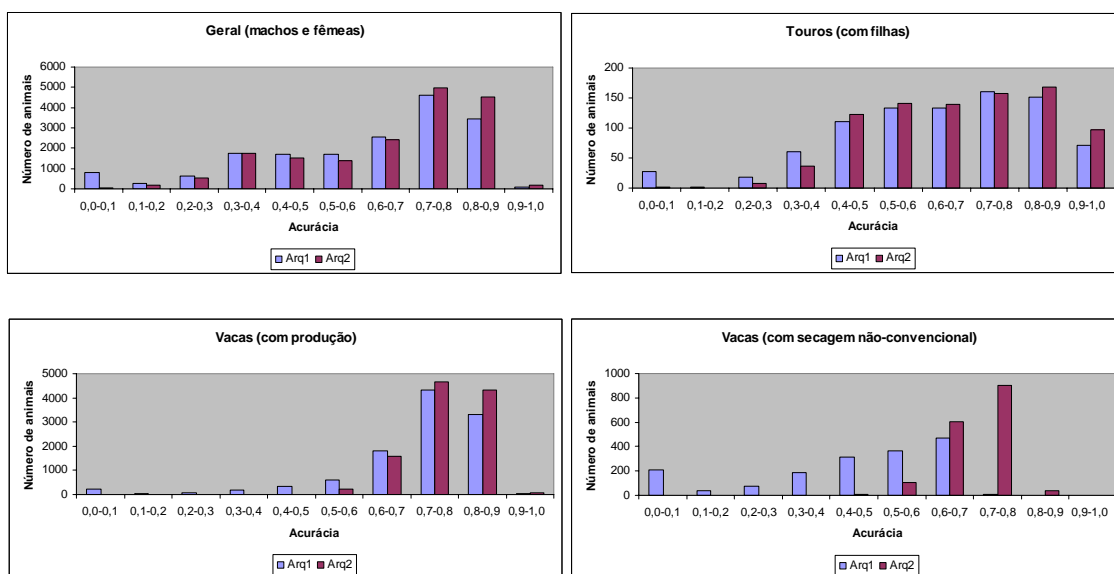


Figura 1 – Histograma das acurácias dos valores genéticos de diferentes grupos, presentes nos dois arquivos.

Tabela 4 – Correlações de Pearson e de Spearman entre os méritos genéticos dos animais avaliados nos dois arquivos

Grupo	Número de Animais	Correlação de Pearson	Correlação de Spearman
Geral (machos e fêmeas)	17.483	0,96	0,95
Touros (pais de vacas com produção)	869	0,95	0,95
Touros (10% melhores)	86	0,86	0,79
Touros (20% melhores)	174	0,88	0,84
Vacas (com produção)	10.900	0,95	0,95
Vacas (secagem não convencional)	1.658	0,72	0,70

Pela análise da Tabela 4, verificou-se que, de maneira geral, a correlação amostral foi um pouco maior que a de ordem e que ambas apontaram para alta correlação entre os valores genéticos preditos nos dois arquivos, atingindo valores superiores a 95% nos arquivos geral, de touros e de suas filhas (vacas com produção). Aliado a isso, as correlações amostrais acima de 86% comprovam

consistência no resultado, o que estimula a incorporação das novas informações por não gerar discrepâncias surpreendentes no sumário dos touros.

A maior alteração na classificação com base nos valores genéticos, apontada pelas menores correlações, foi verificada no grupo de vacas cujas produções foram incluídas no Arq2. Isso se justifica pela baixa acurácia dos valores genéticos preditos no Arq1, obtido apenas com base nas informações de parentes. O expressivo aumento da acurácia na avaliação genética desses animais no Arq2 indica que, de fato, essas vacas estavam indevidamente ordenadas pelos seus méritos genéticos preditos no Arq1. Isso corrobora as evidências favoráveis para inclusão das lactações com causas de secagem não convencionais nos procedimentos de avaliação genética.

#### **4. CONCLUSÕES**

A utilização da produção de leite no dia do controle (PLDC) em detrimento da produção acumulada até 305 dias permitiu a inclusão de lactações tradicionalmente não utilizadas nas avaliações genéticas. Essas lactações proporcionaram incremento nas acurácias dos méritos genéticos preditos sem, contudo, gerar grandes alterações na classificação dos animais avaliados. A baixa magnitude da variância residual permitiu concluir que o modelo autorregressivo empregado nas análises da PLDC foi adequado, proporcionando estimativas mais elevadas de herdabilidades, o que pode aumentar as expectativas de ganhos genéticos com a seleção.

## 5. REFERÊNCIAS

ASBIA. **Relatório estatístico de produção, importação e comercialização de sêmen 2008**. Disponível em: <[www.bia.org.br/download/mercado/relatorio2008.pdf](http://www.bia.org.br/download/mercado/relatorio2008.pdf)>. Acesso em: 1º out. 2009.

CARVALHEIRA, J. G. V.; BLAKE, R. W.; POLLAK, E. J.; QUAAS, R. L.; DURAN-CASTRO, C. V. Application of an autoregressive process to estimate genetic parameters and breeding values for daily milk yield in a tropical herd of Lucerna and in United States Holstein herds. **Journal of Dairy Science**, v. 81, p. 2738-2751, 1998.

