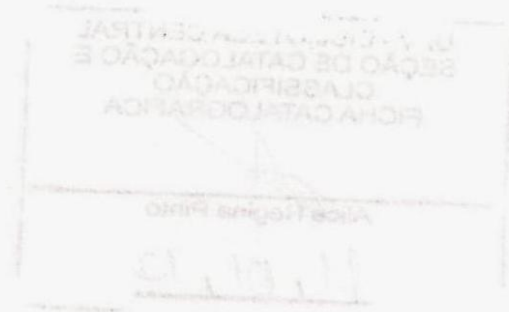


FELIPE GOMES DA SILVA

**ESTUDO DA PRODUÇÃO DE LEITE DE CAPRINOS UTILIZANDO
MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2011



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

T

S586e
2011

Silva, Felipe Gomes da, 1986-

Estudo da produção de leite de caprinos utilizando
modelos de regressão aleatória / Felipe Gomes da Silva.
– Viçosa, MG, 2011.

ix, 143p. : il. (algumas col.) ; 29cm.

Inclui apêndices.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Caprino – Melhoramento genético. 2. Leite – Produção.
3. Modelos de regressão aleatória. I. Universidade Federal de
Viçosa. II. Título.

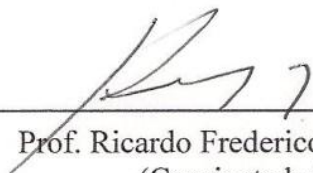
CDD 22. ed. 636.30821

FELIPE GOMES DA SILVA

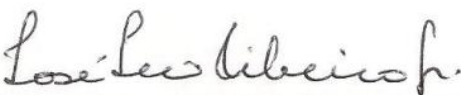
**ESTUDO DA PRODUÇÃO DE LEITE DE CAPRINOS UTILIZANDO
MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Magister Scientiae.


APROVADA: 25 de julho de 2011.



Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Coorientador)



Prof. José Ivo Ribeiro Júnior



Prof. Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

A Universidade Federal de Viçosa, principalmente ao programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização deste curso e ao departamento de Zootecnia fornecedor de estrutura para captação e análise dos dados.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pela concessão da bolsa de estudos, e financiamento de projetos correlacionados.

Ao meu orientador Professor Robledo de Almeida Torres, pelos ensinamentos, amizade e orientação.

Ao Professor Marcelo Teixeira Rodrigues pela concessão dos dados do setor de Caprinocultura da Universidade Federal de Viçosa e coorientação.

Ao Professor Ricardo Frederico Euclides, pela coorientação, participação da banca de defesa, críticas, sugestões e amizade.

Ao Professor José Ivo Ribeiro pela participação na banca da dissertação e pelas críticas e sugestões que ajudaram a enriquecer o trabalho.

A minha família por todo apoio, suporte, compreensão e carinho: Maria José, João Oscar, Elisa, Livia, Elza e Samuel.

A família da tia Mirinha, que me encaminhou para a universidade e me deu suporte para chegar até aqui: Robledão, Mirinha, Robledin e Livinha.

Sou realmente muito grato e me sinto a pessoa mais sortuda do mundo por ter convivido e aprendido com estas duas famílias, sem elas não seria o que sou nem teria chegado até aqui.

Aos amigos e colegas de trabalho que ajudaram na coleta dos dados e análises: Luiz Fernando Brito, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes, Ana Lúcia Puerro de Mello, Giovani Caetano da Costa, Luciano Pinheiro da Silva, Edson Caetano da Costa, Renata Veroneze, Marjore Menezes, Timóteo, Hinayah, Nadson, Bianca, Letícia, Geraldo, Elisa, Fernanda, Fernando, João e Fabiana.

Aos amigos do melhoramento, pela amizade e troca de conhecimento: Alex, Ali Canaza, Aline, Ana Lúcia, André Hidalgo, Ariane Tibúrcio, Bianca, Bruno Bastos, Camila, Carla Leite, Carlos, Carolina, Cristina Bonafé, Débora, Edson Costa, Enrique, Geraldo, Gilberto Menezes, Giovani Costa, Hiago, Hinayah Rojas, Jeferson Correia, Joashisleni, José Lindemberg, Karol Nascimento, Katiene, Lais Brito, Leandro Barbosa, Lorena Oliveira, Luana, Lucas Verardo, Luciano Silva, Luciara, Luiz Brito, Marcela Barbieri, Marcos Lagrotta, Mariele Freitas, Mario Santana, Matilde, Nadson, Patricia,

Rafael Bastos, Renata Veroneze, Rodrigo Mota, Rodrigo Pacheco, Rodrigo Pereira, labtec & cia.

Aos colegas de república Ian Rabelo, Leandro Carride, Judson, Flavio Barony, Pablo Assed, Patrick Araújo, Vagner, Élcio, Robson e Paulão, pela amizade, convivência e troca de conhecimento.

Aos funcionários do capril, principalmente Antônio, Celso, José Maria, Ronaldo e Manoel, que foram muito importantes na execução da parte prática deste trabalho. Aos professores e funcionários do programa de genética e melhoramento por sempre terem me atendido muito bem e auxiliado nas dúvidas e resolução de problemas e aos professores, funcionários e amigos do departamento de Zootecnia, que é o segundo lar dos estudantes do melhoramento animal.

BIOGRAFIA

FELIPE GOMES DA SILVA, filho de João Oscar da Silva e Maria José Gomes da Silva, nasceu em 31 de janeiro de 1986, na cidade de Miradouro, estado de Minas Gerais, Brasil.

Em 2005, iniciou o curso de graduação em Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa – MG, onde participou de estágios e foi bolsista de iniciação científica do CNPq e da FAPEMIG, na área de Melhoramento Genético Animal.

Em 2008 participou do intercâmbio estudantil MARCA/MERCOSUL, cursando um semestre do curso de Agronomia na Universidad Mayor de San Andrés, La Paz – Bolivia.

Em julho de 2009, obteve o diploma de Engenheiro Agrônomo pela Universidade Federal de Viçosa.

Em agosto de 2009, iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento, na área de Melhoramento Animal, na mesma instituição.

Em 25 de julho, de 2011, submeteu-se aos exames finais de defesa da dissertação para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Genética e Melhoramento.

ÍNDICE

RESUMO xiii

ABSTRACT ix

INTRODUÇÃO GERAL 1

REVISÃO DE LITERATURA

Caprinos 3

Análises 5

Referências Bibliográficas 23

CAPITULO 1 - Fatores que influenciam a produção e composição do leite de caprinos

Resumo 27

Abstract 28

Introdução 29

Material e métodos 30

Resultados e discussão 32

Conclusões 41

Referências Bibliográficas 41

CAPITULO 2 - Modelos de regressão aleatória utilizando polinômios ortogonais de Legendre para avaliação da produção de leite de cabras Alpinas

Resumo 45

Abstract 46

Introdução 47

Material e métodos 48

Resultados e discussão 50

Conclusões 58

Referências Bibliográficas 58

CAPITULO 3 - Avaliação genética de cabras da raça Alpina utilizando diferentes intervalos de controles leiteiros

Resumo	61
Abstract	62
Introdução	63
Material e métodos	64
Resultados e discussão	66
Conclusões	71
Referências Bibliográficas	71
CONCLUSÃO GERAL	73

APÊNDICE I

RENPED - Uma ferramenta para recodificar dados alfa numéricos e calcular valores de partida para análises REML.....	75
---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	----

APÊNDICE II

Código fonte do programa RENPED.....	87
--------------------------------------	----

APÊNDICE III

Sistemas de produção de caprinos de aptidão leiteira	137
------------------------------------------------------------	-----

RESUMO

SILVA, Felipe Gomes, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2011. **Estudo da produção de leite de caprinos utilizando modelos de regressão aleatória.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Coorientadores: Marcelo Teixeira Rodrigues e Ricardo Frederico Euclides.

Dados do rebanho do setor de caprinocultura da Universidade Federal de Viçosa foram utilizados para avaliar os fatores que influenciam a produção de leite no dia do controle (PLDC) e teor dos constituintes do leite (porcentagens de proteína, gordura, lactose e extrato seco total no dia da coleta) em caprinos de aptidão leiteira, definir o melhor modelo de regressão aleatória, utilizando polinômios ortogonais de Legendre, para primeira lactação de cabras Alpinas e verificar o efeito de diferentes intervalos de controle (7, 14, 21 e 28 dias) sobre a avaliação genética de cabras Alpinas. A edição dos dados foi feita utilizando o programa SAS, a recodificação e correção de erros do pedigree foi feita utilizando o programa RENPED. O programa WOMBAT foi utilizado em todas as avaliações genéticas. O programa RENPED foi utilizado para calcular a área abaixo da curva de valores genéticos dos animais para intervalos de 7 a 210 e 7 a 290 dias de produção, gerando os valores genéticos acumulados, a_{210} e a_{290} respectivamente. As correlações de Pearson e Spearman foram obtidas utilizando o programa SAS. Concluiu-se que existe variação quanto aos fatores que influenciaram significativamente cada característica estudada e cada raça. Em avaliações genéticas, utilizando modelos de regressão aleatória, recomenda-se a utilização apenas da covariável idade da cabra ao parto, evitando o uso do efeito fixo de ordem de parto. O modelo de regressão aleatória utilizando polinômios ortogonais de Legendre mais indicado para avaliação genética dos caprinos da raça Alpina utilizados, foi regressão fixa de ordem 4, a regressão de efeitos genéticos aditivos de ordem 2, a regressão de efeitos de ambiente permanente de ordem 7 e ao menos 5 classes de variância residual. O estudo do melhor modelo de análise previamente à avaliação genética de um rebanho é imprescindível para aumentar a precisão e acurácia das análises. Intervalos de controles para avaliar a produção de leite de caprinos da raça alpina utilizando modelos de regressão aleatória, devem ser de sete dias para programas de melhoramento e criatórios com alto nível de tecnificação.

ABSTRACT

SILVA, Felipe Gomes, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, July of 2011. **Study of goat milk production using random regression models.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-advisers: Marcelo Teixeira Rodrigues and Ricardo Frederico Euclides.

Data from the herd of goat industry, Federal University of Viçosa were used to evaluate the factors that influence milk production on the control (PLDC) and content of the Milk constituents (percentages of protein, fat, lactose and total solids in days of collection) in dairy goats fitness, define the best model of random regression using Legendre polynomials orthogonal to the first lactation in Alpine goats and check the effect of different control intervals (7, 14, 21 and 28 days) on genetic evaluation of Alpine goats. The editing of the data was performed using the SAS program, recoding and correction of the pedigree was made using the program RENPED. The program WOMBAT was used in all genetic evaluations. The program RENPED was used to calculate the area under the curve of breeding values for ranges from 7 to 210 and 7 to 290 days of production, resulting accumulated genetic values, A210 and A290 respectively. The Pearson and Spearman correlations were obtained using the SAS program. It was concluded that there is variation in the factors that significantly influenced each trait studied and each race. In genetic evaluation using random regression models, it is recommended to use only the covariate age of dam at kidding, avoiding the use of fixed effect of birth order. The random regression model using orthogonal Legendre polynomials more suitable for genetic evaluation of Alpine goat breed used was fixed regression of order 4, the regression of additive genetic effects of order 2, the regression of permanent environmental effects of order 7 and at least Five classes of residual variance. The prior study of the best model for genetic evaluation of a herd is very important to increase the precision and accuracy of the analysis. Range of controls to evaluate the milk production of Alpine goat breed using random regression models, must be seven days for breeding and improvement programs with high technical level.

INTRODUÇÃO GERAL

A caprinocultura de leite tem crescente importância no cenário nacional, tendo alcançado 22.000 litros de produção diária em 2009 segundo dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (**IBGE**). Sendo que dentre as diferentes raças de caprinos de aptidão leiteira, as mais utilizadas no Brasil são as raças Saanen e Alpina. Em relação ao leite de vaca, o leite de cabra possui maior digestibilidade da fração lipídica, contendo o dobro de ácidos graxos de cadeia curta e menor alergenicidade da fração protéica, devido à menor proporção da subunidade protéica caseína alfa-s1.

Apesar de suas vantagens, seu mercado é muito aquém do esperado em relação ao do leite de vaca. Possivelmente devido ao maior custo de produção ocasionado pela deficiência em pesquisas com caprinos em relação a pesquisas com bovinos, principalmente na área de melhoramento genético, além de um número muito reduzido de programas de melhoramento genético de cabras para produção de leite.

A partir destas carências percebe-se a necessidade de se investir mais em pesquisas que aumentem a eficiência da produção do leite de cabras, melhorando a nutrição, ambiência, mas principalmente a genética do rebanho para otimizar o sistema de produção de leite. Assim como foram obtidas melhorias na produção de leite de vaca, ganho de peso de frangos, dentre outros, no passado, espera-se que, no Brasil, grande melhoria na produção e qualidade do leite de cabras seja alcançada.

Neste contexto, o estudo de modelos de regressão aleatória (**MRA**) pode auxiliar a prática de seleção visando melhoramento genético da produção de leite, por aproveitar melhor as informações, ser menos sensível a dados perdidos, modelar as variações de produção dentro da lactação e trabalhar com maior número de dados, o que possibilita obter estimativas de parâmetros e predição de valores genéticos mais precisos e acurados, permitindo obter melhores ganhos genéticos.

Nos melhores MRA diagnosticados, espera-se encontrar o melhor número de classes de variância residual, haja visto que dados longitudinais com grandes variações ao longo da curva de produção tendem a ser mal ajustados quando se considera que a sua variância residual é homogênea, o que ocasiona erros na estimação dos parâmetros genéticos ao longo da curva de produção.

Outra expectativa é que estes modelos possam ser úteis na redução do número necessário de medições da produção de leite dos animais, sem reduzir significativamente a acurácia das avaliações genéticas, mas reduzindo o custo principalmente de mão-de-obra, ao aumentar o intervalo entre medições. A redução dos

gastos com mão-de-obra será cada vez mais importante, haja visto que o aumento deste tipo de custo é uma tendência mundial.

Para tal, deve-se estudar a característica, os sistemas de produção e diagnosticar efeitos fixos (fatores e covariáveis) para os quais as análises devem ser corrigidas. De forma a escolher o melhor modelo, considerando precisão, acurácia e simplicidade.

Espera-se que este trabalho sirva para aumentar os ganhos genéticos em programas de melhoramento de caprinos de aptidão leiteira, e como embasamento teórico para novos trabalhos com propósitos semelhantes. Devido a criação de caprinos de aptidão leiteira ser uma atividade exercida em ampla variação de níveis de produção, espera-se que as melhorias ocasionadas por este trabalho possam atingir todas as camadas sociais.

REVISÃO DE LITERATURA

A - Caprinos

Segundo Ribeiro (1997), caprinos podem ser definidos como pequenos ruminantes, possuindo capacidade de aproveitamento de forragens e subprodutos. Seus principais produtos são leite, carne, sendo também a pele e o pelo de interesse de alguns criadores. As principais raças de aptidão leiteira em caprinos são Saanen, Alpina, e Toggenburg e de aptidão para produção de carne são Anglo Nubiana, Boher, Bhuj Brasileira, La Mancha. A seleção para produção de leite é de efeito inversamente proporcional ao ganho de peso, o que implica que criatórios ou programas de melhoramento devem ter seus objetivos muito bem definidos quanto a qual destas características, consiste na sua prioridade.

Segundo dados do IBGE, o Brasil produziu 35,74 milhões de litros de leite em 2006, e possuía um efetivo de rebanho de 10401449 cabeças neste ano, considerando caprinos de aptidão leiteira e de corte, um valor muito aquém em relação aos 20,158 bilhões de litros de leite em bovinos.

Alguns aspectos importantes da reprodução de caprinos são que os machos atingem a puberdade em média aos quatro meses e meio, estando aptos para reprodução em média aos sete meses e meio, enquanto nas fêmeas a puberdade chega entre o sétimo e o décimo segundo mês, estando as fêmeas aptas para reprodução quando atingirem 60% do peso adulto de uma cabra da mesma raça.

A gestação de uma cabra varia de 146 a 152 dias, dependendo da raça, alimentação, tipo de parto (número de filhotes nascidos). A fase final da gestação, nos últimos 50 dias, é a que requer maior exigência nutricional para a cabra. A lactação dura em média 265 dias, entretanto esta duração possui grande variação, pois na prática quando as cabras não atingem um limiar de produção durante certo número de controles leiteiros, estas são secas. No capril da UFV o limite é de 0,4 litros de leites durante três controles leiteiros consecutivos. Cabras próximas do período do parto também devem ser secas, devido à maior exigência dos fetos neste período e para não promover um desgaste muito grande da fêmea. No capril da UFV este período pré-parto é superior a 45 dias. De acordo com Freitas (2003) este período é muito importante para a involução uterina e readaptação do sistema reprodutivo, recuperação da condição corporal do animal e na regeneração de tecidos secretores das glândulas mamárias.

O colostro tem uma importante função na imunidade passiva de algumas espécies de animais, nele existe uma grande quantidade de imunoglobulinas. O período de produção de colostro por cabras dura até sete dias após o parto, não sendo este leite utilizado comercialmente e sim fornecido aos animais em fase de cria. Em criações mais especializadas este leite passa por tratamento térmico para prevenir a transmissão de Artrite Encefalite dos Caprina (AEC), mais detalhes sobre esta doença podem ser encontrados em Bohland e D'Angelino (2004), Lara et al. (2005) e Silva et al. (2006).

Cabras criadas em regiões de latitudes superior a 20 graus apresentam sazonalidade reprodutiva, com fotoperíodo decrescente, ou seja, as fecundações bem sucedidas se concentram nos meses em que as horas de luz por dia estão reduzindo. No hemisfério sul, isto ocorre principalmente em março, sendo os partos mais frequentes em agosto (do meio para o final do inverno), enquanto que no hemisfério norte elas ocorrem em setembro, e os partos em fevereiro. Segundo Ribeiro (1997), a explicação para tal fenômeno se deve a caprinos serem originários de regiões de clima temperado nas quais, ao longo do tempo, os animais se adaptaram a parir na primavera, favorecendo a preservação da espécie, pois o clima é mais ameno e há maior disponibilidade de forragem em pleno desenvolvimento. Desta forma os animais têm praticamente um ano para se desenvolverem e, no próximo inverno, encontram-se em melhores condições de enfrentarem os rigores do clima.

Dois raças de caprinos de aptidão leiteira serão utilizadas na pesquisa, sendo estas as mais representativas do rebanho no setor de caprinocultura da Universidade Federal de Viçosa (UFV).

A raça Alpina conhecida por muitos como "Parda Alpina" é originária dos Alpes franceses e encontrada tanto em regiões montanhosas como em regiões baixas. As cabras desta raça possuem pelagem marrom com listra negra no dorso. No capril da UFV, fêmeas adultas pesam em média 50 kg e a média de produção média é de 2,1 kg de leite por dia.