CARVALHEIRA, J. G. V.; POLLAK, E. J.; QUAAS, R. L.; BLAKE, R. W. An autoregressive repeatability animal model for test-day records in multiple lactations. **Journal of Dairy Science**, v. 85, p. 2040-2045, 2002.

FREITAS, A. F.; COSTA, C. N.; MENEZES, C. R. A.; PAIVA, L. C. **Programa Nacional de Melhoramento Genético da Raça Girolando – Teste de progênie: Sumário de touros 2009**. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2009. 45 p. (Documentos, 132).

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

LEDIC, I. L.; TONHATI, H.; VERNEQUE, R. S.; EL FARO, L.; MARTINEZ, M. L.; COSTA, C. N.; PEREIRA, J. C. C.; FERNANDES, L. O.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativa de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais para as produções de leite no dia do controle e em 305 dias de lactação de vacas da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 5, p. 1953-1963, 2002.

MADALENA, F. E. A note on the effect of variation length on the efficiency of tropical cattle selection for milk yield. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 76, p. 830-834, 1988.

PEIXOTO, M. G. C. D.; VERNEQUE, R. S.; PENNA, V. M.; PEREIRA, M. C.; MACHADO, C. H. C.; MACHADO, M. A.; LÔBO, R. B.; CARVALHO, M. R. S. **Programa Nacional de Melhoramento Genético do Guzerá para Leite** – Resultados do teste de progênie, do Arquivo Zootécnico Nacional e do Núcleo MOET. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2009. 54 p. (Documentos, 132).

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

POOL, M. H.; MEUWISSEN, T. H. E. Prediction of daily milk yields from a limited number of test days using a test day models. **Journal of Dairy Science**, v. 82, p. 1555-1564, 1999.

SAS Institute Inc. **SAS/STAT® 9.1 User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc., 2004.

SCHAEFFER, L. R.; JAMROZIK, J. Multiple-trait prediction of lactation yields for dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 79, p. 2044-2055, 1996.

SWALVE, H. H. The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yield traits. **Journal of Dairy Science**, v. 78, p. 929-938, 1995.

VASCONCELOS, J.; MARTINS, A.; PETIM-BATISTA, M. F.; COLAÇO, J.; BLAKE, R. W.; CARVALHEIRA, J. G. V. Prediction of daily and lactation yields of milk, fat, and protein using an autoregressive repeatability test day model. **Journal of Dairy Science**, v. 87, p. 2591-2498, 2004.

VERNEQUE, R. S.; PEIXOTO, M. G. C. D.; VERCESI FILHO, A. E.; MACHADO, M. A.; REIS FILHO, J. C.; SILVA, M. V. G. B.; FERNANDES, A. R.; MACHADO, C. H. C. **Programa Nacional de Melhoramento Genético do Gir Leiteiro** – Sumário Brasileiro de Touros – Resultado do teste de progênie – maio de 2009. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2009. 64 p. (Documentos, 131).

## **CAPÍTULO 4**

### **RELACIONAMENTO GENÉTICO DOS TOUROS PROVADOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE COM A POPULAÇÃO DE ANIMAIS GIR LEITEIRO**

#### **RESUMO**

Com base nos arquivos de produção de 10.900 vacas da raça Gir, selecionadas para produção de leite, cujos partos ocorreram entre 1983 e 2009, buscaram-se todos os ascendentes informativos para a composição do arquivo de pedigree (17.483 animais), com vistas a identificar o relacionamento genético dos reprodutores provados para produção de leite com a população da raça, com o objetivo de subsidiar a escolha de touros jovens para ingresso no teste de progênie. Para o cálculo dos coeficientes individuais de endogamia (F) e de relação médio (CR), número efetivo de animais ( $N_e$ ), de fundadores ( $f_e$ ) e de ancestrais( $f_a$ ) e do intervalo de gerações (IG), o programa ENDOG foi utilizado. Os coeficientes F e CR médios da população foram de 1,04% e 0,90%, respectivamente. O  $N_e$  variou de 36,9 a 107,7 entre as primeiras quatro gerações completas. Quando calculado pelo coeficiente de regressão do coeficiente de endogamia individual sobre o número de gerações completas, máximas e equivalentes, o  $N_e$  foi de 51,12; 463,52; e 89,48, respectivamente. O  $f_e$  estimado foi 337 e o  $f_a$ , 114, sendo 54 ancestrais responsáveis pela origem de 50% dos genes da população. O IG total foi de 8,06 anos, sendo

maior nas trilhas dos machos em relação às das fêmeas. O CR dos touros com mérito genético positivo para produção de leite no Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL) e dos touros com maior CR no Sumário de Touros de Aptidão Leiteira da ABCZ/Unesp, não avaliados pelo PNMGL, foi apresentado. Esses resultados poderão auxiliar na seleção de touros jovens para o teste de progênie do PNMGL, para ocupação das vagas reservadas às linhagens menos representadas na população.

## **CHAPTER 4**

### **GENETIC RELATIONSHIP BETWEEN PROVEN BULLS FOR MILK PRODUCTION AND THE GYR DAIRY CATTLE POPULATION**

#### **ABSTRACT**

Based on the output files of 10,900 Gyr cows selected for milk production, calved between 1983 and 2009, we sought out all the informative ancestry to compose the pedigree file (17,483 animals) with the purpose of identifying the genetic relationship of proven sires for milk production with the population of the breed, with the aim of supplying the choice of young bulls to enter the progeny test. To calculate the individual coefficients of inbreeding ( $F$ ) and average relatedness ( $CR$ ), effective population size ( $N_e$ ), effective number of founders ( $f_e$ ) and ancestors ( $f_a$ ) and generation interval ( $GI$ ) the ENDOG program was used. The average coefficients  $F$  and  $CR$  were 1.04% and 0.90% respectively.  $N_e$  ranged from 36.9 to 107.7 between the first four complete generations. When calculated by the regression coefficient of the individual inbreeding coefficient on the number of complete generations, maximum and equivalent,  $N_e$  was 51.12, 463.52, and 89.48, respectively.  $F_e$  was estimated at 337, and the  $F_a$  114, with 54 ancestors responsible for 50% of the genes of the population. The total  $IG$  was 8.06 years, being higher in the male lines compared to females. The  $CR$  of bulls with positive genetic merit for milk production in the Brazilian Dairy Gyr Breeding Program (PNMGL) and of the

bulls with a higher CR in the Sire Summary of Dairy Gyr ABCZ/Unesp, not evaluated by PNMGL, was presented. These results may help in the selection of young bulls for progeny testing of PNMGL for the occupation of the vacancies reserved for less represented lines in the population.

## 1. INTRODUÇÃO

Os possíveis efeitos negativos decorrentes do incremento da endogamia, também conhecidos como “depressão endogâmica”, fornecem subsídios para que os programas de melhoramento tenham especial atenção com os critérios para inclusão dos touros em teste de progênie. Em geral, a maioria dos touros jovens candidatos ao teste de progênie é descendente dos touros líderes dos sumários, tanto pelo fato de o mérito genético predito com base nas informações de ascendentes ser mais alto quanto pela óbvia razão de gerar expectativas que suas progênies, de fato, também o qualifiquem posteriormente com elevado mérito genético.

Segundo Reis Filho (2006), embora o efeito médio do incremento da endogamia sobre as características de produção (produção de leite, gordura, proteína, lactose e sólidos totais) impacte favoravelmente até um coeficiente de endogamia (F) entre 10 e 12% para as características reprodutivas (idade ao primeiro parto e intervalo de partos), qualquer incremento de endogamia é desfavorável. Com base naquele estudo, a coordenação do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL) estabeleceu uma cota anual, com desconto de 50% nos custos de inscrição, para dois touros jovens menos relacionados com a população, visando à avaliação de novas linhagens e, assim, conter o incremento da endogamia (ABCGIL, 2009; VERCESI FILHO et al., 2009).

Objetivou-se neste trabalho identificar touros provados com maior e menor relacionamento genético com a população da raça, com vistas a subsidiar a escolha de touros jovens a serem inscritos no teste de progênie.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados nas análises fazem parte do Arquivo Zootécnico Nacional, depositado na Embrapa Gado de Leite, e são oriundos do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL). Entre as atividades do PNMGL, iniciado em 1985, a identificação e seleção de touros geneticamente superiores para as características de interesse por meio do teste de progênie de reprodutores têm sido as principais estratégias de melhoramento genético da raça. Até o presente, 186 reprodutores foram avaliados geneticamente, e 171 encontram-se em diferentes estágios no processo de avaliação (VERNEQUE et al., 2009).

Para compor o arquivo de análise, partiu-se de um arquivo de produção de leite de 10.900 vacas da raça Gir, paridas entre 1983 e 2009. Em seguida, utilizou-se um algoritmo recursivo para manter no arquivo de pedigree somente essas vacas e seus ancestrais. Assim, os indivíduos que não tinham dados ou não eram progenitores de animais com dados, não possuíam ancestrais conhecidos e estavam ligados a apenas um animal no banco de dados foram excluídos do arquivo e da genealogia de seu descendente. Após o término de sucessivos ciclos de eliminação, o arquivo de pedigree reduzido ficou com 17.483 animais.

O arquivo de pedigree reduzido, acrescido de informações de nascimento, rebanho e sexo, foi analisado pelo programa ENDOG v. 4.6 (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

O coeficiente de endogamia ( $F$ ), definido como a probabilidade de um indivíduo possuir dois alelos idênticos por ascendência, foi calculado com o

algoritmo proposto por Meuwissen e Luo (1992). O incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) calculado para cada geração foi obtido utilizando-se a fórmula clássica:

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

em que  $F_t$  e  $F_{t-1}$  são a endogamia média na  $t^{\text{ésima}}$  e  $(t-1)^{\text{ésima}}$  gerações.

Utilizando-se o  $\Delta F$  nas gerações em que  $F_t > F_{t-1}$ , o programa ENDOG calcula o tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) pela fórmula:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

O número de gerações completas traçadas ( $g$ ) é definido como a geração mais distante, em que todos os ancestrais sejam conhecidos, ou seja, que separa a progênie da mais distante geração em que  $2^g$  ancestrais do indivíduo são conhecidos. O número máximo de gerações traçadas é o número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto. O número equivalente de gerações completas, por sua vez, é obtido pelo somatório dos termos  $(1/2)^n$  de todos os ancestrais conhecidos, em que  $n$  é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido (Maignel et al., 1996).