A raça Saanen tem nome derivado do vale de Saanen na Suíça, local do qual se acredita que seja originária. Esta raça possui coloração branca, podendo tender a creme. No capril da UFV, fêmeas adultas pesam em média 55 kg e a produção média é de 1,8 kg de leite por dia. Segundo Brito et al. (2009) a raça Saanen é rústica e de boa produção e ocupa a primeira posição em número no Brasil dentre as raças de aptidão leiteira.

Estas duas raças têm centro de origem em regiões de clima temperado. A criação destes animais em climas tropicais, embora haja trabalho de adaptação, têm resultados

produtivos inferiores em relação à criação em clima temperado. Programas de melhoramento desenvolvidos em regiões de clima tropical podem ser úteis na redução desta distância, combinando os genes de maior produção (importação de material) com os de melhor adaptação às condições locais, tais como clima, relevo, alimentos disponíveis, etc. (processo de seleção local). Mais detalhes destas raças podem ser encontrados em Pereira (2004), Ribeiro (1997) e Medeiros (1994).

B - Análises

Durante uma avaliação genética é de grande importância definir efeitos fixos e covariáveis a serem incluídos no modelo de forma a corrigir variações conhecidas. Tais variações, quando não corrigidas, podem reduzir a acurácia e a precisão da avaliação genética, porque a variação não atribuída ao efeito fixo ou a covariável inflaciona o resíduo, além de que uma parte dessa variação não controlada pode ser atribuída à outras variáveis aleatórias, prejudicando a predição dos valores genéticos e estimativa dos parâmetros genéticos.

A inclusão de efeitos fixos deve ser testada, e não feita de forma equivocada, acrescentando-se todos os efeitos possíveis. Isso ocorre porque à medida que se aumenta o número de efeitos fixos, se perde em precisão nas subclasses combinando todos os efeitos fixos. A perda de precisão está ligada principalmente a redução do número de repetições dentro de uma sub-classe, e tal perda pode ocasionar a atribuição de valores errados às classes de efeitos fixos, fazendo com que o que era para ser uma correção vire uma alteração prejudicial a análise.

A seleção de animais para a produção de leite já foi baseada em considerar-se a informação individual da produção total, já foi praticada através do uso da informação de parentes, e passou por grande avanço ao introduzir o uso da metodologia de modelos mistos e selecionar os animais utilizando a melhor predição linear não-viesada (**MPLNV** ou **BLUP**), em que o uso de todas as informações de parentesco permitiu aumentar a acurácia das estimativas dos valores genéticos dos animais.

Os melhores métodos de avaliação genética de animais visando a seleção dependem, dentre outros fatores, da disponibilidade de estimativas de parâmetros genéticos para as características de maior interesse. Para se encontrar tais estimativas existem várias metodologias, começando pelas mais simples que são através da estimativa de componentes de variância pelo método da análise de variância, em que se igualam os momentos amostrais aos momentos populacionais, ou seja, os quadrados

médios calculados experimentalmente às suas esperanças dos quadrados médios que dependem do relacionamento genético entre os animais. Até metodologias mais complexas utilizando softwares aplicados a resolução de algoritmos de obtenção da BLUP, tais análises tem sido muito aplicadas atualmente, em geral produzem estimativas de boa precisão e acurácia. Estes softwares possuem algoritmos que testam a convergência utilizando alternadamente diferentes combinações de estimativas dos parâmetros genéticos.

Análises unicaracterísticas foram utilizadas com resultados satisfatórios por muito tempo, e ainda hoje continuam a ser empregadas em avaliações genéticas de animais para produção de leite. Tem como vantagem serem computacionalmente simples e pouco exigentes.

Modelos unicaracterísticos frequentemente proporcionam ganhos genéticos satisfatórios quando o conjunto de dados é grande, e os animais estão relacionados, não há grande perda de dados e os erros de pedigree são muito baixos. Quanto mais distante destas condições reduz-se a qualidade da análise unicaracterística.

O modelo unicaracterístico pode ser expresso matricialmente conforme dado a seguir:

$$y_{n,1} = X_{n,p}b_{p,1} + Z_{n,n}u_{n,1} + e_{n,1}$$

, em que:

y = vetor de observações conhecidas da produção total por lactação;

X = matriz de incidência dos efeitos fixos;

b = vetor de efeitos fixos;

Z = matriz de incidência dos valores genéticos;

u = vetor de valores genéticos;

e = vetor dos efeitos residuais;

n = número de animais;

p = número de covariáveis e classes dos efeitos fixos.

A obtenção dos vetores \hat{u} e b^0 , vetores de valores genéticos preditos e efeitos fixos estimados, são obtidos através das equações de modelos mistos de Henderson (1949).

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}A \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} b^0 \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

, falta definir que:

A = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright;

σ_a^2 = variância genética da característica analisada;

σ_e^2 = variância residual da característica analisada.

Tais modelos são muito empregados em avaliações genéticas de caprinos para a produção de leite, nestes casos se paga um preço pela sua utilização, pois a produção de leite total ou acumulada (**PLA**) deve ser estimada com base nas informações incompletas, pontuais e equidistantes da produção de leite no dia do controle (**PLDC**).

Outro problema é a consideração apenas da primeira lactação, podendo ser esta insuficiente para determinar os melhores animais para produção de leite durante toda a vida produtiva dos mesmos.

Uma alternativa para este problema seria avaliar mais de uma lactação, considerando sucessivas lactações como medidas repetidas de uma mesma característica, utilizando desta forma, modelos de repetibilidade. Neste caso é possível aumentar o número de informações a cerca de uma característica, melhorando a acurácia de estimativas além de permitir a separação dos efeitos de ambiente em temporário e permanente, o que pode auxiliar nas decisões de descarte dos animais visando não só melhoria genética, mas também a melhor opção econômica.

O modelo de repetibilidade pode ser expresso matricialmente conforme dado a seguir:

$$y_{n,1} = X_{n,p}b_{p,1} + Z_{n,n}u_{n,1} + W_{n,n}p_{n,1} + e_{n,1}$$

, em que:

y = vetor de observações conhecidas da produção total por lactação;

X = matriz de incidência dos efeitos fixos;

b = vetor de efeitos fixos;

Z = matriz de incidência dos valores genéticos;

u = vetor de valores genéticos;

W = matriz de incidência dos efeitos de ambiente permanente;

p = vetor de efeitos de ambiente permanente;

e = vetor dos efeitos residuais;

n = número de animais;

p = número de covariáveis e classes dos efeitos fixos.

A obtenção dos vetores \hat{u} , \hat{p} e b^0 , de valores genéticos preditos, efeitos de ambiente permanente preditos e efeitos fixos estimados, respectivamente. É realizada através da solução do sistema de equações adaptado das equações de modelos mistos de Henderson (1949), o qual é mostrado a seguir.

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} A^{-1} & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} I \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} b^0 \\ \hat{u} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

, falta definir que:

A = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright;

σ_a^2 = variância genética da característica analisada;

σ_p^2 = variância dos efeitos de ambiente permanente;

σ_e^2 = variância residual da característica analisada.

Entretanto, a utilização deste modelo carrega consigo um problema, que é considerar a correlação genética entre diferentes lactações igual a um, o que implica que os genes que atuam em uma lactação são considerados os mesmos que atuam nas demais, o que pode não ser verdade. Segundo Falconer (1984), uma característica avaliada repetidas vezes sobre um mesmo indivíduo pode ser considerada a mesma característica se a correlação genética entre medidas repetidas desta característica for igual a 1. A utilização a risca este critério, possivelmente inviabilizaria a utilização de modelos de repetibilidade para avaliar indivíduos para produção de leite. Além disso, a produção de leite durante a lactação continua sendo uma estimativa das produções parciais, em nível de fenótipo.

Como alternativa, pode-se utilizar modelos de análise multicaracterística, que admitem cada lactação como uma característica distinta, além de levarem em consideração as covariâncias entre estas lactações e as informações de todas as lactações na estimação de parâmetros e predição de valores genéticos para cada característica, melhorando a precisão e acurácia dos mesmos.

Entretanto, análises multicaracterísticas são computacionalmente mais exigentes do que análises unicaracterísticas, pois os modelos são mais parametrizados e trabalham com vetores e matrizes de dimensões maiores, estando estas dimensões em função do número de características analisadas.

Nos casos em que se aumenta muito o número de lactações analisadas (características), e o número de indivíduos é grande, aumenta-se também a dificuldade

de convergência adequada dos algoritmos computacionais, podendo resultar em perda de acurácia e inclusive podendo travar o programa de análise por insuficiência de memória.

Schaeffer (2003) expõe três fatos que tornam o uso de análises multicaracterísticas mais favoráveis: i) A correlação genética é muito maior que a correlação residual; ii) As características têm herdabilidades muito diferentes, sendo que a seleção para a característica de menor herdabilidade é favorecida pelo uso da informação da característica de maior herdabilidade; iii) Nem todos os animais apresentam informações para a característica de interesse econômico, sendo esta favorecida pela análise multicaracterística contemplada com características medidas em todos os animais.

Modelos multicaracterísticos (**MM**) considerando produções acumuladas em cada lactação podem ser interessantes na averiguação do melhor modelo de análise para avaliações genéticas da produção de leite de cabra, pois espera-se dos mesmos melhor precisão e acurácia em relação a modelos de repetibilidade em análises unicaracterísticas.

O modelo multicaracterístico pode ser expresso matricialmente conforme dado a seguir:

$$y_{n,1} = X_{n,p}b_{p,1} + Z_{n,n}u_{n,1} + e_{n,1}$$

, em que:

y = vetor contendo os subvetores de observações conhecidas das características analisadas;

X = matriz contendo as submatrizes de incidência dos efeitos fixos para cada característica analisada;

b = vetor contendo os subvetores de efeitos fixos para cada característica analisada;

Z = matriz contendo as submatrizes de incidência dos efeitos aleatórios genéticos para cada característica;

u = vetor contendo os subvetores de efeitos aleatórios genéticos para cada característica;

e = vetor contendo os subvetores de efeitos aleatórios residuais;

n = número de animais;

p = número de covariáveis e classes dos efeitos fixos.

A obtenção dos vetores \hat{u} e b^0 , vetores de valores genéticos preditos e efeitos fixos estimados, são obtidos através das equações de modelos mistos de Henderson (1949).

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} b^0 \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

, onde:

$$R = R_0 \otimes I;$$

$$G = G_0 \otimes A;$$

A = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright;

G_0 = matriz de variâncias e covariâncias genéticas;

R_0 = matriz de variâncias e covariâncias residuais.

Existe também a possibilidade de se considerar a produção de leite acumulada estimada durante a lactação como uma característica, e acrescentar ao modelo de análise as informações de outras características tais como a porcentagem estimada de gordura, proteína e lactose durante a lactação de forma a aumentar a acurácia e precisão da análise.

Análises multicaracterísticas de dados longitudinais super parametrizam as análises quando se tem um número muito grande de medidas, como é o caso de se avaliar a PLDC ao invés da PLA. Em medições realizadas semanalmente durante a lactação, espera-se que qualquer valor de dias em lactação de 7 a 290 contenha informações de produção, gerando um número de 283 características.

Uma alternativa para se trabalhar com a PLDC foi desenvolvida por Henderson Jr. em 1982, que propôs o uso de MRA para analisar dados longitudinais, contornando o problema de super parametrização das análises multicaracterísticas. Ao invés de estimar parâmetros e prever valores genéticos dos animais para cada característica, coloca-se a característica analisada em função do tempo, que pode ser, por exemplo, a idade dos indivíduos ou o número de dias em lactação. Então o que se faz é estimar parâmetros para polinômios escolhidos, que expliquem a variação da característica em função do tempo, sendo um polinômio para a parte fixa, média e geral para a população, outro para a parte aleatória ambiental, contendo efeitos ambientais correlacionados entre as medições e outro para a parte aleatória e genética para cada indivíduo, com os desvios atribuídos à carga genética dos animais. Sendo ambas as partes aleatórias ajustadas como desvios da produção dos animais em torno da curva fixa ajustada.

Desta forma, ao invés de considerar a produção em cada idade como uma característica diferente, são estimados parâmetros para os regressores dos polinômios.

MRA são muito convenientes, pois permitem predizer valores genéticos e estimar componentes de variância em qualquer idade dentro do intervalo analisado. Segundo Resende (2001), MRA podem ser considerados como modelos multivariados simplificados ou reduzidos que permitem a obtenção dos mesmos parâmetros de interesse que podem ser obtidos pelos modelos multivariados, mas com uma menor parametrização.

Para se ter idéia, pode-se supor análise de oito lactações sucessivas em caprinos. Por análise multicaracterística seria necessário a estimação de 72 parâmetros, 8 variâncias genéticas, 8 variâncias residuais, 28 covariâncias genéticas e 28 covariâncias residuais. Utilizando MRA ao invés de MM, tem-se de estimar 13 parâmetros se considerar um polinômio de grau dois para explicar as regressões genéticas e de ambiente permanente, pressupondo homogeneidade de variância residual.

Meyer (2004), trabalhando com dados simulados de crescimento de bovinos, encontrou acurácia, medidas pela correlação entre valores simulados e estimados, de 5,7 a 8,3% maior para MRA em relação a MM. Segundo a autora, a vantagem se deve à melhor modelagem das variâncias e outros parâmetros genéticos fornecidos no modelo de regressão aleatória. Entretanto, é possível também imaginar que a menor parametrização dos MRA em relação a MM tenha reduzido os problemas de convergência dos algoritmos e devido à limitada capacidade dos computadores atuais para resolver análises super parametrizadas, tornando mais acurados os resultados das análises que utilizam MRA.

Além disso, o uso de MRA não exige alterações no sistema de coleta, digitação e edição de dados, podendo-se usar as informações de bancos de dados já existentes para realizar avaliações genéticas. Por aproveitar melhor as informações, encontrar resultados mais acurados e as atividades de coleta de dados representarem aumento nos custos de produção, esta metodologia pode reduzir o custo por litros de leite incrementado no valor genético dos animais.

O uso de MRA é muito desejável em situações em que as características estudadas são exemplos de dados longitudinais, e a medição em períodos específicos da vida do animal é difícil de ser cumprida. Isso ocorre muito nos sistemas de criação de bovinos e caprinos, tanto quando se analisa a produção de leite quanto se analisa o peso dos animais. Pois, embora haja mecanismos para sincronizar o parto das fêmeas, na prática não possui eficiência inquestionável e na verdade isto ainda não é praticado na maioria dos rebanhos, além do que, por economia de escala, preparar a estrutura de medição para poucos animais, frequentemente, é mais oneroso do que fazer menos

medições em todos os animais de uma só vez. E ajustes na produção, comumente usados em MM reduzem a qualidade das predições dos valores genéticos.

Para analisar a produção de leite, todos os modelos citados anteriormente possuem menor acurácia em relação aos MRA, pois ao invés de usar a produção total estimada de cada lactação como uma informação, os MRA podem considerar cada registro de peso no dia do controle como uma informação, o que permite estimar a produção de um animal em um dia que não foi coletado seu registro de produção e estimar parâmetros genéticos para qualquer ponto da curva de lactação.

Diversos autores tais como Van Der Werf e Schaeffer (1997), Kirkpatrick e Heckman (1989) e Albuquerque (2004), enumeram vantagens da utilização de MRA para análise de dados longitudinais. Estas vantagens serão expostas de forma sintetizada adiante, pois são justificativas importantes para este estudo.

1) Permite que os dados sejam desbalanceados, ou seja, que os animais sejam pesados em épocas diferentes e que o número de medidas seja diferente, havendo soluções para os efeitos nas idades em que o animal não foi medido, embora estas soluções estejam restritas ao período de tempo entre as medidas tomadas mais cedo e mais tardiamente dentre todos os animais.

2) Quanto maior o número de medidas repetidas melhor é a vantagem de se utilizar MRA em detrimento de uma análise multicaracterística, devido à redução no número de parâmetros a serem estimados e valores genéticos a serem preditos.

3) Além de utilizar as informações de covariâncias entre as características para obter maior acurácia na estimativa de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos, o faz de forma estruturada.

4) Permite obter estimativas para componentes de variância em todos os pontos dentro da trajetória, mesmo em períodos em que a característica não foi medida.

5) Evita erros ocasionados pela correção de características medidas em diferentes períodos para idades padrões.

6) Evita erros ocasionados pela estimação da produção total com base em produções parciais com correções para os períodos parciais.

7) Permite estudar de forma mais profunda o comportamento produtivo dos animais para as características de interesse e planejar a seleção de forma mais adequada.

Existe também uma grande crítica com relação ao uso de MRA em relação à curva de ambiente permanente, pois diferente do que ocorre com a curva dos desvios genéticos, em que as informações de parentes ajudam na estimação da curva, para animais sem medições nos extremos da curva, ocorrem extrapolações na estimação dos

efeitos de ambiente permanente. Outro fato é que ajustes insuficientes na regressão do valor genético, seja por escolha de uma função inadequada para explicar o fenômeno biológico ou ordem insuficiente do polinômio, faz com que variações genéticas e residuais sejam estimadas inadequadamente devido ao efeito de modelagem.

Em MRA, a regressão fixa descreve a curva média da população, a regressão aleatória genética aditiva descreve a curva de cada animal como diferença da média genética da população, a regressão aleatória de ambiente permanente descreve diferenças não aditivas, tais como efeitos de interação intra locus e entre locus que estejam segregando, além de efeitos ambientais que estão influenciando mais conjuntamente as medições. As variações não explicadas pela regressão são denominadas como o resíduo.

MRA podem ser ajustados com uma equação distinta para cada efeito. A forma geral de MRA é:

$$y = Xb + Za + Wp + \varepsilon$$

, em que:

y é o vetor de observações em diferentes dias em lactação, para os diferentes indivíduos;

b é o vetor de coeficientes da regressão fixa do modelo;

a é o vetor de coeficientes da regressão genética aditiva;

p é o vetor de coeficientes de regressão de ambiente permanente;

X é a matriz de covariáveis para fatores fixos;

Z é a matriz de covariáveis de efeito genético para cada animal com observação;

W é a matriz de covariáveis de efeito de ambiente permanente para cada animal com observação;

ε é o vetor de efeitos residuais não explicados pelos outros termos do modelo.

A esperança e variância do modelo podem ser matricialmente resolvidos através dos seguintes e respectivos sistemas de equações:

$$E(y) = Xb$$

$$V(y) = Z(A \otimes G)Z' + W(I \otimes P)W' + R$$

, em que:

G é a matriz de variâncias e covariâncias entre os coeficientes de regressão dos efeitos aleatórios genéticos aditivos;

P é a matriz de variâncias e covariâncias entre os coeficientes de regressão dos efeitos aleatórios de ambiente permanente;

A é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright, de ordem igual ao número de indivíduos analisados;

I é uma matriz identidade de ordem igual ao número de indivíduos com observações;

R é uma matriz pressuposta diagonal de ordem igual ao número de observações.

Observa-se que as ordens das matrizes G e P correspondem ao número de parâmetros no modelo de regressão dos efeitos genéticos aditivos e de ambiente permanente, que podem ser diferentes. E os elementos da diagonal de R podem variar através da utilização de classes de variância residual. A matriz $T(I \otimes E)T'$ é diagonal e pode associar a cada conjunto de dias em lactação uma variância residual específica. Sendo que:

$$R = T(I \otimes E)T' + \mathfrak{R}$$

As equações de modelos mistos utilizadas para obter soluções para os efeitos fixos, efeitos aleatórios genéticos e de ambiente permanente, utilizando MRA são:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & X'R^{-1}W \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z+A^{-1} \otimes G^{-1} & Z'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z & W'R^{-1}W+I \otimes P^{-1} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} b \\ a \\ p \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_1'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Características medidas repetidas vezes ao longo da vida de um indivíduo, tal como é a produção de leite no dia do controle em função do número de dias em lactação, podem ter diferentes estruturas de variância residual ao longo da curva de lactação. A matriz E é de extrema importância para se ajustar os efeitos residuais em função do período, podendo atribuir valores específicos para a variância residual em cada idade ou dividir de acordo com o período de produção em determinado número de classes de variância residual. O software WOMBAT permite a escolha do número de classes de variância residual a ser considerado no modelo e inclusive permite definir classes em períodos com durações diferentes.

Assim como as variâncias genéticas aditivas, de ambiente permanente e residual, as herdabilidades também apresentam variações em função da idade do animal, revelando diferenças no controle genético da característica e dos efeitos ambientais ao

longo da variável controle. A herdabilidade para a produção de leite em um dia específico da lactação ou a correlação genética entre a produção de leite de diferentes dias da lactação, dentro do intervalo de análise, podem ser obtidas utilizando os vetores Z_i e Z_j .

$$Z_i = [1 \quad i \quad i^2]$$

, onde Z_i é um vetor contendo os efeitos de média e dias em lactação, linear e quadrático para este exemplo.

As estimativas das variâncias genética aditiva, ambiente permanente e resíduo podem ser obtidas através das seguintes equações matriciais:

$$\hat{\sigma}_{g_i}^2 = Z_i G Z_i', \quad \hat{\sigma}_{ep_i}^2 = Z_i P Z_i' \quad e \quad \hat{\sigma}_{e_i}^2 = Z_i E Z_i'$$

As estimativas de covariância são obtidas de forma semelhante:

$$\hat{\sigma}_{g_i, g_j} = Z_i G Z_j', \quad \hat{\sigma}_{ep_i, ep_j} = Z_i P Z_j' \quad e \quad \hat{\sigma}_{e_i, e_j} = Z_i E Z_j'$$

Aplicando os resultados obtidos na equação a seguir, encontra-se uma estimativa para a herdabilidade da produção de leite do dia i da lactação.

$$h_i^2 = \frac{\sigma_{g_i}^2}{(\sigma_{g_i}^2 + \sigma_{ep_i}^2 + \sigma_{e_i}^2)}$$

E pode-se estimar as correlações entre a produção de leite em diferentes dias da lactação, considerando I e J dois números de dias em lactação diferentes:

$$r_{g_i, g_j} = \frac{\hat{\sigma}_{g_i, g_j}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{g_i}^2 \cdot \hat{\sigma}_{g_j}^2)}}, \quad r_{ep_i, ep_j} = \frac{\hat{\sigma}_{ep_i, ep_j}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{ep_i}^2 \cdot \hat{\sigma}_{ep_j}^2)}} \quad e \quad r_{e_i, e_j} = \frac{\hat{\sigma}_{e_i, e_j}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{e_i}^2 \cdot \hat{\sigma}_{e_j}^2)}}$$

Os MRA utilizados nas avaliações genéticas de animais empregam funções lineares contínuas para descrever tanto os efeitos fixos como os aleatórios. Os valores genéticos e de ambiente permanente são estimados por funções contínuas dos desvios de cada animal (tomados como aleatórios) em relação a uma curva média (tomada como efeitos fixos). Entretanto existe um problema a ser superado antes de se avaliar geneticamente os animais, que consiste na escolha de equações adequadas para explicar as variações na curva de lactação. Esta deve ser a primeira questão a ser analisada, para se utilizar MRA, sendo justo que grande parte dos trabalhos científicos sobre esta

técnica, sejam destinados a encontrar o modelo mais adequado para a característica na espécie e raça estudada.

A escolha de equações muito simples e pouco parametrizadas dificulta a modelagem e não permite grande flexibilidade entre as covariâncias das diferentes medidas, desta forma, tal função pode ser ineficiente para explicar parte das variações genéticas, travando com suas curvas pouco flexíveis as variações que deveriam ser explicadas dentro da função, não sendo explicadas, tais variações são agregadas a variância residual independente da regressão.

Por outro lado, polinômios muito complexos e parametrizados dificultam a convergência dos algoritmos computacionais, podendo inviabilizar a obtenção de resultados ou reduzir a acurácia e precisão das análises por utilizar critérios menos rigorosos de convergência. Também pode ocorrer perda da capacidade de explicar os fenômenos ficando as estimativas dos parâmetros muito presas aos dados específicos da análise.

Cobuci et al. (2004) contrastaram funções de Wilmink e Polinômios Ortogonais de Legendre (**POL**) de ordens 3, 4 e 5 na descrição de curvas fixas e aleatórias de lactação, quanto às possíveis alterações nas estimativas de herdabilidade da produção de leite de vacas da raça Holandesa. Os autores concluíram que o POL de ordem 4 era o mais adequado, por apresentar, junto com o de ordem 5, menores variações da herdabilidade ao longo da curva de lactação em relação aos demais modelos, e ser computacionalmente menos exigente do que o polinômio de ordem 5.

Freitas et al. (2008) contrastaram as funções paramétricas de Ali e Schaffer, Wilmink e POL para avaliação genética da produção de leite no dia do controle de vacas da raça Guzerá. Os autores comentaram que os modelos que utilizam POL apresentam menores demandas computacionais e são os mais apropriados para estimativas de covariância em MRA e que o problema destes está em exigir que se estime a melhor ordem do polinômio. No mesmo trabalho, o modelo utilizando a função de Wilmink obteve melhores resultados pelos critérios de seleção de modelos, entretanto, seus problemas de convergência ocasionam uma análise demorada. Assim, os autores sugeriram a adoção do POL de ordem quatro, que apresentou resultados satisfatórios sem dificuldade em convergir.

Sarmento et al. (2008) explicaram a importância da escolha dos MRA ao escrever que “A produção de leite apresenta caráter contínuo que, biologicamente, pode ser explicado por diferentes genes que se expressam no decorrer da lactação, causando alterações fisiológicas e de produção”, e que “ao ajustar um modelo de regressão

aleatória, assume-se implicitamente determinada estrutura de covariâncias entre as produções nos controles, imposta pelo modelo de regressão aleatória escolhido”.

Araújo et al. (2006), trabalhando com a curva de produção de leite de bovinos da raça Holandesa, contrastaram MRA utilizando POL de ordens 2, 3 e 4, para descrever as variações genéticas e de ambiente permanente da produção de leite. Os autores concluem que MRA que empregam POL são eficientes em descrever a variação genética da produção de leite, quando se utiliza polinômios de ordem no mínimo quatro para descrever a variação genética da produção de leite. Verificaram também correlações positivas entre todos os pontos da curva de lactação, indicando que a seleção em um período qualquer faz surgir um efeito positivo sobre todos os pontos da curva de lactação.

Menezes et al. (2008) compararam o uso da função paramétrica de Wilmink e algumas modificações da mesma, na modelagem das curvas de regressão fixa e aleatória genética aditiva e de ambiente permanente da produção de leite em cabras da raça Saanen. Os cinco modelos comparados diferiam quanto ao termo exponencial da função de Wilmink, o modelo que considerou o menor valor para a constante da parte exponencial da equação foi considerado o melhor, sendo este comparado por Menezes et al. (2010a), com quatro modelos utilizando POL, o melhor modelo, em relação a todos os critérios avaliados, foi o que utilizou POL, empregando terceira ordem para a curva fixa, quarta ordem para a curva da variância genética aditiva e sexta ordem para a curva de ambiente permanente, além de considerar seis classes de variância residual.

A utilização de POL requer a padronização dos dias em lactação, gerando a variável dias em lactação padronizado (**DELP**), isto pode ser feito utilizando-se a equação abaixo, adaptada de Kirkpatrick et al.(1990).

$$DELP = u + \frac{v - u}{DEL_{max.} - DEL_{min.}} \cdot (DEL_i - DEL_{min.})$$

, onde:

Os parâmetros u e v valem respectivamente -1 e 1 para POL;

DEL_i corresponde ao número real de dias em lactação na medição i;

DEL_{max.} e DEL_{min.} são respectivamente o maior e menor DEL mensurados.

, substituindo os valores de u e v na equação, podemos obter:

$$DELP = 2 \cdot \frac{DEL_i - DEL_{min.}}{DEL_{max.} - DEL_{min.}} - 1$$

O artifício de utilizar polinômios ortogonais com idades padronizadas é empregado para reduzir problemas de dependência linear entre os parâmetros estimados da regressão. A dependência linear pode prejudicar a convergência das análises, aumentar o tempo de processamento e reduzir a acurácia das estimativas.

Em diversos trabalhos sobre POL é possível perceber uma característica indesejável dos mesmos, que consiste nas estimativas ruins de componentes de variâncias nos pontos extremos das curvas de lactação e em pontos da trajetória que tenham muito poucos dados. Uma possível causa é a padronização das idades, que força o aumento da variância genética nas extremidades da curva e redução da mesma no meio da curva. Outra causa possível é a redução do número de dados nos extremos da curva, que podem causar problemas de estimação. Pool e Meuwissen (2000) recomendaram o uso apenas de lactações completas nas análises envolvendo modelos de regressão aleatória para evitar problemas nas estimativas dos componentes.

Os primeiros trabalhos sobre produção de leite utilizando MRA desconsideravam a existência de uma estrutura de variância residual heterogênea ao longo da curva de lactação. Observou-se, contudo, que tal prática pode ocasionar equívocos nas estimativas de parâmetros genéticos. Isto pode ser ocasionado por diferenças de escala que influenciam alterações nas variâncias residuais ao longo da curva de lactação e/ou estar ligados a problemas de modelagem dos efeitos aleatórios.

Para entender melhor suponha que se queira estimar a herdabilidade no início da lactação se a variância residual estimada for única para todo o período espera-se que a estimativa de herdabilidade esteja inflacionada, pois a variância fenotípica deste período é maior do que a variância fenotípica média, e espera-se que a variância residual neste período seja superior à variância residual estimada considerando homogeneidade de variância. Este problema pode ser corrigido ao se utilizar uma estrutura de variâncias residuais heterogênea, adequadas às condições da análise, tais como característica, espécie, raça e clima.

Jamrozik e Schaeffer (1997) encontraram estimativas de herdabilidades altas em comparação ao esperado para produção de leite, proteína e gordura, encontrando valores de até 0,69 para proteína e até 0,59 para produção de leite. Os autores encontraram estimativas mais altas para a herdabilidade no início da lactação e atribuíram este fato ao maior volume de produção, existindo possibilidade de haver grande componente genético associado a este período. Entretanto é possível que a estimativa esteja apenas equivocada devido ao maior volume produzido neste período ser atribuído a causas genéticas devido a não consideração de uma estrutura de variância residual heterogênea.

A consideração de variâncias residuais heterogêneas para cada classe criada aumenta o número de parâmetros a serem estimados no processo de maximização da função de verossimilhança. Isto pode melhorar a modelagem dos efeitos aleatórios envolvidos na análise. Entretanto há de se observar que grande aumento no número de parâmetros gera maior demanda computacional, havendo maiores dificuldades dos algoritmos computacionais em convergir.

Diversos trabalhos têm sido propostos para estudar a melhor estrutura de variâncias residuais para se estimar parâmetros e valores genéticos para produção de leite ao longo da curva de lactação em bovinos. Já em caprinos, há uma carência de trabalhos nesta área.

Com o objetivo de comparar diferentes estruturas de variância residuais para MRA, El Faro e Albuquerque (2003) trabalharam com 2.155 primeiras lactações de vacas da raça Caracu, testando modelos com 1, 10, 15 e 43 classes de variâncias residuais. As autoras concluíram que o modelo que considerou 43 classes de variâncias residuais aumenta consideravelmente o número de parâmetros, sem diferir ao nível de 1 % de probabilidade pelo teste da Razão de Verossimilhança (**TRV**) do modelo que considerou 15 classes de variâncias residuais, sendo este considerado o melhor. Ainda ressalta que o modelo utilizando funções de variâncias com polinômios ordinários de sexta ordem poderiam ser usados sem perda na precisão das estimativas, proporcionando redução no número de parâmetros a serem estimados. A redução no número de parâmetros seria de 35 para 27, e as diferenças entre os resultados destes modelos pelo AIC e BIC foram pequenas.

Bibnardi et al. (2008) consideraram seis classes de variância residual heterogênea, agrupando as semanas em lactação em: 1; 2; 3; 4, 5 e 6; 7 a 12; 13 a 44. Desta forma é possível perceber que as classes de variâncias residuais não necessitam ser de mesmo tamanho. Note que no início da lactação são consideradas mais classes de variância residual, enquanto no final, o número de classes consideradas é menor. A causa desta separação não igualitária pode estar ligada às diferenças nos níveis de produção durante a lactação, o que pode ser definido como efeito de escala.

Menezes et al. (2008), após definir o melhor modelo assumindo homogeneidade de variância residual, contrastaram o uso de diferentes números de classes de variância residual e selecionaram o modelo com seis classes como o melhor, utilizando os critérios AIC e BIC. Alguns autores fazem escolhas mais parcimoniosas, algumas vezes utilizando os critérios apenas como indicadores, e tomando decisão de escolher modelos menos parametrizados que apresentaram resultados semelhantes.

Uma vantagem em se adicionar uma nova classe de variância residual em um modelo, em relação à adição de um novo coeficiente de regressão na equação do modelo é que a adição de um novo coeficiente de regressão implica em um grande aumento no número de parâmetros a serem estimados, enquanto que cada classe de variância residual adicionada ao modelo implica apenas em estimar mais um parâmetro.

Na escolha do melhor modelo, contrasta-se o uso de diferentes equações para modelar a curva de produção de leite e consideram-se diferentes estruturas de variância residual. Entretanto são necessários critérios para escolher o melhor modelo para a situação analisada.

Já foi dito anteriormente que o sucesso de uma análise utilizando um modelo de regressão aleatória, seja com objetivo de se estimar parâmetros genéticos ou avaliar geneticamente uma população, depende do polinômio ou função utilizada no modelo para descrever as variações da característica estudada em função do tempo. O modelo deve ser adequado para explicar o fenômeno, permitindo separar corretamente os efeitos em fixos, aleatórios genéticos e aleatórios de ambiente permanente.

Entretanto, comparar modelos e julgar suas eficácias não é uma tarefa tão fácil e necessita seguir critérios para não realizar escolhas arbitrárias. Na literatura são encontrados alguns critérios muito úteis para contrastar MRA, desde escolhas simples baseadas em menor variação da estimativa dos parâmetros genéticos ao longo da curva de lactação até a avaliação do tempo de análise cronometrado. Os critérios atualmente mais usados são: teste da razão de verossimilhança (**TRV**), critério do logaritmo da função de máxima verossimilhança ($\ln L$), critério da informação de Akaike (**AIC**) e critério da informação Bayesiano de Schwarz (**BIC**).

O número de parâmetros é também um critério, haja vista que modelos menos parametrizados são preferíveis devido ao menor tempo de análise e maior facilidade de convergência, espera-se também, menores erros de predições causados por ineficiência do conjunto software-hardware utilizados na análise.

Hartley e Rao (1967) aplicaram o método da máxima verossimilhança ao modelo misto geral. Tal método consiste em maximizar a função de verossimilhança em relação aos efeitos fixos e aos componentes de variância. Este método é viesado, pois não considera a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos. Uma alternativa para tal problema foi proposta por Patterson e Thompson (1971), que é o método da máxima verossimilhança restrita, mais detalhes destes métodos de estimação de componentes de variância podem ser vistos em Perri e Iemma (1999). Um critério para escolha do melhor modelo é utilizar o logaritmo da função de máxima

verossimilhança restrita, o problema é que tal critério não penaliza os parâmetros, acusando melhores resultados para os modelos mais parametrizados. Logo deve ser utilizado com senso crítico, e acompanhado de outros critérios.

O AIC é um critério de informação criado por Hirotugu Akaike em 1971 com o objetivo de auxiliar a seleção de modelos estatísticos, sua teoria está exposta em Akaike (1973) em que o autor demonstra que o estimador de $-2\log L$ é viesado e que a adição de $-2p$, onde p representa o número de parâmetros no modelo, pode corrigir o estimador, o que é interessante também do ponto de vista de se penalizar a parametrização excessiva dos modelos. O AIC não pode ser considerado um teste, pois não contém regras de valores críticos, sua utilidade está em comparar modelos, sendo calculado um valor de AIC para cada modelo avaliado, dentre estes os que apresentarem menores valores serão melhores. Sua fórmula é:

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

, onde:

L é o resultado da função de máxima verossimilhança;

p corresponde ao número de parâmetros no modelo.

Bozdogan (1987) propôs uma correção para o critério da informação de Akaike, o AICc. Essa correção penaliza mais a adição de parâmetros (p), levando em consideração também o número de observações na amostra (n). AICc sempre será maior que AIC, entretanto, a diferença entre estes critérios diminui quando n aumenta e p diminui. Como em geral o número de observações é grande em avaliações genéticas, os resultados do AICc são muito próximos aos do AIC, fazendo com que tal critério não seja muito utilizado. Sua fórmula é:

$$AICc = -2\log L + 2p + 2\frac{p(p+1)}{n-p-1}$$

, onde:

L é o resultado da função de máxima verossimilhança;

p corresponde ao número de parâmetros no modelo;

n representa o número de observações na amostra.

O BIC, critério de informação criado por Gideon E. Schwarz em 1978, é considerado semelhante ao AIC, entretanto, geralmente penaliza mais a adição de novos parâmetros. Sua teoria está demonstrada em Schwarz (1978). A seguir está exposta a fórmula para se calcular o BIC.

$$BIC = n \cdot \ln(\hat{\sigma}_e^2) + k \cdot \ln(n)$$

, onde:

x é igual ao número de dados observados;

n representa o número de pontos de dados em x , ou número de observações;

k corresponde ao número de parâmetros no modelo;

$\hat{\sigma}_e^2$ é a estimativa da variância residual.