Os animais dito fundadores são aqueles com genealogia desconhecida, e o número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) é calculado por:

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

em que  $q_k$  é a probabilidade de o gene ser originado do fundador  $k$  ou, alternativamente,  $q_k$  é o CR do fundador  $k$ .

O número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) é calculado de maneira similar ao número efetivo de fundadores:

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

em que  $q_j$  é a contribuição marginal de um ancestral  $j$  (não necessariamente fundador), ou seja, a contribuição genética de ancestral que não é explicada por um ancestral escolhido anteriormente.

O intervalo de gerações, dado pela média da idade dos pais ao nascimento de sua progênie mantida para a reprodução, foi calculado pelo programa ENDOG, utilizando-se as quatro trilhas (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha) e considerando apenas animais nascidos entre 1966 e 2006, cujas datas de nascimento eram conhecidas.

O “coeficiente de relação médio” (CR), ou *average relatedness coefficient*, é calculado ao mesmo tempo que os coeficientes de endogamia. Para a obtenção dos CR, utilizou-se o algoritmo descrito em Gutiérrez e Goyache (2005).

Os touros provados com mérito genético positivo pelo PNMGL (VERNEQUE et al., 2009) foram ordenados decrescentemente por seu CR, com vistas a identificar os touros menos e mais relacionados com a população ativa do Gir Leiteiro, permitindo subsidiar a tomada de decisão na seleção de touros jovens para o teste de progênie. De forma semelhante, os touros com avaliação genética positiva no Sumário de Touros de Aptidão Leiteira, da ABCZ/Unesp (ALBUQUERQUE et al., 2009), que não tenham sido avaliados pelo PNMGL foram ordenados por seu CR.

Procedimentos do programa SAS (SAS, 2004) foram utilizados para organização do banco de dados.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nos 17.483 animais presentes no arquivo, a média estimada do coeficiente de endogamia (F) foi de 1,04% e do coeficiente de relação médio (CR), 0,90%. Esses resultados são inferiores ao observado por Reis Filho (2006), que verificou F e CR médios de 2,82% e 2,10%, respectivamente, num quantitativo de 27.610 animais. Na população avaliada por Reis Filho (2006), 60% dos indivíduos apresentaram algum nível de endogamia. Essa estimativa é praticamente o dobro da presente, visto que apenas 30,55% (5.342 de 17.483) dos animais apresentaram F maior que zero.

Essa redução favorável nos coeficientes estimados pode ser justificada pela análise de um menor número de animais, visto que neste trabalho foram considerados somente animais com informações de produção de leite no dia do controle e respectivos ancestrais. Uma vez que Reis Filho (2006) utilizou como base um arquivo de produção de leite na lactação, algumas vacas que não dispunham da produção no dia do controle, cujos partos ocorreram entre 1960 e 1983, foram eliminadas da análise e podem explicar uma parcela dessa redução. Outro fator foi a eliminação de indivíduos considerados não informativos, ou seja, que de fato não foram submetidos ao controle leiteiro oficial e nem deixaram descendentes.

A eliminação de ascendentes que estavam ligados a somente um descendente no banco de dados, embora não impacte no cálculo dos coeficiente de endogamia, gerou elevado número de animais com pedigree incompleto (5.080), maior que os 3.709 encontrados por Reis Filho (2006). Comparativamente, isso provocou crescimento no número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), passando de 146 para 337. De

maneira similar, aumentou o número de ancestrais que contribuíram para a população-referência (aquela com ambos os pais conhecidos), de 2.872 para 4.041. Também, o número de ancestrais responsáveis pela origem de 50% dos genes da população aumentou de 28 para 54, e o número efetivo de ancestrais para a população-referência ( $f_a$ ) subiu de 75 para 114.

A superestimação dos parâmetros  $f_e$  e  $f_a$ , embora questionável, pode refletir melhor a realidade do Gir Leiteiro atual, pois certamente a maior parte dos cerca de 10.000 animais a menos na análise realmente não deixou descendentes que contribuíram para a raça como um todo. Esses resultados se aproximam mais dos obtidos por Faria (2002), cujas estimativas para  $f_e$  e  $f_a$  foram 284 e 211, respectivamente, que trabalhou com os dados da população registrada da raça Gir na Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ).

Apesar das eliminações de ancestrais não informativos, o maior número de gerações completas encontrado neste estudo foi 5, o mesmo obtido por Reis Filho (2006). Esse valor representa o completo conhecimento dos 32 ascendentes mais próximos dos indivíduos da quinta geração ( $2^5$ ). A descrição das gerações completas traçadas encontra-se na Tabela 1.

Tabela 1 – Número de indivíduos (N), coeficiente de endogamia médio (F), porcentagem de indivíduos endogâmicos (% End), coeficiente de endogamia médio dos endogâmicos (Fend), coeficiente de relação médio (CR) e tamanho efetivo da população ( $N_e$ ), por geração completa traçada (Ger) de 0 a 5

Ger	N	F (%)	% End	Fend (%)	CR (%)	$N_e$
0	5080	0,00	0,00	0,00	0,12	
1	5917	0,46	8,31	5,56	0,61	107,70
2	3307	1,79	87,53	2,96	1,36	37,40
3	2526	2,74	96,91	3,13	2,13	52,00
4	649	4,05	96,91	4,18	2,48	36,90
5	4	9,22	100,00	9,22	2,62	9,20

Apesar do aumento consistente do F, do CR e da porcentagem de indivíduos endogâmicos no transcorrer das gerações, a possibilidade de um ancestral importante aparecer diversas vezes no pedigree quando se conhecem várias gerações completas justifica esse resultado. O pequeno número de animais na 5ª geração não permitiu realizar nenhuma análise conclusiva a respeito dela.

Uma vez que o  $N_e$  foi calculado com base no incremento da endogamia ( $\Delta F$ ), a oscilação observada no tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) deveu-se à variação no coeficiente médio de endogamia entre as gerações. Os resultados assemelham-se aos obtidos por Reis Filho (2006) e Faria (2002), em que  $N_e$  variou de 16 a 125 e de 41 a 99, respectivamente, na mesma raça Gir.

Na Tabela 2 é apresentado o  $N_e$  calculado pelo coeficiente de regressão do coeficiente de endogamia individual sobre o número de diferentes tipos de gerações traçadas. Segundo Gutiérrez e Goyache (2005), em populações em que a informação de pedigree disponível é escassa essas diferentes estimativas podem ser úteis para indicar os limites superior, inferior e “real” do número efetivo ( $N_e$ ) na população analisada. Neste trabalho, até 25 gerações separaram um indivíduo de seu ascendente mais remoto, valor superior às 22 obtidas por Reis Filho (2006), mesmo com a eliminação de ascendentes não informativos.

Tabela 2 – Número médio de gerações traçadas, incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) e tamanho efetivo ( $N_e$ ) por tipo de geração considerada

Tipo de Gerações	Número Médio	$\Delta F$	$N_e$
Completas <sup>1</sup>	1,30	0,98%	51,12
Máximas <sup>2</sup>	6,86	0,11%	463,52
Equivalentes <sup>3</sup>	2,48	0,56%	89,48

<sup>1</sup> Geração mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos.

<sup>2</sup> Número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto.

<sup>3</sup> Somatório dos termos  $(1/2)^n$  de todos os ancestrais conhecidos, em que n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido.

As estimativas de  $N_e$  apresentadas na Tabela 2 foram superiores às obtidas por Reis Filho (2006), em decorrência dos menores valores para número médio de gerações traçadas e de incremento da endogamia.

Os intervalos de gerações (média de idade dos pais ao nascimento da progênie mantida para reprodução), com os respectivos números de observações, desvio-padrão e erro-padrão, encontram-se na Tabela 3.

Tabela 3 – Intervalo de gerações (anos)

Trilha	Observações	Média	Desvio-Padrão	Erro-Padrão
Pai-filho	193	9,90	5,56	0,40
Pai-filha	2440	8,61	4,94	0,10
Mãe-filho	194	8,56	4,61	0,33
Mãe-filha	2785	7,41	4,29	0,08
Total	5612	8,06	4,69	0,06

Embora as estimativas apresentadas na Tabela 3 sejam elevadas, são similares às relatadas por Reis Filho (2006), Faria (2002) e Queiroz e Lôbo (1993). Segundo Reis Filho (2006), essas elevadas estimativas podem ser atribuídas, em parte, à longevidade da raça Gir, e sua principal consequência é a redução do ganho genético por unidade de tempo. Madalena et al. (1996) alertaram para o fato de que o intervalo de tempo entre a divulgação do valor genético dos reprodutores submetidos ao teste de progênie do Gir Leiteiro e seu uso poderia estar contribuindo para aumentar o intervalo de gerações.

Na importante tarefa de selecionar touros jovens para o teste de progênie, deve-se conciliar, de maneira equilibrada, a expectativa de ganho genético com controle do incremento da endogamia. Quinton et al. (1992) concluíram, por meio de estudo de simulação, que a seleção de animais com base no Best Linear Unbiased Predictor (BLUP) pode não ser ideal em todos os casos, pois o uso da informação de família pelo BLUP resulta na seleção de indivíduos mais aparentados. Estratégias para maximizar o mérito genético dos animais selecionados, ao se restringir ou

penalizar o parentesco médio dentro do grupo selecionado, foram propostas por diversos autores (MEUWISSEN,1997; BIJMA et al., 2001).

Gutiérrez e Goyache (2005) citaram que a utilização do CR possui as seguintes vantagens: i) demanda baixo custo computacional para sua obtenção, uma vez que utiliza algoritmos comuns aos do cálculo da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco; ii) pode ser utilizado como medida da endogamia em toda a população, por levar em consideração os coeficientes de endogamia e de parentesco; e iii) pode ser utilizado como índice para manutenção do estoque genético inicial pela seleção de indivíduos para reprodução com menores valores de CR. Além disso, o CR pode ser utilizado para calcular o tamanho efetivo de fundadores ( $f_e$ ) na população, pelo inverso da soma de quadrados dos CR entre os animais fundadores.