O teste da razão de verossimilhança compara as diferenças entre as funções de máxima verossimilhança linearizadas de cada modelo e baseia-se na razão entre o logaritmo natural de duas funções de verossimilhança, exemplo: $\ln L_1$ e $\ln L_2$. Então a estatística do teste será:

$$TRV = -2[\ln L_1 - \ln L_2] \sim \chi_g^2$$

, onde g é o número de restrições.

O teste é distribuído assintoticamente e o valor crítico é obtido da tabela qui-quadrado (χ^2) com g graus de liberdade, se o valor calculado for maior que o tabelado, as duas funções de verossimilhança são estatisticamente diferentes.

Atualmente os controles leiteiros no capril da Universidade Federal de Viçosa, são realizados semanalmente, em bovinos de leite existem rebanhos que são medidos quinzenalmente, em outros rebanhos, para se reduzir o custo com mão-de-obra, tais medições são realizadas mensalmente.

Desta forma seria interessante verificar se intervalos mais espaçados entre medições da produção de leite em caprinos das raças Alpina e Saanen alterariam ou não a classificação dos animais para a seleção. A utilização de MRA é muito interessante deste ponto de vista por ter menor problema com as perdas de informações, por não depender de estimar a produção total antes de se avaliar os animais e por não precisar corrigir as produções dos animais para dias específicos e equidistantes. A verificação da qualidade de avaliações genéticas utilizando números reduzidos de informações considerando controles leiteiros entre períodos mais distantes pode ser feita através da análise de bancos de dados reduzidos, com as informações de controles de equidistâncias chave excluídas. Desta forma, os resultados das análises com número reduzido de informações no banco de dados podem ser contrastados com os resultados das análises com banco de dados completo.

Se os resultados não diferem muito quanto à classificação dos animais, as análises com número reduzido de dados podem ser utilizadas na avaliação genética dos

animais em substituição às análises com banco de dados completo. Isto significa que controles leiteiros realizados com menor frequência não alterariam de forma significativa a qualidade de programas de seleção de caprinos de aptidão leiteira, e conseqüentemente deve-se mudar o esquema de controles leiteiros, haja vista o elevado custo que estes trazem ao sistema produtivo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Akaike, H. **Information theory and an extension of the maximum likelihood principle**. Proceedings of 2nd International Symposium on Information Theory , Budapest, Hungary , 1973. p.267–281
- Albuquerque, L. G. **Regressão aleatória: Nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas**. V Simp. Soc. Bras. Melhoramento Animal. Pirassununga - SP, 2004.
- Araújo, C. V.; Torres, R. A.; Costa, C. N.; Torres Filho, R. A; Araújo, S, I.; Sarmiento, J. L. R. Uso de funções ortogonais para descrever a produção de leite no dia de controle por meio de modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.967-974, 2006.
- Bozdogan, H. Model selection and Akaike's information criterion (AIC): The general theory and its analytical extensions. **Psychometrica**. n.52, p.345-370, 1987
- Brito, L. F.; Silva, F. G.; Angelini, M. S.; Menezes, G. R. O.; Pereira, R. J.; Melo, A. L. P.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T. **Fatores ambientais e genéticos que influenciam os teores dos componentes do leite de caprinos da raça Saanen**. In: ZOOTEC 2009. Águas de Lindóia, SP. v.1, p.1-3, 2009.
- Cobuci, J. A.; Costa, C. N.; Teixeira, N. M.; Freitas, A. F.; Barra, R. B. **Estimativa de herdabilidade para produção de leite no dia do controle de vacas da raça holandesa utilizando regressão aleatória**. V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal. Pirassununga-SP, 2004.
- El Faro, L.; Albuquerque, L. G. **Utilização de Modelos de Regressão Aleatória para Produção de Leite no Dia do Controle, com Diferentes Estruturas de Variância Residuais**. v.32, p.1104-1113, 2003.
- Freitas, M. S. **Avaliação de modelos de regressão aleatória na avaliação genética de animais da raça Girolando**. 2003. 78f. Dissertação de Mestrado em Zootecnia – Departamento de Zootecnia / Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

- Freitas, L. S.; Silva, M. A.; Verneque, R. S.; Santos, G. G.; Corrêa, G. S.; Valente, B. D.; Peixoto, M. G. C. D. P.; Ventura, R. V. **Comparação de modelos de regressão aleatória, para avaliação genética da produção de leite no dia do controle de vacas da Guzerá.** VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. São Carlos-SP, 2008.
- Hartley, H. O.; Rao, J. N. K. Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, v. 54, p.93-108, 1967.
- Henderson, C. R. Applications of linear models in animal breeding. **Guelph: University of Guelph**, 1984. 462 p.
- Henderson Jr., C. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, Nonhomogeneous and random regression. **Biometrics**, v.38, p.633-40, 1982.
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE. Endereço virtual: www.ibge.gov.br. Acesso em 10 de janeiro de 2010.
- Jamrozik, J.; Schaeffer, L. R. Estimates of Genetic Parameters for a Test Day Model with Random Regressions for Yield Traits of First Lactation Holsteins. **J. Dairy Sci.**80:762-770, 1997.
- Kirkpatrick, M.; Heckman, N. A quantitative genetic model for growth and other infinite dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, p.429-450, 1989.
- Kirkpatrick, M.; Lofsvold, D.; Bulmer, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**. 124:979-993, 1990.
- Medeiros, L. P.; Girão, R. N.; Girão, E. S. et al. *Caprinos: princípios básicos para sua exploração.* Teresina: Embrapa - Meio Norte, 1994. 177p.
- Menezes, G. R. O.; Brito, L. F.; Melo, A. L. P.; Silva, F. G.; Angelini, M. S.; Costa, E. V.; Sarmiento, J. L. R.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T.; Lopes, P. S. **Comparação de modelos de regressão aleatória utilizados na avaliação da produção de leite em cabras da raça Saanen.** VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. São Carlos-SP, 2008.
- Menezes, G. R. O.; Brito, L. F.; Silva, F. G.; Melo, A. L. P.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T. **Avaliação genética de cabras da raça Saanen para produção de leite até 270 dias usando intervalos alternativos de controle leiteiro.** 46ª Reunião da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Anais, 2009.
- Menezes, G. R. O.; Caetano, G. C.; Brito, L. F.; Silva, F. G.; Melo, A. L. P.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T. **Estudo da produção de leite em cabras da raça Saanen utilizando modelos de regressão aleatória.** In: VIII Simpósio Brasileiro de

- Melhoramento Animal - Melhoramento Animal: UMA VISÃO CRÍTICA. Maringá, PR. 01 e 02 de julho de 2010a.
- Menezes, G. R. O.; Torres, R. A.; Sarmiento, J. L. R.; Rodrigues, M. T.; Melo, A. L. P.; Silva, F. G.; Brito, L. F. Avaliação de medidas da persistência da lactação de cabras da raça Saanen sob modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**.v.39, n.8, p.1691-1698, 2010b.
- Meyer, K.; Hill, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. *Livestock Production Science*, 47(3):185-200. 1997.
- Meyer, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. *Genetic Selection Evolution*, v.30, p.221-240, 1998.
- Meyer, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genet. Sel. Evol.** v.37, p.473–500.INRA, EDP Sciences, 2005.
- Meyer, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004
- Misztal, I. Properties of random regression models using linear splines. **Journal of Animal Breeding and Genetics**.**123**, 74-80. 2006.
- Patterson, H.D.; Thompson, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.
- Pereira, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 4^a ed. Belo Horizonte: Editora FEPMVZ 2004. 609 p.
- Perri, S. H. V.; Iemma, A. F. Procedimento "MIXED" do SAS para análise de modelos mistos. **Scientia Agricola**, v.56, p.959-967, 1999.
- Pool, M. H.; Meuwissen, T. H. E. Reduction of the number of parameters needed for a polynomial random regression test day model. **Livestock Production Science**. 64 (2000) 133–145.
- Ptack, E.; Schaeffer, L.R. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. **Livestock Production Science**, v.34, n.1, p.23-34, 1993.
- R Development Core Team (2010).**R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
- Resende, M. D. V.; Rezende, G. D. S. P.; Fernandes, J. S. C. Regressão aleatória e funções de covariância na análise de medidas repetidas. **Revista Mat.** São Paulo, 19, p.21-40, 2001.

- Ribeiro, S. D. de A.; **Criação Racional de Caprinos**. São Paulo: Nobel, 1997. 318 p. ISBN: 85-213-0972-4.
- Santana Jr., M. L.; Melo, A. L. P.; Pereira, R. J.; Silva, F. G.; Veroneze, R.; Brito, L. F.; Menezes, G. R. O.; Angelini, M. S.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T. **Influência de fatores ambientais na porcentagem dos componentes do leite de caprinos da raça Alpina**. VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. São Carlos-SP, 2008.
- Sarmiento, J. L. R.; Albuquerque, L. G.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T.; Lopes, P. S.; Reis Filho, J. C. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p.443-451, 2006.
- Sarmiento, J. L. R.; Albuquerque, L. G.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T.; Lopes, P. S.; Reis Filho, J. C. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.10, p.1788-1796, 2008.
- Schaeffer, L.R. Random regression in animal breeding. Course notes. Guelph: University of Guelph, 58p. 1997.
- Schaeffer, L.R. Dekkers, J.C.M. Random regression in animal models for test day production in dairy cattle. In: Proceedings 5th world congress genetic applied livestock production. Guelph, ON, Canada, p.443-446, 1994.
- Schwarz, G. Estimating the Dimension of a Model. **Annals of Statistics**, 1978, 6, p.461-464.
- Silva, M. A.; Thiébaud, J. T. L.; Valente, B. D.; Torres, R. A.; Faria, F. J. C. **Modelos lineares Aplicados ao Melhoramento Genético Animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008. 1ªed. 378p.
- Van Der Werf, J.; Schaeffer, L. **Random Regression in Animal Breeding**. Course Notes, Ontario: UniversityofGuelph, 1997, 70p.

CAPÍTULO 1

Fatores que influenciam a produção e composição do leite de caprinos

Resumo: Com o objetivo de estudar os fatores que influenciam a produção de leite no dia do controle e as porcentagens de proteína, gordura, lactose e extrato seco total no dia da coleta, foram utilizados 110.732 registros de produção de leite de 1.496 cabras e 19.271 registros por constituintes do leite de 1.245 cabras das raças Alpina e Saanen, coletados entre 1997 e 2010 no Setor de Caprinocultura da Universidade Federal de Viçosa. Para maior confiabilidade dos registros, foram consideradas apenas lactações com ordens do parto entre 1 e 6, tipo de parto com 0 até 3 filhotes, ano do controle superior a 1997 e grupamento genético diferente de 7 ou 9, devido ao baixo número de informações associadas a algumas classes destes fatores. Foram eliminados também, dados de dias em lactação inferiores a 7 e superiores a 315. Idades da cabra ao parto superiores a 300 dias e idade da cabra ao controle inferiores a seis anos foram considerados. A produção de leite foi maior na estação seca em relação à estação chuvosa. O grupamento genético não influenciou todas as características em ambas as raças. Produção de leite no dia do controle tendeu a aumentar à medida que a idade da cabra ao parto crescia, ocorrendo o contrário em relação à ordem de parto. Existe variação quanto aos fatores que influenciaram significativamente cada característica estudada, assim como alteração nos fatores que influenciaram significativamente cada característica em relação às raças Alpina e Saanen. Desta forma, uma análise dos fatores que influenciam as características a serem avaliadas no rebanho em estudo é fundamental para se definir o melhor modelo de avaliação.

Palavras-chave: grupamentos genéticos, ano-estação, tipo de parto

CHAPTER 1

Factors influencing the production and milk composition of goats

Abstract: In order to study the factors that influence milk production on the control day and the percentages of protein, fat, lactose and total solids on the collection day, 110,732 records were used for milk production of 1,496 goats and 19,271 records for the constituents of milk 1245 goats of Alpine and Saanen breeds, collected between 1997 and 2010 in the goat industry, Federal University of Viçosa. For increased reliability of the records, we considered only lactations with orders of delivery between 1 and 6, type of delivery with 0 to 3 offspring, year 1997 over the control and different genetic grouping of 7 or 9 due to the low number of associated information some classes of these factors. We also eliminated data, days in milk below 7 and above 315. Age of dam at birth of more than 300 days and age of dam to control less than six years were considered. Milk production was higher in the dry season compared to rainy season. The group did not influence all genetic traits in both breeds. Milk production on the control tended to increase as age of dam at birth increased, the opposite was true in relation to birth order. There is variation in the factors that significantly influenced each trait studied, as well as changes in the factors that significantly influenced each feature in relation to the Alpine and Saanen breeds. Thus, an analysis of factors influencing the characteristics to be evaluated in the herd under study is essential to define the best model of evaluation.

Keywords: genetic groups, type of delivery, year-season

Introdução

O leite de cabra consiste em uma fonte de nutrientes excepcional, que possui maior teor de cálcio, fosfato e potássio e menor teor de colesterol, menor alergenicidade devido a menor proporção da sub-unidade protéica $\alpha(S1)$ -caseína em comparação ao leite de vaca. Entretanto, mesmo com estas vantagens, a tendência de aumento da produção do leite de cabras é inferior a do leite de vacas segundo dados do IBGE (2007). O principal motivo para este fato é que o custo do leite de cabra corresponde em média a três vezes o custo do leite de vaca.

A principal forma de contornar esse problema é através da redução dos custos de produção. O melhoramento genético é uma importante ferramenta para isso, no entanto ainda há poucos trabalhos com caprinos de aptidão leiteira.

Existem diversos trabalhos na literatura voltados à escolha dos efeitos fixos a serem incluídos em modelos que avaliem a produção de leite acumulada (**PLAC**), tais como Barbosa et al. (1999), Soares filho et al. (2001), Pereira et al. (2008b) e Brito et al. (2009). Entretanto trabalhos considerando a produção de leite no dia do controle (**PLDC**) ou constituintes do leite no dia da coleta são escassos.

Os teores dos constituintes do leite são atributos importantes para a indústria láctea, já que estão relacionados com o rendimento e a qualidade dos produtos. Embora existam poucos relatos de que preços melhores estejam sendo pagos pelo leite com maior teor de gordura ou de proteína, espera-se que no futuro, tais características passem a ser beneficiadas e com a determinação de valores econômicos, possam ser criados índices de seleção para programas de melhoramento de caprinos. Desta forma, é importante que os melhoristas estejam à frente desta tendência, estimando parâmetros e selecionando os melhores modelos de avaliação destas características, sendo indispensável o estudo de fatores que influenciam as mesmas.

O estudo dos fatores que influenciam as características a serem selecionadas é importante para definir o modelo de avaliação genética, delineamento de programas de melhoramento e inclusive para recomendações práticas de manejo. Durante uma avaliação genética, fontes de variações conhecidas e não corrigidas através do uso de efeitos fixos, podem inflacionar o resíduo e reduzir a acurácia e a precisão das estimativas dos parâmetros e predição dos valores genéticos dos animais. Por outro lado, se a inclusão de efeitos fixos for feita de forma equivocada, esta contribuirá para a perda desnecessária de graus de liberdade do resíduo, reduzindo a precisão dos resultados.

Os efeitos fixos podem ser escolhidos previamente a uma avaliação genética através do uso do método de quadrados mínimos generalizados. Santana Júnior et al. (2008) avaliaram a influência dos efeitos não genéticos de ano-estação de parto, tipo de parto, ordem do parto, mês do controle, dias em lactação e idade da cabra ao parto (ICP) sobre a produção de leite e porcentagem de componentes no leite. Apenas o fator, tipo de parto, não influenciou a produção de leite, indicando que os demais fatores deveriam ser incluídos em modelos de avaliação da produção de leite no dia do controle.

Objetivou-se com este trabalho identificar os fatores que influenciam a produção de leite no dia do controle e os componentes do leite no dia da coleta, em caprinos das raças Alpina e Saanen.

Material e Métodos

Foram utilizados 110.732 registros de produção de leite de 1.496 cabras e 19.271 registros por componente do leite de 1.245 cabras, coletados entre 1997 e 2010 no setor de Caprinocultura da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Minas Gerais. Os animais utilizados pertenciam a diferentes grupamentos genéticos das raças Alpina e Saanen. Os animais foram criados em sistema de estabulação livre e receberam alimentação à base de silagem de milho e feno, como volumoso, e mistura concentrada, fornecida conforme a necessidade nutricional dos animais.

Os controles leiteiros foram realizados semanalmente em ordenha mecânica, realizada duas vezes ao dia. A coleta na parte da manhã teve início às seis horas e coleta na parte da tarde teve início às quatorze horas. A PLDC representa a soma do leite coletado nestes dois períodos. A coleta de amostras para análise de componentes do leite foi realizada mensalmente e os teores foram determinados no Laboratório de Qualidade do Leite do Departamento de Zootecnia da UFV.

As variáveis discretas testadas e suas respectivas classes foram: ano de parto (de 1997 a 2010); estação (1 de março a setembro e 2 para os demais meses); ordem de parto (de 1 a 10); tipo de parto (de 0 a 4 filhotes); grupamento genético (90% < Alpina = 1; 80% < Alpina ≤ 90% = 2; 70% < Alpina ≤ 80% = 3; 60% < Alpina ≤ 70% = 4; 50% < Alpina ≤ 60% = 5; 90% < Saanen = 6; 80% < Saanen ≤ 90% = 7; 70% < Saanen ≤ 80% = 8; 60% < Saanen ≤ 70% = 9; 50% < Saanen ≤ 60% = 10). As variáveis contínuas testadas foram as covariáveis ICP, com efeitos linear e quadrático e dias em lactação (DEL), com efeitos linear, quadrático e cúbico.

Para maior confiabilidade dos registros foram consideradas apenas lactações com ordem do parto entre 1 e 6, tipo de parto entre 0 e 3 filhotes, ano do controle superior a 1997 e grupamento genético diferente de 7 ou 9, devido ao baixo número de informações associadas a algumas classes destes fatores. Foram eliminados também, dados de dias em lactação inferiores a 7 (período do colostro) e superiores a 315, que é um valor alto para abranger todos os períodos citados em literaturas de caprinos. ICP superiores a 300 dias e idade da cabra ao controle (**ICC**) inferiores a seis anos foram considerados.