Pelo exposto, um critério para escolha dos touros jovens para preenchimento das vagas subsidiadas do teste de progênie, com os objetivos de avaliar linhagens menos difundidas e conter o incremento da endogamia, poderia ser a opção pelos candidatos cujos ascendentes, em especial pai e avô materno, possuam menor CR. Uma vez que, segundo esses critérios, o touro jovem não pode ser filho de touro avaliado negativamente pelo PNMGL (ABCGIL, 2009), nas Tabelas 4 e 5 são apresentados os CR dessa relação de possíveis pais de touros.

Como forma de subsidiar a escolha de jovens reprodutores para o teste de progênie do PNMGL, é apresentada na Tabela 4 a lista dos touros provados e positivos do PMMGL e seu relacionamento genético com a população informativa do Gir Leiteiro. Caso o propósito do criador aponte para ampliação da base genética, deve-se optar por touros com menor CR e, conseqüentemente, com menor parentesco médio com a população.

Os 30 reprodutores com maior CR entre os avaliados positivamente no sumário ABCZ/Unesp (ALBUQUERQUE et al., 2009), que não foram testados no PNMGL, são apresentados na Tabela 5. A maioria desses reprodutores foi nascida em período anterior à realização do teste de progênie do PNMGL e, de certa forma, está representada por seus descendentes. De toda forma, caso os criadores optem por utilizá-los e desejem conter o aumento da endogamia, além de observarem a genealogia dos acasalamentos propriamente ditos, eles poderão se valer dessa informação escolhendo aqueles com menor CR.

Tabela 4 – Reprodutores com mérito genético positivo no sumário do PNMGL, ordenados de maneira decrescente pelo CR

ORD	RGD	TOURO	CR (%)	ORD	RGD	TOURO	CR (%)
1	A7481	BEMFEITOR RAPOSO DA CAL	4,79	54	B6199	ASTRO NF ELDORADO	2,20
2	ACFG222	BARBANTE TE KUBERA	3,62	55	B5559	CA PALADINO	2,17
3	ACFG233	BAZUAH TE KUBERA	3,60	56	RRP4307	OHIO DE BRASÍLIA	2,16
4	CAL4762	PIONEIRO DA CAL	3,60	57	A9556	ABIDE TRIUNFO DA CAL	1,97
5	B58	CAJU DE BRASÍLIA	3,45	58	B4754	HEROI DALTON DA CAL	1,97
6	B805	CA EVEREST	3,33	59	CAL4210	LÍRIO DA CAL	1,95
7	A6796	VALE OURO DE BRASÍLIA	3,30	60	CAL4559	NOBEL PATI DA CAL	1,94
8	KCA649	CA URANDI TE	3,18	61	EFC383	TEATRO DA SILVÂNIA	1,89
9	EFC441	VAIDOSO DA SILVÂNIA	3,14	62	B6414	EXCLUSIVO CACHOEIRA HD	1,88
10	B4590	OGÁ TE DE BRASÍLIA	3,07	63	EFC408	URANIO TE DA SILVÂNIA	1,86
11	CAL4397	NOBRE TE CAL	3,04	64	B2585	ENCANTADO TE CRUZEIRO	1,86
12	RRP4581	RAJKOT DE BRASÍLIA	3,02	65	CAL4544	NEON TE PATI DA CAL	1,82
13	EFC464	VALE OURO TE SILVÂNIA	2,97	66	A5259	SC OÁSIS HÁBIL	1,72
14	CAL4759	PAPIRO BEMFEITOR DA CAL	2,94	67	FBGA5166	FB RADIANO	1,70
15	A9720	INCISIVO DE BRASÍLIA	2,93	68	A6968	UBERABA DA CAL	1,65
16	CAL4106	JARRO DE OURO DA CAL	2,92	69	B6411	CA QUIOSQUE	1,64
17	RRP4464	PUNO DE BRASÍLIA	2,91	70	A9658	FANTOCHE DE BRASÍLIA	1,62
18	B5549	LÍBERO TE DE BRASÍLIA	2,91	71	FBGO343	FB SALGUEIRO	1,62
19	B5213	MODELO TE DE BRASÍLIA	2,91	72	B4010	SC UACAÍ JAGUAR	1,58
20	CAL4406	NAPOLITANO TE DA CAL	2,88	73	B6304	FB MACUCO	1,54
21	B5212	MITO TE DE BRASÍLIA	2,88	74	MJJR724	SC EXEMPLO OASIS	1,47
22	B6467	EFALC PARAISO CAJU	2,84	75	B6409	CA QUERO QUERO	1,46
23	JFR1658	EGÍPCIO TE BEMFEITOR	2,83	76	B8100	CA OSCAR	1,43
24	JFR1734	MASTER TE	2,78	77	K7320	ORGULHO PH	1,40
25	B5226	METEORO DE BRASÍLIA	2,77	78	B6317	FB PALANQUE	1,40
26	B4692	IMPRESSOR DE BRASÍLIA	2,77	79	B1734	MAR. AZ URUTU	1,38
27	B3381	JACARÉ DE BRASÍLIA	2,69	80	K1885	OFUSCANTE TE DE BRASÍLIA	1,27
28	KCA472	CA SANSÃO	2,68	81	MJJR787	SC GORI SABIA	1,26
29	RRP4864	TRIBUTO DE BRASÍLIA	2,66	82	B5588	ROCAR ORVALHO V ZONADO	1,23
30	B6303	DEBATE TE PECPLAN	2,64	83	B4012	SC URUTU RELÓGIO	1,23
31	A9659	FABULOSO DE BRASÍLIA	2,62	84	B5520	CA NAVAJO	1,23
32	FBGO433	FB TARUMÁ	2,59	85	B6309	SC DECRETO FAIZÃO	1,23
33	B4695	INTREPIDO DE BRASÍLIA	2,57	86	B5003	DALTON TE PATI DA CAL	1,21
34	KCA830	CA XERIFE TE	2,52	87	CAL4332	MARCANTE PATI DA CAL	1,18
35	B6302	DESTRO TE PECPLAN	2,47	88	EFC445	ZORRO TE DA SILVÂNIA	1,15
36	KCA633	CA UNIVERSO	2,46	89	B5032	GAMETA TE DA CAL	1,15
37	RRP4194	OXALUFÁ TE DE BRASÍLIA	2,44	90	B1710	MAR. RELÓGIO BAILE	1,14
38	B4812	CA GURI ST TE	2,41	91	B6466	EFALC OBELISCO GRAFITTE	1,11
39	B32	FB CADARSO	2,40	92	A9724	JAGUNCO TE DO CARMO	1,11
40	CAL4292	MESTRE DA CAL	2,38	93	B5594	DINAMITE MADHUL HD	1,10
41	RRP4718	SUPRA SUMO DE BRASÍLIA	2,38	94	APPG801	MAJOR TE DOS POÇÕES	1,03
42	A9552	EMBAIXADOR DE BRASÍLIA	2,38	95	LA8	FB ARTILHEIRO	0,90
43	GAV164	GUARDIÃO TE DO GAVIÃO	2,37	96	B4761	FB PALCO	0,84
44	GAV291	JAGUAR TE DO GAVIÃO	2,37	97	LA430	FB DELIVOSO	0,81
45	JFSA482	ASSUNTO SANTO HUMBERTO	2,36	98	LA307	BUGIO DA EPAMIG	0,81
46	CAL4180	LÁCTEO TE DA CAL	2,35	99	B1825	FRIBURGO DE UMBUZEIRO	0,81
47	GAV154	ASTRO TE DO GAVIÃO	2,33	100	A7186	VAJUCA DA CAL	0,71
48	RRP4422	PLATINO DE BRASÍLIA	2,33	101	EFC265	PATRIMONIO DA SILVÂNIA	0,67
49	DAB6	ASKAI DAB	2,28	102	B1550	ANDAKA DOS POÇÕES	0,64
50	B4014	GAULEZ DE BRASÍLIA	2,28	103	K4499	PH JUCA	0,63
51	GAV171	GALAXI TE DO GAVIÃO	2,27	104	APPG623	JAQUETAO DOS POÇÕES	0,40
52	ACFG50	ASTRO TE DE KUBERA	2,23	105	B5067	PAGODE	0,07
53	A9685	GRADUADO DE BRASÍLIA	2,22				

Tabela 5 – Reprodutores com mérito genético positivo no Sumário ABCZ/Unesp, não avaliados pelo PNMGL, ordenados de maneira decrescente pelo CR

ORD	RGD	TOURO	CR (%)	ORD	RGD	TOURO	CR (%)
1	A6783	RAPOSO DA CAL	3,65	16	A7054	ABONADO DA POTY VR	1,49
2	A3226	RAJASTAN DE BRASÍLIA	3,06	17	LA7	FB LEGÍTIMO	1,43
3	JFR1661	NILO TE	2,77	18	A1690	MONGOL DA PONTAL VR	1,39
4	A6795	UDO DE BRASÍLIA	2,32	19	A1474	JAGUAR	1,27
5	B3382	HYANK TE DE BRASÍLIA	2,24	20	A7433	ZONADO MAXIXE	1,25
6	B4659	ELATOR TE PATI DA CAL	2,23	21	A5940	ESPANTOSO	1,22
7	A9551	EBANO DE BRASÍLIA	2,22	22	A6772	PATI DA CAL	1,21
8	A6765	PACU DE BRASÍLIA	2,10	23	A5222	MAR. EXPOENTE FAIZÃO	1,17
9	B4567	INCRÍVEL GRIFFE CAL	1,83	24	B4352	FEITICO DA POTY VR	1,09
10	B8041	REI	1,77	25	A7120	PANAMÁ DOS POÇÕES	1,09
11	A7368	RADAR DOS POÇÕES	1,73	26	6750	BAHADURSINGHI DC	1,06
12	B3700	DONCOLIN DA POTY VR	1,60	27	JFR1417	JACARANDA TE	0,92
13	A2986	FB AZEITEIRO	1,58	28	A4883	FENIX 3R DE UBERABA	0,83
14	A6967	SC PAXÁ HÁBIL	1,55	29	8499	ECO DA SUNDENAGAR	0,83
15	A7045	FB SÂNDALO	1,53	30	B4623	JADE 3R DE UBERABA	0,82

#### **4. CONCLUSÕES**

Procedimentos recursivos de eliminação de animais não informativos do arquivo de pedigree podem influenciar negativamente no cálculo de alguns parâmetros de estrutura de populações, especialmente número de gerações e tamanhos efetivos (da população, de ancestrais e fundadores). Todavia, a utilização de arquivo de pedigree derivado de arquivo de dados de produção gerou menores estimativas de endogamia, o que pode indicar tendência de os animais mais endogâmicos não permanecerem nos rebanhos.