Feitas as restrições restaram 80.486 registros de PLDC de 1.200 cabras e 13.351 registros de cada componente do leite de 994 cabras. Este arquivo foi considerado o arquivo completo (**AS**). A partir deste foram criados outros dois arquivos, um contendo animais com mais de 50% de grau de sangue Alpino (**A**) e outro contendo mais de 50% de grau de sangue Saanen (**S**). O arquivo A contém 50.347 registros da PLDC e 9.971 registros de cada componente do leite, enquanto o arquivo S contém 30.139 e 3.380, respectivamente. O modelo utilizado para testar a influência dos fatores sobre a PLDC foi:

$$y_{ijklmn} = \mu + OP_i + TP_j + GG_k + ET_l + AP_m + ET \times AP_{lm} + b_1(P_{ijklmn} - \bar{P}) + b_2(P_{ijklmn} - \bar{P})^2 + c_1(D_{ijklmn} - \bar{D}) + c_2(D_{ijklmn} - \bar{D})^2 + c_3(D_{ijklmn} - \bar{D})^3 + \varepsilon_{ijklmn}$$

, em que:

y_{ijklmn} = valor observado da característica analisada (PLDC e porcentagem de proteína, gordura, lactose e extrato seco total) na cabra n , ordem de parto i , tipo de parto j , grupamento genético k , estação l , ano m ;

μ = média para a característica analisada;

OP_i = efeito fixo da ordem de parto i ;

TP_j = efeito fixo do tipo de parto j ;

GG_k = efeito fixo do grupamento genético k ;

ET_l = efeito fixo da estação j ;

AP_m = efeito fixo do ano m ;

$ET \times AP_{lm}$ = efeito da interação entre estação e ano do controle.

b_1 e b_2 = coeficientes linear e quadrático de regressão da característica analisada em função da ICP;

P_{ijklmn} = ICP referente à medição n ;

\bar{P} = média da ICP;

c_1, c_2 e c_3 = coeficientes linear, quadrático e cúbico da característica analisada em função do número de dias em lactação;

D_{ijklmn} = dias em lactação durante a medição n ;

\bar{D} = média do número de dias em lactação;

ε_{ijklmn} = resíduo.

As análises estatísticas foram realizadas através do método de mínimos quadrados generalizados, empregando o procedimento Generalized Linear Model (PROC GLM) do programa Statistical Analysis System (SAS, 2003).

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 encontram-se o número de observações, média, desvio padrão e coeficiente de variação para PLDC e para as porcentagens dos componentes do leite, proteína (**PRO**), gordura (**GOR**), lactose (**LAC**) e extrato seco total (**EST**). Os valores apresentados se encontram dentro dos padrões aceitáveis para caprinos de aptidão leiteira. A média de PLDC para caprinos da raça Saanen foi inferior ao valor de 2,7 kg/dia encontrado por Tholon (2001), na região Sudeste. O que indica patamares mais altos a se alcançar com o melhoramento do rebanho analisado. Os valores médios de porcentagem de proteína, gordura e lactose foram semelhantes aos encontrados por Prata et al. (1998), trabalhando com cabras da raça Saanen no sudeste do Brasil, em que obtiveram valores de 3,27%, 3,74% e 4,35%, respectivamente.

Tabela 1: Estatística descritiva das características da PLDC e porcentagem dos componentes do leite.

Característica	Número			Média			DP			CV		
	A	AS	S	A	AS	S	A	AS	S	A	AS	S
PLDC	50347	80486	30139	2,12	2,00	1,79	1,13	1,07	0,92	53,15	53,46	51,64
PRO	9971	13351	3380	3,16	3,15	3,13	0,46	0,44	0,37	14,64	14,00	11,85
GOR	9971	13351	3380	3,40	3,50	3,78	0,94	0,98	1,03	27,49	27,88	27,32
LAC	9971	13351	3380	4,41	4,37	4,25	0,40	0,40	0,37	9,01	9,07	8,62
EST	9971	13351	3380	11,85	11,90	12,07	1,28	1,29	1,31	10,80	10,84	10,84

A - Raça Alpina; AS - Raças Alpina e Saanen; S - Raça Saanen; DP = Desvio padrão; CV = Coeficiente de variação.

A comunidade científica tende a considerar raças distintas como entidades genéticas diferentes e realizar avaliações genéticas separadamente, mesmo quando existem animais aparentados entre raças distintas. Isto porque a maior parte dos criadores buscam manter o padrão racial, característica observada pelas associações de criadores para concessão do registro genealógico e, além disso, a avaliação conjunta pode dificultar a confecção e utilização dos catálogos de reprodutores. Entretanto alguns

criadores podem ter interesse em trabalhar com animais cruzados, o que aumentar a variabilidade genética do rebanho e em alguns casos promover vantagens devido a heterose. Desta forma, foram realizadas análises considerando as raças Alpina e Saanen de forma conjunta e separada.

A Tabela 2 apresenta os resultados das análises, indicando os fatores (TP, OP, GG, ET, AP, ET*AP, ICP e DEL) que influenciam cada uma das características estudadas (PLDC, PRO, GOR, LAC e EST) para as raças Alpina e Saanen, analisadas conjunta e separadamente.

Tabela 2: Significâncias das análises de variâncias para as características de produção de leite no dia do controle e componentes do leite em relação aos efeitos fixos estudados.

Efeitos	Características														
	PLDC			PRO			GOR			LAC			EST		
	A	AS	S	A	AS	S	A	AS	S	A	AS	S	A	AS	S
TP	*	*	*	*	*	*	*	*	*	ns	*	*	*	*	*
OP	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
GG	ns	*	*	ns	*	ns	*	*	ns	ns	*	ns	*	ns	ns
EA	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	ns	*	*	*
AP	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
ET*AP	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
ICP	*	*	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	*	*
ICP2	*	*	*	ns	ns	*	ns	*	ns	ns	ns	ns	*	*	*
DEL	ns	ns	ns	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
DEL2	*	*	*	*	*	*	*	*	*	ns	*	*	*	*	*
DEL3	*	*	*	*	*	*	*	*	*	ns	ns	*	*	*	*

A - Raça Alpina; AS - Raças Alpina e Saanen; S - Raça Saanen; * Significativo a 5% de probabilidade; ns - não significativo.

Diversos fatores que podem influenciar a produção de leite são comentados por Barbosa et al. (1999), sendo o ano de parto, estação de parto, idade da vaca ao parto, grupo genético, duração do período de lactação e o touro os mais estudados. E outros como sexo do bezerro, origem do reprodutor, variedade da pelagem e causa do encerramento da lactação, sendo fatores menos testados. O sexo dos filhotes é mais utilizado em bovinos. Em caprinos, partos com dois a três filhotes são muito frequentes, sendo o fator tipo de parto (TP) mais comumente utilizado, tal fator corresponde ao número de animais nascidos vivos.

A duração e causa do encerramento da lactação podem ser testadas quando se analisa a PLAC, mas não se aplicam quando se considera a PLDC. Vasconcellos et al. (2003), trabalhando com a PLAC em bovinos mestiços criaram classes de duração da

lactação. Entretanto a inclusão da duração da lactação no modelo de avaliação pode não ser adequada, pois a relação causal entre estas características pode não existir, e simplesmente ambas serem influenciadas pelos mesmos fatores, devendo estes serem incluídos no modelo.

A contagem de células somáticas no leite (CCS) é um importante indicador de qualidade do leite e de sanidade do úbere, sendo uma característica utilizada por algumas empresas para remuneração do leite. No entanto, Pereira et al. (2008a) encontraram estimativas de herdabilidade iguais a zero. Sendo assim, a CCS deve ser reduzida através de melhorias nas práticas de manejo, já que não são esperados ganhos por melhoramento genético, e por isso essa característica não foi considerada nesse trabalho.

Silva et al. (2009) encontraram efeito da raça (Toggenburg, Mestiças, Alpina, Saanen e Alpina Americana) e do ano de parição (2004 a 2008) sobre a PLDC, mas não encontraram efeito da ordem de parto. Entretanto, tais resultados devem ser considerados com cautela devido ao baixo número de animais e grande desbalanceamento entre as classes dos efeitos.

Outros fatores como a ICC e idade da cabra no rebanho (ICR) podem influenciar a produção de leite no dia do controle, mas não foram avaliados, pois explicam a mesma variação de outros fatores analisados conjuntamente. A ICC não pode ser utilizada em análises da PLAC, já para a PLDC, a variação deste fator pode ser explicada pela ICP em conjunto com o número de dias em lactação. A variação da PLDC explicada pela ICR pode ser comparada com a explicada pela ICP, dias em lactação e grupo contemporâneo em conjunto.

Os fatores OP, ICP e ICC apresentam sobreposição da influência sobre as características analisadas, não sendo conveniente utilizar mais do que um destes fatores em uma mesma análise. Em geral espera-se que a ordem de parto promova menor correção de desvios não genéticos em relação à ICP, que além de estar relacionada à ordem de parto, possui capacidade mais ampla e modelada de correção. Espera-se também que a ICC seja um fator de correção melhor que a ICP em análises da produção no dia do controle, pois além de representar a idade ao parto soma este valor com dias em lactação, considerando variações dentro do período de lactação. Entretanto, espera-se melhor correção e melhor contraste com outros trabalhos utilizando o número de dias em lactação, que em modelos de regressão aleatória é utilizada como variável controle. Neste caso a ICC não deve ser utilizada, pois prejudicaria a análise por corrigir parte do efeito da variável controle.

A Tabela 2 mostra que ocorreram alterações nos fatores que influenciaram significativamente as características estudadas em relação às raças Saanen e Alpina. O que indica problemas em se avaliar conjuntamente os animais destas duas raças e que os efeitos fixos a serem utilizados nas avaliações das duas raças são distintos.

Os efeitos de ano e estação e a interação entre eles foram significativos para todas as características indicando que este efeito deve ser incluído no modelo. Entretanto estes efeitos podem ser combinados, o que pode ocasionar redução da multicolinearidade da matriz de incidência dos efeitos fixos durante avaliações genéticas utilizando a metodologia de modelos mistos, bem como reduzirá a dimensão da mesma e do número de parâmetros a serem estimados, o que facilita a resolução do sistema de equações. O efeito de ano-estação está associado às alterações climáticas e variações do regime alimentar dos animais, segundo Brito et al. (2009), a variação da pluviosidade entre e dentro dos anos estudados causa variações no desempenho por meio da estacionalidade na disponibilidade de alimentos, em termos qualitativos e quantitativos.

Geralmente a criação da variável Ano-Estação ocorre conforme o cálculo tradicional exemplificado na Figura 1, entretanto neste sistema existe o inconveniente de que informações coletadas dentro da estação de chuvas do início de um ano serem agrupadas com informações coletadas na estação das águas do final do ano, sendo que uma mesma estação apresenta características mais específicas do que um ano, devendo-se dividir os anos e não as estações. No sistema alternativo a estação é tida como prioridade em relação ao ano, conforme exemplificado na Figura 1.

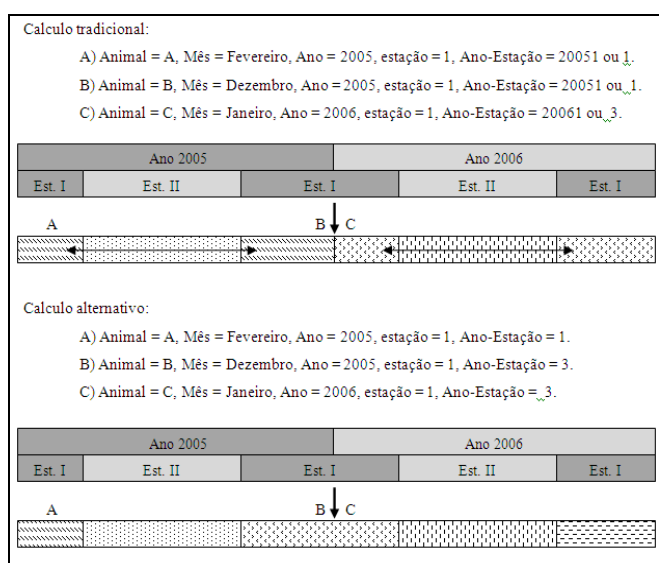


Figura 1: Esquema tradicional e alternativo para o cálculo da variável ano-estação.

As correlações entre as características analisadas estão expressas na Tabela 3, para a raça Alpina acima da diagonal principal e para a raça Saanen abaixo da diagonal principal. É possível perceber que em geral não ocorreram diferenças de grande magnitude entre as correlações indicando que o relacionamento entre as características segue a mesma tendência nas duas raças estudadas. As correlações negativas entre a PLDC e os teores de proteína, gordura e extrato seco total mostram que o aumento da PLDC não implica em aumento proporcional de todos os componentes do leite, ocorrendo um efeito de diluição de alguns componentes no leite o que causa redução na porcentagem destes componentes. A alta correlação entre o GOR e o EST existe pois o GOR é o maior e mais variável componente do EST, havendo uma relação de dependência.

Tabela 3: Correlação fenotípica entre as características analisadas para animais da raça Alpina (acima da diagonal principal) e Saanen (abaixo da diagonal principal).

	PLDC	PROT	GOR	LAC	EST
PLDC	-	-0,21	-0,17	0,21	-0,15
PROT	-0,21	-	0,35	-0,15	0,58
GOR	-0,15	0,25	-	0,00	0,89
LAC	0,31	-0,09	0,09	-	0,27
EXT	-0,09	0,47	0,92	0,34	-

As Tabelas 4, 5, 6, 7 e 8 apresentam testes de média da característica PLDC em função dos fatores ordem de parto (OP), tipo de parto (TP), estação do ano (EA), ano do controle (ANO) e grupamento genético (GG), respectivamente, utilizando o arquivo completo (AS). Os resultados expressos são interessantes do ponto de vista de se conhecer melhor o rebanho e como os diferentes fatores afetam a produção, de forma a permitir um melhor controle das variações ambientais.

Segundo Ribeiro (1997), as menores produções de leite ocorrem na primeira lactação e há uma tendência de aumento até os 4 ou 5 anos de idade da cabra, correspondendo ao 3º e 4º partos.

De acordo com Carvalho et al. (2001), o aumento da produção de leite de acordo com a idade, deve-se ao desenvolvimento fisiológico até a maturidade, pois animais mais jovens possuem necessidade nutritiva dirigida a três funções, o crescimento, a lactação e a manutenção. A capacidade orgânica, digestiva, cardiorrespiratória e o

funcionamento da glândula mamária estão plenamente desenvolvidos em animais adultos, nesta fase a nutrição supre os processos de manutenção, reprodução e produção.

Tabela 4: Estatística descritiva da PLDC em função da ordem de parto, utilizando o arquivo AS.

OP	Número	Média
1	35007	2,03a
2	23108	2,02a
3	13383	1,98a
4	5902	1,86b
5	2525	1,86b
6	561	1,68c

Médias com letras iguais não diferem estatisticamente entre si pelo teste Tukey ao nível de 5% de probabilidade.

Entretanto, os resultados encontrados neste trabalho divergem desta filosofia, o que pode estar relacionado com a doença AEC (artrite encefalite caprina), que ocorre no rebanho analisado, sendo bem combatida nos estágios iniciais da vida dos animais através do tratamento do leite e separação dos animais por idades. Práticas de inseminação artificial, separação de cabras em produção conforme a ordem de lactação e realizar a ordenha de cabras mais jovens primeiro, são práticas que podem reduzir a incidência desta doença em um rebanho.

Tabela 5: Estatística descritiva da PLDC em função do tipo de parto, utilizando o arquivo AS.

TP	Número	Média
0	7035	2,82a
1	35880	1,86d
2	34233	1,96c
3	3338	2,14b

Médias com letras iguais não diferem estatisticamente entre si pelo teste Tukey ao nível de 5% de probabilidade.

Apesar dos filhotes serem separados das cabras logo após o nascimento, o efeito tipo de parto influenciou todas as características. As possíveis causas estão ligadas ao desenvolvimento dos fetos em contraste com a estimulação hormonal, que varia conforme o número destes. Segundo Sands e McDowell (1987), o tipo de parto pode afetar a produção de leite futura, pois está relacionado com os hormônios lactogênio placentário, progesterona e prolactina, circulantes durante a gestação, que estimulam a glândula mamária e diferem em quantidade conforme o tipo de gestação.

A maior produção de cabras que não pariram nenhum filhote vivo pode estar associada a não necessidade de nutrição do feto no estágio final da gestação, período em que é exigido mais da cabra, pode ocorrer também reabsorção uterina parcial dos fetos. A causa também pode estar associada ao fato de que gestações com tipo de parto zero ocorrem mais frequentemente em cabras primíparas que neste rebanho apresentaram maior produção.

A variável, estação foi criada com base em separar os registros de produção em dois períodos no ano, a estação chuvosa e a estação de seca. De acordo com os dados pluviométricos e de temperatura para o município de Viçosa-MG, obtidos em Rodrigues et al. (2010), a melhor divisão seria do mês de abril a setembro período de seca e nos demais meses período de chuva, tal divisão influenciou significativamente todas as características, exceto LAC para a raça Saanen.

Pela Tabela 6 é possível perceber que a produção de leite foi maior na estação seca em relação à estação chuvosa. Tal fato pode estar ligado à maior ocorrência de enfermidades tais como mamite e linfadenite no período chuvoso, devido à maior umidade e temperatura, que favorecem patógenos. Barbosa et al. (1999), trabalhando com a PLAC, também encontraram resultados superiores para produção de leite de cabras que pariram na estação seca, como a maior produção se concentra próximo ao parto e durante os picos de lactação as cabras são mais sensíveis, desta forma acredita-se que os motivos da diferença da produção de leite sejam os mesmos.

Tabela 6: Estatística descritiva da PLDC em função da estação, utilizando o arquivo AS.

Estação	Número	Média
Seca	35685	2,06
Chuvosa	44801	1,95

As médias são estatisticamente diferentes ao nível de 5% de significância, pelo teste F.

Os resultados obtidos na tabela 7, indicam que as práticas de melhoramento e manejo do rebanho não estão alcançando resultados satisfatórios. Reforçando a importância de se desenvolver mais trabalhos na área de melhoramento genético de caprinos de aptidão leiteira.

Tabela 7: Estatística descritiva da PLDC em função do ano da medição, utilizando o arquivo AS.

ANO	Número	Média
1998	2434	2,43b
1999	5029	3,26a
2000	3854	2,34c
2001	5301	2,27d
2002	7913	2,00f
2003	7941	1,79g
2004	6610	1,65h
2005	6885	1,58i
2006	8406	1,58i
2007	7845	2,01ef
2008	7830	2,02ef
2009	7427	2,07e
2010	3011	1,76g

Médias com letras iguais não diferem estatisticamente entre si pelo teste tukey ao nível de 5% de probabilidade.

O grupamento genético não influenciou todas as características em ambas as raças, Brito et al. (2009) encontraram efeito significativo do efeito de grupamento genético apenas para a porcentagem de gordura, os autores atribuíram os resultado ao fato de a maior parte dos animais serem de raças de aptidão leiteira (Alpina e Saanen).

A Tabela 8 mostra resultados interessantes de heterose para animais com grau de sangue próximo de 3/4 Alpina e 9/16 Alpina, entretanto estes resultados devem ser tratados com cautela, pois podem estar sendo influenciados pelo grande número de fatores desbalanceados que atuam sobre a PLDC. Outra consideração importante sobre a tabela 8 é que indica que os animais da raça Alpina produziram mais que animais da raça Saanen, o que contradiz a maior parte dos trabalhos de literatura que indicam a raça Saanen como mais produtiva. Barbieri et al (1990), na região nordeste, encontraram valores de PLDC de 2,3 e 1,6 kg/dia para as raças Saanen e Alpina respectivamente. Soares Filho et al. (2001), no Distrito Federal encontraram valores de PLDC de 2,34, 2,01 e 1,7 kg/dia para as raças Saanen, Alpina e Toggenburg, respectivamente. Este resultado pode estar relacionado com o material genético da raça Alpina adquirido para

o rebanho estudado ser de melhor qualidade do que o da raça Saanen ou à melhor adaptação do sangue Alpino às condições locais.

Tabela 8: Estatística descritiva da PLDC em função do grupamento genético, utilizando o arquivo AS

GG	Descrição	Número	Média
1	Alpino > 90%	22856	2,01cd
2	90% ≥ Alpino > 80%	11374	2,17b
3	80% ≥ Alpino > 70%	7783	2,31a
4	70% ≥ Alpino > 60%	3609	1,94d
5	60% ≥ Alpino > 50%	4725	2,36a
6	Saanen > 90% = 6	26797	1,77f
8	80% ≥ Saanen > 70%	1212	1,86f
10	60% ≥ Saanen > 50%	2130	1,85c

Médias com letras iguais não diferem estatisticamente entre si pelo teste tukey ao nível de 5% de probabilidade.

A ICP não foi significativa para todas as características, possivelmente devido à parte da variação ocasionada por esta variável ser explicada pela ordem de parto, a maior concentração dos dados em idades mais jovens também pode ter influenciado em parte os resultados. Santana Júnior et al. (2008) e Tholon et al. (2000) acreditam que a ICP não teve influência sobre as características estudadas devido ao grande número de cabras primíparas que integraram os bancos de dados com que trabalharam. Ribeiro (2008) justifica de forma semelhante e segundo o autor a concentração de cabras jovens (1º e 2º parto) no plantel não permitiram que o efeito da ICP fosse evidenciado.

PLDC tendeu a aumentar à medida que a ICP crescia, ocorrendo o contrário em relação à OP, o que é teoricamente contraditório. Isto pode estar ligado a problemas de multicolinearidade gerados pela análise conjunta destes fatores, em que a OP corrige parte do efeito da ICP. Se maiores intervalos entre partos reduzem o desgaste dos animais, também contribuem para que cabras mais velhas produzam mais em relação a cabras mais novas para uma mesma ordem de parto, já que este efeito também foi incluído no modelo. Existe uma tendência de se utilizar apenas a covariável ICP em avaliações genéticas da PLDC, evitando o uso da OP, isto porque que a ICP corrige os efeitos da OP e variações, dentro de uma mesma ordem de parto, ocasionadas por idades diferentes. Esta escolha reduz o tamanho da matriz de incidência dos efeitos fixos e pode contribuir para redução da multicolinearidade da mesma, desta forma, pode contribuir com a precisão e acurácia das avaliações genéticas.

A PLDC apresentou pico de produção em média aos 38 dias do início da lactação com ponto de inflexão próximo aos 150 dias. O número de dias em lactação é um dos fatores mais importantes quando se analisa a PLDC, devendo ser incluída como covariável de grau 3 em avaliações da PLDC em *test days models* e é utilizada como variável controle em modelos de regressão aleatória, podendo os graus deste fator que apresentarem efeito significativo através do método de mínimos quadrados em conjunto com a estimativa do erro do modelo indicar o grau mais adequado para a curva fixa de modelos de regressão aleatória utilizando polinômios ortogonais.

Conclusões

Existe variação quanto aos fatores que influenciaram significativamente cada característica estudada. E alterações nos fatores que influenciaram significativamente cada característica em relação às raças Alpina e Saanen.

Para proceder adequadamente uma avaliação genética deve se levar em conta as características avaliadas e o modelo de análise bem como se proceder uma avaliação prévia dos fatores que influenciam as características analisadas e devam ser incluídos como fatores de correção no modelo.

Referências Bibliográficas

- Barbieri, M. E.; Vasconcelos, A. S. E.; Simplício, A. A.; et al. **Avaliação produtiva de cabras leiteiras das raças Saanen, Parda Alpina e Anglo-Nubiana.** In: Reunião Annual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 27, 1990, Campinas. Anais...Piracicaba: SBZ, 1990. p.408
- Barbosa, P. F.; Cruz, G. M.; Costa, J. L.; Rodrigues, A. A. Causas de variação da produção de leite em um rebanho da raça Holandesa em São Carlos, SP. **Revista Brasileira de Zootecnia.** v.28, n.5, p.974-981, 1999.
- Brito, L. F.; Silva, F. G.; Angelini, M. S.; Menezes, G. R. O; Pereira, J. R.; Melo, A. L. P.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T. **Fatores ambientais e genéticos que influenciam os teores dos componentes do leite de caprinos da raça Saanen.** Zootec. Águas de Lindóia - SP, 2009.
- Barbosa, P. F.; Cruz, G. M.; Costa, J. L.; Rodrigues, A. A. Causas de variação da produção de leite em um rebanho da raça Holandesa em São Carlos, SP. **Revista Brasileira de Zootecnia.** Viçosa-MG, v.28, n.5, p.974-981, 1999.

- Bohland, E.; D'Angelino, J. L. Artrite encefalite caprina: avaliação dos aspectos produtivos e reprodutivos de animais infectados e não infectados. **Braz. J. Vet. Res. Anim. Sci.** v.42 n.2 São Paulo 2005
- Carvalho, G.; Freitas, A. F.; Valente, J.; Azevedo, P. C. N. Fatores de ajustamento da produção de leite, de gordura e de proteína para idade em bovinos mestiços europeu-zebu. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia.** v.53, n.6, p.714-719, 2001.
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE, Censo Agropecuário 1940/2006. Até 1996 dados extraídos de: Estatística do Século XX. Rio de Janeiro: IBGE, 2007.
- Lara, M. C. C. S. H.; Birgel Junior, E. H.; Gregory, L.; Birgel, E. H. Aspectos clínicos da artrite-encefalite dos caprinos. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.** Belo Horizonte - MG. V.57. N.6. A.2005.
- Pereira, R. J.; Melo, A. L. P.; Santana Júnior, M. L.; Brito, L. F.; Angelini, M. S.; Menezes, G. R. O.; Silva, F. G.; Costa, E. V.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T. **Parâmetros genéticos para composição do leite e contagem de células somáticas de caprinos da raça Alpina.** In: VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. São Carlos, SP. 10 e 11 de junho de 2008a. 4p.
- Pereira, R. J.; Santana Júnior, M. L.; Melo, A. L. P.; Menezes, G. R. O.; Costa, E. V.; Silva, F. G.; Brito, L. F.; Angelini, M. S.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T. **Fatores ambientais que influenciam características produtivas de cabras da raça Pardo Alpina.** In: VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. São Carlos, SP. 10 e 11 de junho de 2008b. 4p.
- Prata, L. F.; Ribeiro, A. C.; Rezende, K. T.; Carvalho, M. R. B.; Ribeiro S. D. A.; Costa, R. G. Composição, perfil nitrogenado e características do leite caprino (Saanen). Região sudeste, Brasil. **Ciência e Tecnologia de Alimentos.** vol. 18, n.4, p.1-8, Campinas, SP. Oct./Dec. 1998.
- Ribeiro, A. C. **Estudo dos efeitos genéticos e de ambiente sobre características de importância econômica em caprinos da raça Saanen.** Jaboticabal, 1997. 116p. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária. Universidade Estadual Paulista.
- Rodrigues, J. M.; Rodrigues, R. A.; Justino, F. B.; Costa, L. C.; Amorim, M. C. **Sociedade & Natureza.** Uberlândia-MG, 22 (3). 593-610, dez. 2010.
- Sands, M.; McDowell, R. E. **The potential of the goat for Milk production in the tropics.** Ithaca: Cornell University, 1978. 39p.

- Santana Júnior, M. L.; Melo, A. L. P.; Pereira, R. J.; Silva, F. G.; Veroneze, R.; Brito, L. F.; Menezes, G. R. O.; Angelini, M. S.; Torres, R. A.; Rodriguês, M. T. **Influência de fatores ambientais na porcentagem dos componentes do leite de caprinos da raça Alpina.** In: VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. São Carlos - SP, 10 a 11 de julho de 2008.
- SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide.** Version 9.1 ed. Cary: SAS Institute, USA, 2003.
- Silva, E. R. V.; Menezes, A. T.; Oliveira Filho, J. P. Artrite encefalite caprina. **Revista Científica Eletrônica de Medicina Veterinária.** Publicação Científica da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia de Garça/FAMED. Ano III, número 6, janeiro de 2006.
- Silva, V. N.; Rangel, A. H. N.; Braga, A. P.; Maia, M. S.; Medeiros, H. R. Influência da raça, ordem e ano de parto sobre a produção de leite caprino. **Acta Veterinária Brasilica.** v.3, n.4, p.146-150, 2009.
- Soares Filho, G.; McManus, C.; Mariante, A. S. Fatores genéticos e ambientais que influenciam algumas características de reprodução e produção de leite em cabras no distrito federal.
- Tholon, P.; Queiroz, S. A.; Ribeiro, A. C.; Resende, K. T.; Ribeiro, D. A. Estudo genético quantitativo da produção de leite em caprinos da raça Saanen. **Archivos Latinoamericanos Producción Animal.** v.9, p.1-5, 2001.
- Vasconcellos, B. F.; Pádua, J. T.; Muñoz, M. F. C.; Tonhati, H. Efeitos genéticos e ambientais sobre a produção de leite, o intervalo de partos e a duração da lactação em um rebanho leiteiro com animais mestiços, no Brasil. **Revista Univ. Rural. Sér. Vida.** Seropédica - RJ, EDUR, v.23. n. 1. jan-jun. 2003. p. 39-45.

CAPÍTULO 2

Modelos de regressão aleatória utilizando polinômios ortogonais de Legendre para avaliação da produção de leite de cabras Alpinas

Resumo: Com o objetivo de identificar o melhor modelo de regressão aleatória (MRA) utilizando polinômios ortogonais de Legendre (POL) para se avaliar geneticamente caprinos da raça Alpina e estimar parâmetros para a produção de leite no dia do controle (PLDC), foram utilizados 20.710 registros da PLDC de 667 cabras pertencentes ao setor de caprinocultura da Universidade Federal de Viçosa. Os modelos testados continham combinações de distintas ordens de ajustes para os polinômios das curvas fixa (2 a 5), genética aleatória (1 a 7) e ambiente permanente (1 a 7) e número de classes de variâncias residuais (2, 4, 5 e 6). Os critérios para escolha dos modelos foram logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita, critério da informação de Akaike, critério da informação Bayesiano, teste da razão de verossimilhança (TRV) e número de condição. O programa WOMBAT foi utilizado em todas as análises genéticas. O MRA utilizando POL mais indicado para avaliação genética da PLDC de caprinos da raça Alpina é o que considera a curva fixa de ordem 4, a curva de efeitos genéticos aditivos de ordem 2, a curva de efeitos de ambiente permanente de ordem 7 e ao menos 5 classes de variância residual, por ser o modelo mais parcimonioso dentre os que se igualam ao modelo completo pelo TRV. As variâncias fenotípicas e as herdabilidades foram maiores no final da lactação, indicando que a duração da lactação dos animais possui maior componente genético em relação ao pico de produção e persistência. É de extrema importância para a avaliação genética utilizando modelos de regressão aleatória, proceder a avaliação da melhor combinação das regressões fixa, genética aditiva e de ambiente permanente e número de classes de variância residual heterogênea. Assim aumenta-se a precisão e acurácia das estimativas de parâmetros e predição de valores genéticos.

Palavras-chave: grupamentos genéticos, heterogeneidade de variâncias, seleção de modelos.

CHAPTER 2

Random regression models using orthogonal Legendre polynomials to evaluate the production of Alpine goat milk

Summary: In order to identify the best random regression model (MRA) using orthogonal Legendre polynomials (POL) to evaluate genetically Alpine breed goats and estimate parameters for milk production on the control (PLDC), were used PLDC 20,710 records of 667 goats belonging to the goat industry, Federal University of Viçosa. The models contained combinations of settings for different orders of polynomials of fixed curves (2-5), random genetic (1-7) and permanent environmental (1-7) and number of classes of residual variances (2, 4, 5 and 6). The criteria for selection of the logarithm of the models were restricted maximum likelihood function, Akaike information criterion, Bayesian information criterion, the likelihood ratio test (TRV) and condition number. The program WOMBAT was used in all genetic analysis. The MRA using POL most suitable for genetic evaluation of PLDC Alpine goat breed is what he considers the fixed curve of order 4, the curve of additive genetic effects of order 2, the curve of permanent environmental effects of order and at least 7 5 classes of residual variance, as the more parsimonious model among those that are equal to the full model by TRV. The phenotypic variances and heritabilities were higher in late lactation, indicating that the duration of lactation of the animals has a greater genetic component from the peak of production and persistence. It is of utmost importance for the genetic evaluation using random regression models, to assess the best combination of regressions fixed, additive genetic and environmental Permanent and number of classes of heterogeneous residual variance. This considerably increases the accuracy and precision of parameter estimates and prediction of breeding values.

Keywords: genetic groups, heterogeneity of variances, selection of models.

Introdução

As técnicas de seleção de caprinos de aptidão leiteira estão em constante progresso. A seleção dos animais já foi calcada em aspectos morfológicos pouco relacionados à produção de leite, até que produtores mais organizados passaram a utilizar, sob a metodologia de seleção individual, a característica produção de leite acumulada (PLA), que consiste em uma característica estimada com base nos valores da produção de leite no dia do controle (PLDC).

Nas últimas décadas com o advento da metodologia de modelos mistos (Henderson, 1949) e melhoria dos recursos computacionais, a seleção através da melhor predição linear não-viesada trouxe grande progresso genético aos programas de melhoramento. Modelos de repetibilidade e multicaracterísticos trouxeram vantagens ao considerarem mais de uma lactação na mesma análise.

Henderson Jr. (1982) demonstrou o emprego de Modelos de Regressão Aleatória (MRA) associados à metodologia de modelos mistos, adequada para avaliação de dados longitudinais, possibilitando a seleção de caprinos de aptidão leiteira pela PLDC ao invés da PLA, o que traz vantagens na modelagem dos dados e não exige a estimação da característica a ser avaliada. Segundo Araújo et al. (2006), Ptack e Schaeffer (1993) foram os primeiros a utilizarem MRA em avaliações genéticas da PLDC, utilizando dados do Quebec Dairy Herd Analysis Service.

Desde então diversos trabalhos têm sido desenvolvidos para se definir o melhor MRA para avaliar caprinos de diferentes raças em diferentes rebanhos, estimar parâmetros genéticos e estudar o comportamento da curva de produção de leite. Menezes et al. (2008a), trabalhando com caprinos da raça Saanen, testaram diferentes adaptações do modelo de Wilmink e, Menezes et al. (2010), compararam os dois melhores modelos utilizando funções de Wilmink com quatro modelos utilizando polinômios ortogonais de Legendre. Os autores encontraram que o melhor modelo, em relação a todos os critérios avaliados, foi o que utilizou polinômios ortogonais de Legendre, empregando terceira ordem para a curva fixa, quarta ordem para a curva da variância genética aditiva e sexta ordem para a curva de ambiente permanente, além de considerar seis classes de variâncias residuais.

Freitas et al. (2008) trabalharam com polinômios ortogonais de Legendre, função de Wilmink e função paramétrica de Ali e Schaeffer para a PLDC de vacas Guzerá. Dentre os modelos estudados, o pior ajuste foi fornecido pela função de Wilmink, e o melhor pela função de Ali e Schaeffer. Entretanto, os autores relataram

dificuldade de convergência nas análises utilizando esta função e recomendaram a utilização de um polinômio ortogonal de Legendre de ordem quatro por apresentar o segundo melhor ajuste, de acordo com o critério da informação Bayesiano e por não apresentar dificuldades de convergência.

Objetivou-se com este trabalho definir o melhor MRA utilizando polinômios ortogonais de Legendre para se avaliar geneticamente caprinos da raça Alpina e estimar parâmetros para a PLDC.

Material e Métodos

Foram utilizados dados da PLDC provenientes do setor de caprinocultura da Universidade Federal de Viçosa (Viçosa, MG). Após edição e verificação de erros no banco de dados restaram 20710 registros de PLDC de 667 primeiras lactações de cabras da raça Alpina. Os animais foram criados em sistema de estabulação livre e receberam alimentação à base de silagem de milho e feno, como volumoso, e mistura concentrada, fornecida conforme a necessidade nutricional dos animais.

Os controles leiteiros foram realizados semanalmente em ordenha mecânica, realizada duas vezes ao dia. A coleta na parte da manhã teve início às seis horas e coleta na parte da tarde teve início às quatorze horas. A PLDC representa a soma do leite coletado nestes dois períodos.

Os modelos testados continham combinações de distintas ordens de ajuste para os polinômios das curvas, fixa (F₋), genética aleatória (A₋) e de ambiente permanente (EP₋), além do número de classes de variâncias residuais (H₋). Por exemplo, um modelo com regressão fixa de ordem 4, regressão genética aditiva de ordem 3 e regressão de ambiente permanente de ordem 6, além de considerar a variância residual heterogênea contendo 5 classes, pode ser resumido pelo código F4A3EP6H5. O modelo animal unicaracterístico de regressão aleatória, é descrito de forma generalizada como:

$$y_{ij} = EF_i + \sum_{m=0}^{k_b-1} b_m \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_\alpha-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_\gamma-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}) + \varepsilon_{ij}$$

em que: y_{ij} corresponde à produção de leite no controle j da cabra i ; EF_i consiste no conjunto de efeitos fixos, constituído do grupamento genético (Alpina > 90% = 1; 90% ≥ Alpina > 80% = 2; 80% ≥ Alpina > 70% = 3; 70% ≥ Alpina > 60% = 4; 60% ≥ Alpina > 50% = 5), ano-estação e tipo de parto. A idade da cabra ao parto foi incluída como covariável, com efeitos linear e quadrático; b_m é o coeficiente de regressão m da PLDC

sobre o polinômio de Legendre para modelar a curva média da população; α_{im} e γ_{im} são os m coeficientes de regressão genéticos aditivos e de ambiente permanente, respectivamente, para a cabra i ; k_b, k_α, k_γ são os graus dos polinômios ortogonais de Legendre; t_{ij} é a variável controle, semana de lactação da cabra i padronizada para o intervalo de -1 a 1 conforme descrito por Kirkpatrick et al. (1990); $\Phi_m(t_{ij})$ é a função polinomial de Legendre para o parâmetro m avaliada para a idade t_{ij} ; e ε_{ij} consiste nos efeitos específicos à cada observação não explicados pelos fatores de correção nem pelas regressões do modelo.