O maior conhecimento do relacionamento genético entre os animais de uma população pode prevenir o incremento da endogamia. As informações apresentadas neste trabalho podem subsidiar a escolha técnica de candidatos ao teste de progênie, com base no relacionamento médio de seus ascendentes com a população do Gir Leiteiro.

## 5. REFERÊNCIAS

ABCGIL. **Regulamentos da Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL)**. Uberaba, MG: ABCGIL, 2009. 46 p.

ALBUQUERQUE, L. G.; EL FARO, L.; TONHATI, H.; MACHADO, C. H. C.; JOSAHKIAN, L. A.; CADETTE, E. G. **7<sup>a</sup> Sumário de Touros de Aptidão Leiteira – Raças Gir e Gir Mocha 2009**. Uberaba, MG: ABCZ, 2009. 22 p.

BIJMA, P.; VAN ARENDONK, J. A. M.; WOOLIAMs, J. A. Predicting rates of inbreeding for livestock improvement schemes. **Journal of Animal Science**, v. 79, p. 840-853, 2001.

FARIA, F. J. C. **Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas**. 2002. 177 f. Tese (Doutorado em Melhoramento Animal) – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, 2002.

GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, p. 172-176, 2005.

MADALENA, F. E.; MADUREIRA, A. P.; PENNA, V. M.; TURRA, E. M. Fatores que afetam o preço do sêmen bovino. 1 Raças Nelore e Gir Leiteiro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 25, p. 428-436, 1996.

MAIGNEL, L.; BOICHARD, D.; VERRIER, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. **Interbull Bull**, v. 14, p. 49-54, 1996.

MEUWISSEN, T. H. E. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v. 75, p. 934-940, 1997.

MEUWISSEN, T. H. E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics, Selection and Evolution**, v. 24, p. 305-313, 1992.

QUEIROZ, S. A.; LÔBO, R. B. Genetic relationship, inbreeding and generation interval in registered Gir cattle in Brazil. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.110, p. 228-233, 1993.

QUINTON, M.; SMITH, C.; GODDARD, M. E. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v. 70, p. 1060-1067, 1992.

REIS FILHO, J. C. **Endogamia na raça Gir**. 2006. 49 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2006.

SAS Institute Inc. **SAS/STAT® 9.1 User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc., 2004.

VERCESI FILHO, A. E.; FERNANDES, A. R.; RAMOS, M.; VERNEQUE, R. S. **Avaliação genética e de conformação de rebanhos Gir Leiteiro**. Uberaba, MG: ABCGIL, 2009. 28 p.

VERNEQUE, R. S.; PEIXOTO, M. G. C. D.; VERCESI FILHO, A. E.; MACHADO, M. A.; REIS FILHO, J. C.; SILVA, M. V. G. B.; FERNANDES, A. R.; MACHADO, C. H. C. **Programa Nacional de Melhoramento Genético do Gir Leiteiro** – Sumário Brasileiro de Touros – Resultado do teste de progênie – maio de 2009. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2009. 64 p. (Documentos, 131).

## CONCLUSÕES GERAIS

1. Utilizando medidas repetidas de produção de leite acumulada até 305 dias das três primeiras lactações, o modelo de regressão aleatória proporcionou maiores estimativas de herdabilidade, méritos genéticos preditos semelhantes e alta coincidência entre os animais selecionados em comparação com o modelo tradicional de repetibilidade, podendo ser utilizado com vantagem como alternativa para incrementar as expectativas de ganhos da seleção, embora sejam necessários mais estudos para elucidar a interpretação dos coeficientes de regressão e seus impactos na seleção dos animais.

2. Quando comparado com os modelos de repetibilidade que utilizaram tanto a produção no dia do controle quanto a produção acumulada até 305 dias de lactação, o modelo autorregressivo que utilizou a produção de leite no dia do controle das três primeiras lactações proporcionou menores variâncias residuais, maior variância genética aditiva e maiores estimativas de herdabilidades, além de méritos genéticos preditos com maior acurácia, sendo alternativa recomendada para a avaliação genética do Gir Leiteiro.

3. A utilização do modelo autorregressivo que analisa os registros de produção de leite no dia do controle permite melhor aproveitamento dos dados pela inclusão de lactações tradicionalmente não utilizadas nas avaliações genéticas que têm como

base a produção acumulada até 305 dias, o que pode incrementar a acurácia dos méritos genéticos preditos.

4. O conhecimento do relacionamento genético dos touros com os demais animais pode prevenir o incremento da endogamia na raça Gir, por auxiliar na escolha de reprodutores candidatos ao teste de progênie oriundos de linhagens menos representadas na população.