Neste trabalho, os critérios para escolha dos modelos foram: logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita (**LogL**), critério da informação de Akaike modificado (**AICm**), critério da informação Bayesiano modificado (**BICm**), teste da razão de verossimilhança (**TRV**), convergência através do algoritmo AI-REML e número de condição (**NC**) inferior a 100 para as regressões genética aditiva e de ambiente permanente. Outros critérios, inclusive um índice combinatório de critérios, podem ser vistos em Liu et al. (2006).

O AIC pode ser calculado da seguinte forma: $AIC = -2\text{Log}L + 2p$, onde p é o número de parâmetros no modelo. Mais detalhes podem ser encontrados em Akaike (1973). O BIC pode ser calculado da seguinte forma: $BIC = -2.\ln L + p.\ln(N-r)$, onde p refere-se ao número de parâmetros do modelo, N indica o número total de informações e r consiste no posto da matriz X (matriz de incidência dos efeitos fixos). Mais detalhes podem ser vistos em Schwarz (1978). O TRV pode ser realizado da seguinte forma: $TRV = -2[\ln L_1 - \ln L_2]$. Mais detalhes podem ser vistos em RAO (1973). Ainda ressalta-se que os AICs e BICs que serão apresentados neste trabalho estarão modificados (AICm e BICm) através da multiplicação pelo termo $(-1/2)$, pois isto faz com que estes critérios fiquem em escala semelhante ao LogL e com que o maior valor corresponda ao melhor modelo, o que facilita a comparação dos modelos e comportamento dos critérios frente a alterações nos modelos. O número de condição pode ser obtido da seguinte forma: $NC = \lambda_{\max} / \lambda_{\min}$, que consiste na divisão do maior pelo menor autovalor associados aos parâmetros. Resultados altos indicam problemas de multicolinearidade. Mais detalhes podem ser vistos em Montgomery e Peck (1981).

O programa WOMBAT, Meyer (2006-2009), foi utilizado em todas as análises genéticas, fornecendo as estimativas dos parâmetros e valores necessários para o cálculo dos critérios de escolhas dos modelos.

Liu et al. (2006) descrevem o resíduo como: efeitos não correlacionados entre e dentro de indivíduos. Isto implica que tais efeitos são pontuais a uma medição, não sendo influenciados por medições adjacentes, entretanto existem fatores que podem influenciar a variância residual, sendo mais comumente relatado o efeito de escala.

Entretanto, como o efeito de escala não é o único fator, pode-se utilizar a variância fenotípica da característica, pois além de ser influenciada por efeitos de escala, em geral espera-se que o fenótipo seja um bom representante da variação residual, haja vista que a variância residual é relativamente mais alta do que a variância genética aditiva em características de interesse econômico em animais domésticos. Este conceito foi utilizado na separação da variância residual em diferentes classes, expressas na Figura 1.

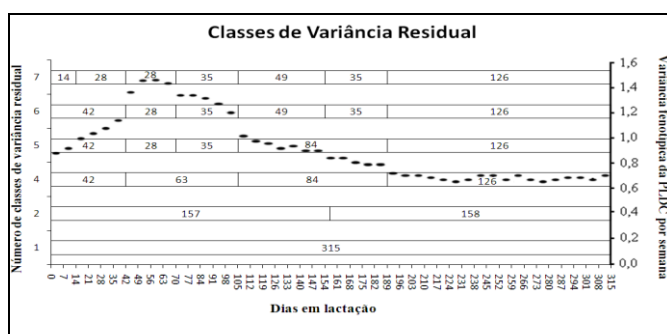


Figura 1: Divisão da variância residual em 2, 4, 5, 6 e 7 classes, utilizando a variância fenotípica.

Resultados e Discussão

Os resultados do LogL, AICm e BICm em função do número de classes de variância residual e dos graus dos polinômios para os efeitos genético aditivo, ambiente permanente e curva fixa estão expressos nas Figuras 2, 3 e 4 respectivamente. Através destas figuras é possível perceber que alterações nas ordens das regressões das partes genética e de ambiente permanente resultaram em maiores incrementos no LogL, AICm e BICm, sendo os incrementos cada vez menores com o aumento da ordem. Enquanto incrementos na curva fixa e no número de classes de variâncias residuais mostraram menores aumentos nos critérios utilizados.

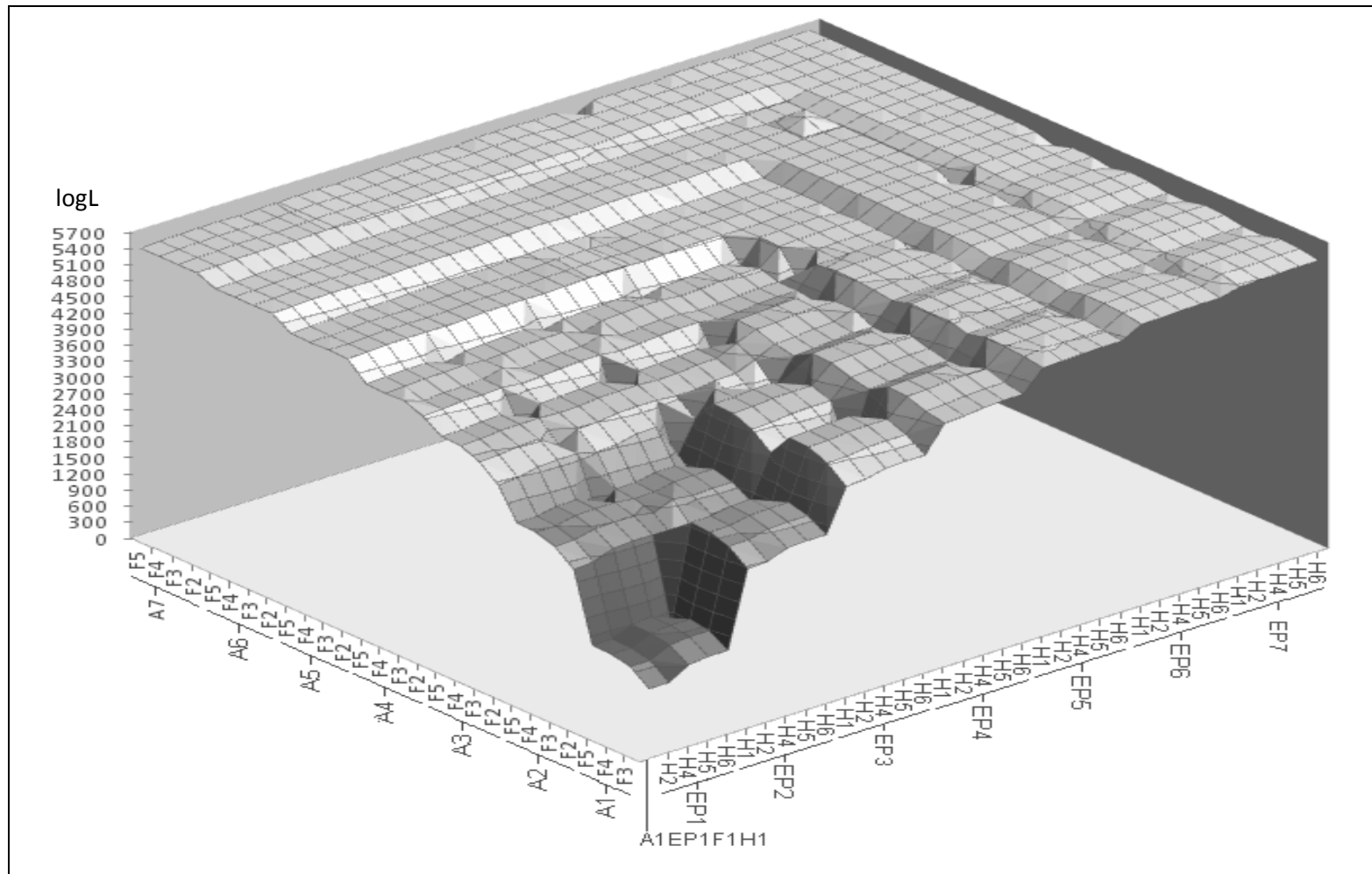


Figura 2: Resultados do logaritmo da função de máxima verossimilhança em função do número de classes de variância residual (H) e dos graus dos polinômios para os efeitos genético aditivo (A), ambiente permanente (EP) e regressão fixa (F).

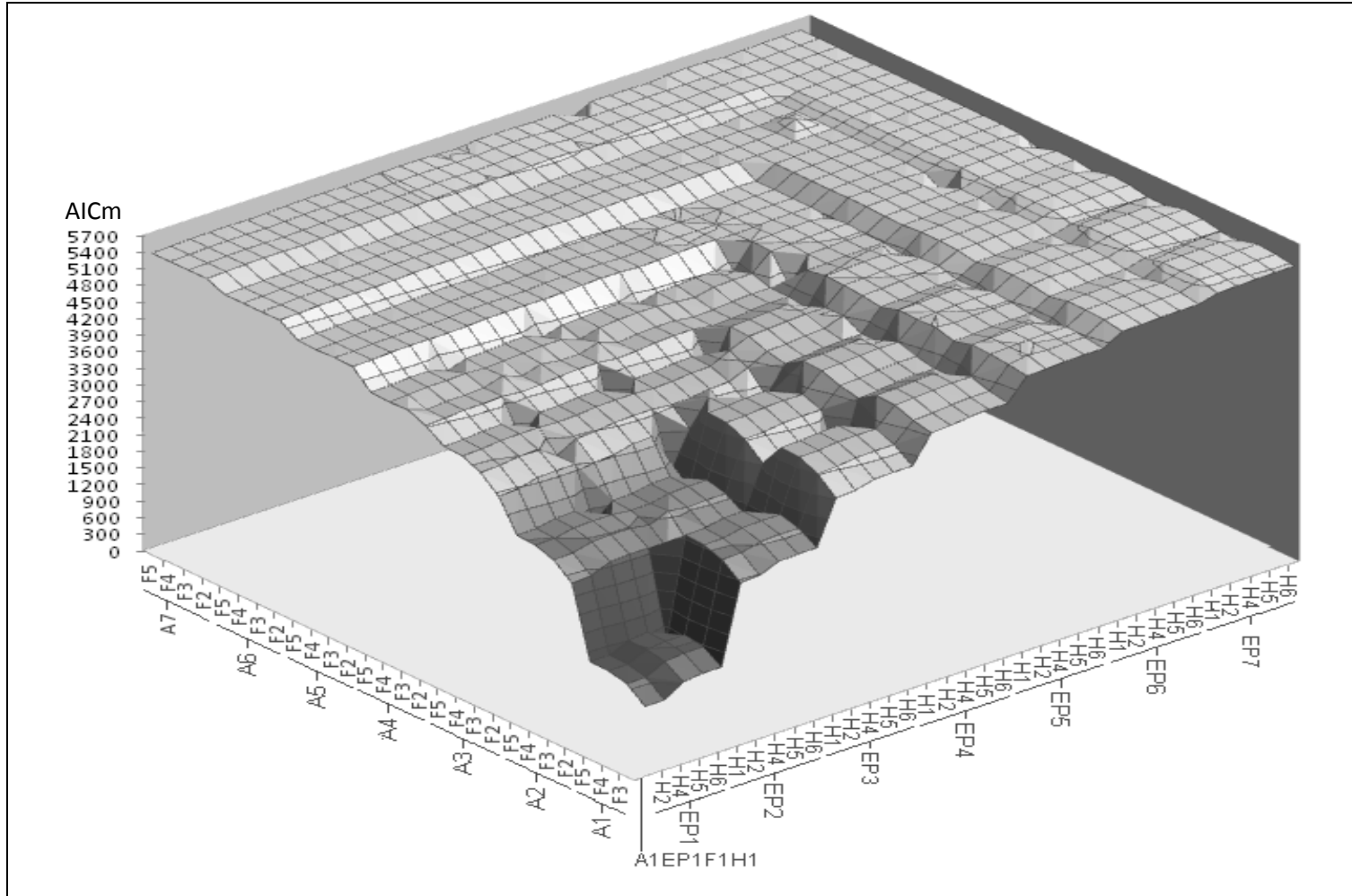


Figura 3: Resultados do critério da informação de Akaike modificado ($AIC_m = -1/2.AIC$) em função do número de classes de variância residual (H) e dos graus dos polinômios para os efeitos genético aditivo (A), ambiente permanente (EP) e regressão fixa (F).

Através destas Figura também é possível perceber que houveram efeitos negativos de interação entre as ordens de ajustes das regressões genética e de ambiente permanente. Este fato pode estar ligado à dificuldade de separar a variância genética da variância de ambiente permanente. Esta tarefa pode ser complicada, já que os efeitos genéticos da curva de produção de leite de um animal são estimados não só com base na informação de seus parentes, mas também considerando as informações do próprio indivíduo.

Em geral modelos de maior ordem para a regressão dos efeitos genético em relação à ordem da regressão dos efeitos de ambiente permanente apresentaram estimativas de herdabilidades mais altas ao longo da curva de produção, o que não indica que estes modelos sejam os mais adequados pois as estimativas podem estar equivocadas, não corrigindo corretamente as variações ambientais sobre o indivíduo e atribuindo as mesmas como efeitos genéticos.

Os modelos com ordens das regressões genética e de ambiente permanente maiores e mais próximas, tiveram maior dificuldade de convergir, sendo que nos modelos mais parametrizados só foi possível alcançar a convergência através do algoritmo PX-EM (Parameter Expanded Expectation Maximization) proposto por Meyer (2006).

Segundo Foulley e Van Dyk (2000), em modelos de regressão aleatória, o algoritmo EM (Expectation-Maximization) proposto por Dempster et al. (1977), pode convergir para resultados diferentes de acordo com os valores de partida utilizados, mas algoritmos PX-EM são além de mais rápidos, mais confiáveis em análises utilizando MRA.

Segundo Misztal (2008), em muitos modelos, a convergência utilizando o algoritmo AI-REML (Average Information) é atingida em apenas algumas rodadas, no entanto, valores de partida ruins, podem inviabilizar a convergência, ou encontrar estimativas ruins, inclusive fora do espaço paramétrico. Desta forma, análises que convergiram através do algoritmo PX-EM, e utilizavam as estimativas como valores de partida para o algoritmo AI-REML, mas não convergiram, podem indicar que as estimativas foram ruins.

Os resultados do teste da razão de verossimilhança ($P < 0,01$) são apresentados na Figura 5 com a indicação dos modelos que foram estatisticamente iguais ao modelo completo (F5A7EP7H6), com seus respectivos números de parâmetros. De acordo com os resultados do teste, 25 modelos, dentre os 980 modelos avaliados, foram estatisticamente iguais ao modelo completo. Destes 25 modelos recomenda-se utilizar o

F4A2EP7H5 por ser o mais simples e ter convergido facilmente pelo algoritmo AI-REML, sem exigir muito em relação à qualidade dos valores de partida.

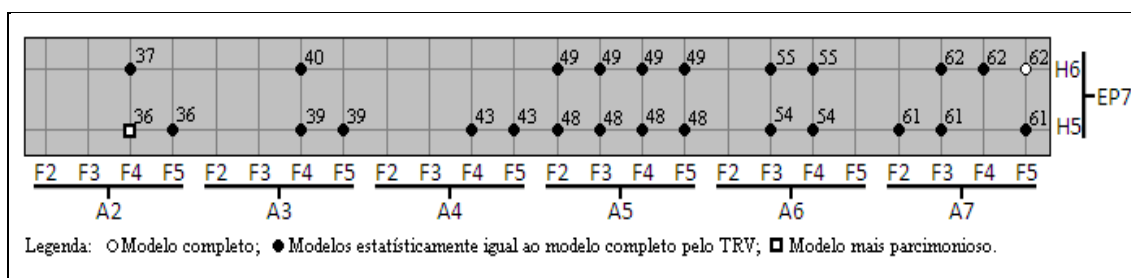


Figura 5: Resultado o teste da razão de verossimilhança, indicando o modelo completo, os modelos estatisticamente iguais ao modelo completo e dentre estes representado de forma distinta dos demais o modelo mais parcimonioso.

Estes resultados divergem de Sarmento et al. (2006) trabalhando com cabras da raça alpina deste mesmo rebanho coletados entre 1997 e 2004. Os autores indicaram que o modelo de quinta ordem para o efeito genético aditivo e de sétima ordem para o efeito de ambiente permanente como o melhor. Entretanto, sugerem que a utilização de um modelo menos parametrizado, de quarta ordem para o efeito genético aditivo e de sexta ordem para o efeito de ambiente permanente, apresentaria resultados semelhantes.

A Figura 6 apresenta as variâncias fenotípicas, de ambiente permanente, genética aditiva e residual em função do número de dias em lactação para o modelo F4A2EP7H5.

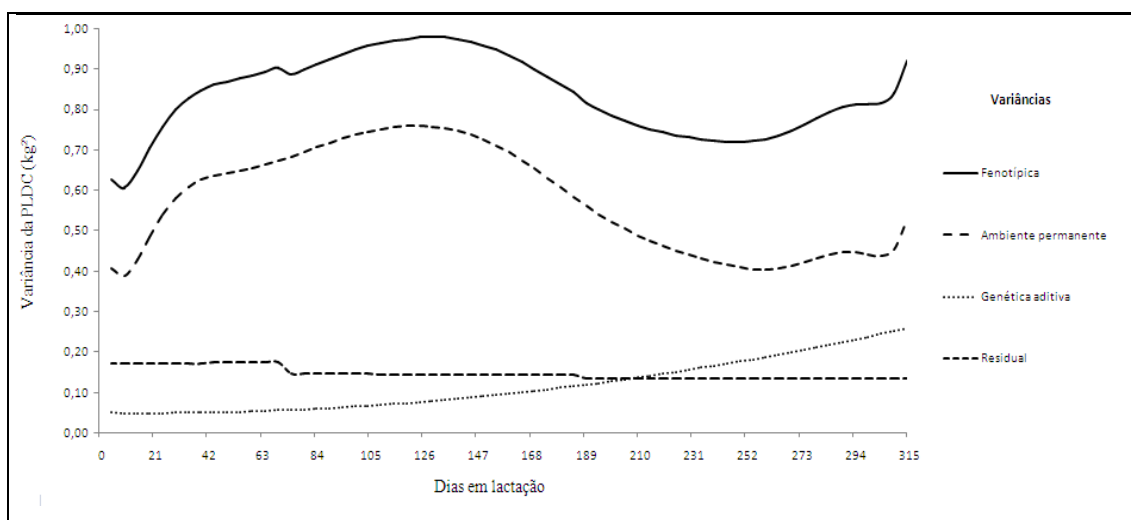


Figura 6: Variâncias fenotípicas, de ambiente permanente, genética aditiva e residual, em função do número de dias em lactação para o modelo F4A2EP7H5.

Os resultados indicam maior variância de ambiente permanente próximo ao ponto de inflexão da curva de lactação ao invés de próximo ao pico, que seria esperado por efeito de escala. Este resultado indica que os períodos e intensidades de declínio da

curva de lactação são muito suscetíveis às condições do meio. Por outro lado, a variância genética aditiva foi baixa até o ponto de inflexão da curva de lactação. Esses resultados corroboram com Menezes et al. (2008b), que avaliaram diferentes medidas de persistência da lactação de cabras da raça Saanen utilizando modelos de regressão aleatória e os resultados indicaram baixa herdabilidade para todas as medidas avaliadas.

A variância genética aditiva aumentou conforme o número de dias em lactação, sendo baixa no início da lactação e média no final, o que indica a existência de maior variabilidade genética quanto à duração da lactação do que quanto a própria produção em si. A herdabilidade apresentou comportamento semelhante ao da variância genética aditiva, sendo maior no terço final da lactação, contrastando com os resultados encontrados por Menezes et al. (2010), que encontraram maiores valores de variância genética aditiva e herdabilidade no início da curva de lactação e maiores valores de ambiente permanente no final da lactação, utilizando o modelo F3A4EP6.

Sarmento et al. (2008) relataram estimativas de herdabilidades mais altas no meio da curva de lactação. Segundo eles, existe maior suscetibilidade dos animais às variações ambientais nos controles do início e final da lactação. Além disto, constataram que a modelagem do efeito de ambiente permanente pode interferir na modelagem do efeito genético aditivo. Mais do que isto, existe um conflito entre as estimações destes efeitos, pois embora o valor genético também seja influenciado pelas informações de parentes, as informações mais expressivas de um indivíduo são as coletadas nele mesmo. Tais informações são também utilizadas para estimar o efeito de ambiente permanente. Isto ocasiona problemas de multicolinearidade, graus mais altos para a regressão genética, aumentam também a multicolinearidade entre parâmetros da regressão de ambiente permanente e vice-versa.

De forma geral, foi possível observar que entre as curvas genética aditiva e de ambiente permanente, a utilização de maiores graus para uma em relação a outra, resulta também em efeitos relativamente maiores, e que o uso do mesmo grau para as duas curvas dificulta a convergência das análises e reflete negativamente nos critérios de escolha dos modelos. Aumentos no grau da curva fixa e no número de classes de variância residual ocasionam menores problemas nas análises, mas refletem em pequena melhoria da qualidade do modelo em relação a aumentos no número de parâmetros das curvas genética aditiva e de ambiente permanente, conforme pode ser visto nas Figuras 2, 3 e 4.

A multicolinearidade pode prejudicar as estimativas dos parâmetros da regressão, sendo seu diagnóstico útil para detectar problemas em modelos de análises

muito parametrizados. Hoerl e Kennard (1970) demonstraram que o efeito da multicolinearidade afeta a distância entre o estimador de mínimos quadrados ($\hat{\beta}$) e o parâmetro (β). Cruz e Carneiro (2006) mostram alguns métodos para detecção de multicolinearidade, que são: métodos informais, análise dos elementos da matriz de correlações, exame do determinante da matriz de correlações e análises dos autovalores e autovetores.

A Tabela 1 mostra os valores das correlações entre os parâmetros das regressões das partes, genética aditiva (acima da diagonal principal) e de ambiente permanente (abaixo da diagonal principal). É possível perceber que não houve nenhuma correlação de grande magnitude, sendo um indício de que não existem problemas de multicolinearidade, embora esta possa existir sem causar problemas nas estimativas dos parâmetros sem causar correlação de grande magnitude entre os mesmos.

Tabela 1: Correlações entre os parâmetros das regressões das partes, genética aditiva (acima da diagonal principal) e de ambiente permanente (abaixo da diagonal principal)

Coeficientes	1	2	3	4	5	6	7
1	1	0,6986	-	-	-	-	-
2	-0,2334	1	-	-	-	-	-
3	-0,5667	0,2881	1	-	-	-	-
4	0,3435	-0,3747	-0,1763	1	-	-	-
5	0,0798	-0,0867	-0,4176	0,0387	1	-	-
6	0,0134	-0,2461	-0,0261	-0,2029	-0,2960	1	-
7	-0,0743	0,1942	-0,0871	-0,0827	-0,2275	-0,1126	1

O determinante de uma matriz de correlações varia de zero a um, sendo que valores próximos de zero indicam dependência linear entre o conjunto de variáveis. Para a matriz de correlações entre os parâmetros genéticos e de ambiente permanente os determinantes foram aproximadamente 0,51 e 0,21, respectivamente, o que não indica que o modelo não apresenta problemas em relação à multicolinearidade.

Os valores do número de condição para as regressões genética aditiva e de ambiente permanente são 10,5 e 85, respectivamente, indicando efeito fraco da multicolinearidade.

Os resultados das correlações genéticas e de ambiente entre diferentes dias em lactação variaram de 0,98 a 1,00 sendo, em geral, ainda maiores no final da lactação. Tais resultados indicam que a seleção dos animais para a produção de leite em um dia

qualquer da curva de lactação trará respostas positivas para todos os demais pontos da curva. Neste caso, o ponto de maior herdabilidade seria o mais adequado para se praticar a seleção, pois proporcionaria maior resposta correlacionada (Falconer, 1981) para todos os outros pontos, já que a correlação genética também não varia muito. Entretanto a seleção utilizando resposta correlacionada pode perder a eficiência com o passar do tempo, principalmente por efeito de crossing-overs.

Existe outra forma de se praticar a seleção utilizando os resultados de modelos de regressão aleatória, que é feita com base no cálculo da área abaixo da curva genética de cada animal, selecionando os animais com maiores valores genéticos para toda a lactação. Tal prática pode trazer vantagens, mas é dificilmente aplicada por ser muito trabalhosa. Entretanto a opção 5 do programa RENPED (ANEXO 1) realiza este cálculo de forma simples, inclusive utilizando diretamente o arquivo RnSoln.dat do WOMBAT e fornecendo em poucos segundos os resultados da área abaixo da curva genética aditiva de cada animal.

Conclusões

O MRA utilizando POL mais indicado para avaliação genética PLDC de caprinos da raça Alpina no rebanho avaliado foi o que considerou a curva fixa de ordem 4, a curva de efeitos genéticos aditivos de ordem 2, a curva de efeitos de ambiente permanente de ordem 7 e ao menos 5 classes de variância residual.

Estudos visando a escolha do melhor modelo de análise previamente às avaliações genéticas são muito importantes, pois permitem obter estimativas de parâmetros e predição de valores genéticos mais precisos e acurados.

Referências Bibliográficas

- Akaike, H. **Information theory and an extension of the maximum likelihood principle**. Proceedings of 2nd International Symposium on Information Theory, Budapest, Hungary, 1973. p.267-281.
- Araújo, C. V.; Torres, R. A.; Costa, C. N.; Torres Filho, R. A.; Araújo, S. I.; Lopes, P. S.; Regazzi, A. J.; Pereira, C. S.; Cobuci, J. A.; Sarmento, J. L. R. **Uso de funções ortogonais para descrever a produção de leite no dia de controle pro meio de modelos de regressão aleatória**. Revista Brasileira de Zootecnia. v.35, n.3 p.967-974, 2006.

- Cruz, C. D.; Carneiro, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa-MG, editora UFV, 2ª edição. 585 p. 2006.
- Dempster, A. P., Laird, N. M. and Rubin, D. B. 1977. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. **J. Roy. Stat. Soc. B** 39:1-38.
- Falconer, D. S. Introdução à Genética Quantitativa. Viçosa, MG: UFV, 1981, 279 p. (Tradução: Silva, M. A. & Silva, J. C.)
- Foulley J. L., Van Dyk D. A. The PX-EM algorithm for fast stable fitting of Henderson's mixed model. **Genet. Sel. Evol**, v.32, p.143-163. 2000.
- Freitas, L. S.; Silva, M. A.; Verneque, R. S.; Santos, G. G.; Corrêa, G. S.; Valente, B. D.; Peixoto, G. C. D.; Ventura, R. V. **Comparação de modelos de regressão aleatória, para avaliação genética da produção de leite no dia do controle de vacas Guzerá**. In: VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. São Carlos - SP. 10 e 11 de junho de 2008.
- Henderson Jr., C. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, Nonhomogeneous and random regression. **Biometrics**, v.38, p.633-40,1982.
- Henderson, C. R. Estimates of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science**, 32:706. 1949.
- Hoerl, A. E.; Kenard, R. W. Ridge Regression: Applications to Nonorthogonal Problems. **Technometrics**, Vol. 12, No. 1. (Feb., 1970), pp. 69-82.
- Hoerl, A. E.; Kenard, R. W. Ridge regression: iterative estimation of the biasing parameters. **Communications in Statistics - Theory and Methods**, V5, issue 1, p77-78, 1976.
- Kirkpatrick, M.; Lofsvold, D.; Bulmer, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.24, n.3, p.979-993, 1990.
- Liu, Y. X.; Zhang, J.; Schaeffer, L. R.; Yang, R. Q.; Zhang, W. L. Short Communication: Optimal Random Regression Models for Milk Production in Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**. 89:2233-2235.
- Menezes, G. R. O.; Brito, L. F.; Melo, A. L. P.; Silva, F. G.; Angelini, M. S.; Costa, E. V.; Sarmiento, J. L. R.; Torres, R. A.; Rodrigues M. T.; Lopes, P. S. **Comparação de modelos de regressão aleatória utilizados na avaliação da produção de leite em cabras da raça Saanen**. In: VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. São Carlos - SP. 10 e 11 de junho de 2008a.
- Menezes, G. R. O.; Melo, A. L. P.; Brito, L. F.; Angelini, M. S.; Costa, E. V.; Silva, F. G.; Sarmiento, J. L. R.; Torres, R. A.; Rodrigues M. T.; Lopes, P. S. **Avaliações e diferentes medidas da persistência da lactação de cabras da raça Saanen**

- utilizando modelos de regressão aleatória.** In: VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. São Carlos - SP. 10 e 11 de junho de 2008b.
- Menezes, G. R. O; Caetano, G. C.; Brito, L. F.; Silva, F. G.; Melo, A. L. P.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T. **Estudo da produção de leite em cabras da raça Saanen utilizando modelos de regressão aleatória.** In: VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal - Melhoramento Animal: UMA VISÃO CRÍTICA. Maringá, PR. 01 e 02 de julho de 2010.
- Meyer, K. WOMBAT - A program for Mixed Model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. Manual Version 1.0, p.77 2006-2009.
- Meyer, K. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML, J. Zhejiang Uni. SCIENCE B 8: 815-821. 2007.
- Meyer, K. PX x AI: Algorithmic for better convergence in restricted maximum likelihood estimation. Proceedings of the Eighth World Congresso n Genetic Applied to Livestock Production, communication no. 24-15. 2006.
- Misztal, I. Realiabile computing in estimation of variance components. **Journal of Animal Breeding and Genetes**, v.125, p.363-370. 2008. ISSN 0931-2668.
- Montgomery, D. C.; & Peck, E. A. Introduction to linear regression analysis. New York, John Wiley & Sons, 1981. 504 p.
- Ptak, E., Schaeffer, L.R. 1993. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. *Lvstck. Prod. Sci.*, 34(1-2):23-34.
- Rao, C.R. *Linear statistical inference and its aplications*. 2.ed. New York: John Wilwy & Sons. p.417-420. 1973.
- Sarmiento, J. L. R.; Albuquerque, L. G.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T.; Lopes, P. S.; Reis Filho, J. C. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.10, p.1788-1796, 2008.

CAPÍTULO 3

Avaliação genética de cabras da raça Alpina utilizando diferentes intervalos de controles leiteiros

Resumo: Com o objetivo de comparar os resultados de avaliações genéticas utilizando diferentes intervalos de controles leiteiros, de forma a reduzir os custos de controle da produção de leite sem prejudicar a qualidade das avaliações genéticas dos animais, foram utilizados dados da produção de leite no dia do controle (PLDC) provenientes do setor de caprinocultura da Universidade Federal de Viçosa (Viçosa, MG). Após edição e verificação de erros no banco de dados, restaram 20.710 registros de PLDC de 667 primeiras lactações de cabras da raça Alpina, constituindo o arquivo completo (i7), com intervalos de controles de sete dias. Do arquivo completo foram excluídas informações de semanas específicas de forma a criar arquivos de dados com intervalos de controles de 15, 21 e 28 dias, chamados de i15, i21 e i28, respectivamente. O programa RENPED foi utilizado para recodificar o pedigree e arquivo de dados, e corrigir erros do pedigree e o programa WOMBAT para as avaliações genéticas dos quatro arquivos. Os critérios de comparações dos resultados das análises foram: logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita, duração das análises em segundos (T), correlações de Pearson (r_p) e Spearman (r_s) e porcentagem de descarte em comum (PDC) entre as áreas abaixo da regressão de valores genéticos dos animais. De forma geral, são recomendados intervalos entre controles de sete dias para programas de melhoramento e criatórios com alto nível de tecnificação. Em criatórios com nível médio a baixo de tecnificação, menor tamanho efetivo e variabilidade genética, dependentes de material genético externo para melhoria genética, intervalos de controles de 14 e 21 dias podem trazer resultados satisfatórios combinados com menor custo de coleta de dados.

Palavras-chave: polinômios de Legendre, correlação de Spearman, porcentagem de descarte em comum

CHAPTER 3

Genetic evaluation of Alpine goats using different intervals of milk control

Abstract: The objective was to compare the results of genetic evaluations using different intervals Between milk control in order to discover Reduce production costs without harming the genetic quality evaluation. Data of daily milk production (**PLDC**) from goat herd of Universidade Federal de Viçosa, (Viçosa, MG, Brazil) were used. After editing and checking errors in the database, remained PLDC 20,710 records of first lactation of 667 Alpine goats, constituting a complete file (**i7**), with weekly control intervals. The complete archive had excluded specific information to data files created with controls intervals of 14, 21 and 28 days, called i14, i21 and I28, respectively. The software RENPED was used to recode the file and pedigree data, alpha numeric, and correct errors of the pedigree and the program WOMBAT has been used in genetic evaluations of the four files. The criteria for comparisons of the analysis's results were: the logarithm of the function of restricted maximum likelihood analysis of the duration in seconds(**T**), Pearson correlations (r_p), Spearman correlations (r_s), percentage of discard in common (**PDC**) between areas below the curve of breeding values. In general controls are recommended intervals of seven days of breeding programs and for farms with high technical level, 14 days for farms with average level of technological and farms for 21 days with low technical level.

Key words: Legendre polynomials, percentage of discard in common, Spearman correlation

Introdução

A principal característica mensurada em caprinos de aptidão leiteira é a produção de leite no dia do controle (**PLDC**), que consiste na soma das produções das ordenhas realizadas em um mesmo dia. A coleta de dados da PLDC em intervalos curtos implica em aumento dos custos de mão-de-obra qualificada e traslado de pessoal, enquanto intervalos muito distantes contribuem para perda de qualidade nas avaliações genéticas dos animais.

Cardoso et al. (2005) realizaram um estudo detalhado dos custos de diferentes esquemas de controles leiteiros de vacas no estado de São Paulo. Tais esquemas compararam intervalos mensais, bimensais e trimestrais. Os custos de coleta de dados e amostras do leite, análises dos componentes e traslado são focos da discussão. De forma geral, mostraram que a redução do custo pode ser feita através da adoção de esquemas com maiores intervalos entre controle, rebanhos maiores possuem menor custo unitário e o preço do leite é importante fator na escolha do esquema.

A algumas décadas, a PLDC tem sido utilizada para estimar a produção de leite acumulada (**PLA**), a qual é avaliada através de diversos algoritmos computacionais empregando a metodologia de modelos mistos (Henderson, 1949). Mais recentemente a PLDC tem sido utilizada de forma mais direta na seleção de caprinos de aptidão leiteira, através do uso de modelos de regressão aleatória (**MRA**), propostos por Henderson Jr. (1982). O uso de MRA traz vantagens na modelagem, por aproveitar melhor as informações, ser menos sensível a perda de dados, considerar as variações de produção dentro da lactação e trabalhar com maior número de informações, possibilitando obter estimativas de parâmetros e predição de valores genéticos mais precisos e acurados, resultando em maiores ganhos genéticos.

De acordo com Brito et al. (2010), a realização do controle leiteiro não é uma prática comum em criatórios brasileiros de caprinos, devido aos custos. Outros fatores são a instabilidade da atividade com grande oscilação da demanda e do preço do leite, a dificuldade, por parte dos criadores, de utilizarem estes dados para seleção dos animais e a não visualização de resultados a curto e médio prazos, desestimula grande parte dos criadores de caprinos a realizarem esta prática.

Embora o uso de modelos de regressão aleatória para avaliações genéticas da PLDC forneçam estimativas mais seguras do que análises da produção de leite acumulada, a escolha dos melhores animais com base em parâmetros da curva gerada é difícil de ser feita. A utilização do valor genético no ponto de maior herdabilidade, da

curva de lactação, como critério de seleção apresenta redução na eficiência da resposta correlacionada para os períodos complementares, de acordo com a teoria apresentada por Falconer (1981), devido a redução da correlação genética determinada por genes ligados. Uma alternativa interessante aos métodos comuns é a seleção dos animais através do uso da área abaixo regressão dos desvios genéticos aditivos, específica para cada animal, dentro do intervalo adequado ao sistema de produção do rebanho avaliado.

Objetivou-se com este trabalho comparar os resultados de avaliações genéticas utilizando diferentes intervalos entre controle, de forma a se obter uma opção que reduza os custos sem prejudicar a qualidade das avaliações genéticas dos animais.

Material e Métodos

Foram utilizados dados da PLDC provenientes do setor de caprinocultura da Universidade Federal de Viçosa (Viçosa, MG). Os animais foram criados em sistema de estabulação livre e receberam alimentação à base de silagem de milho e feno, como volumoso, e mistura concentrada, fornecida conforme a necessidade nutricional dos animais.

Os controles leiteiros foram realizados semanalmente em ordenha mecânica, realizada duas vezes ao dia. A coleta na parte da manhã teve início às seis horas e coleta na parte da tarde teve início às quatorze horas. A PLDC representa a soma do leite coletado nestes dois períodos.

Após edição e verificação de erros no banco de dados restaram 20.710 registros de PLDC de 667 primeiras lactações de cabras da raça Alpina, constituindo o arquivo completo (**i7**), com intervalos entre controles de sete dias. Do arquivo completo foram excluídas informações de semanas específicas de forma a criar arquivos de dados com intervalos entre controles de 15, 21 e 28 dias, chamados de **i15**, **i21** e **i28** respectivamente. O programa RENPED (manual no apêndice 1 e código fonte no apêndice 2), foi utilizado para recodificar o pedigree e arquivo de dados e corrigir erros do pedigree e o programa WOMBAT (Meyer, 2006-2009) para as avaliações genéticas dos animais nos quatro arquivos.

Para a análise de todos os arquivos foi utilizado o mesmo modelo animal unicaracterístico de regressão aleatória, com polinômios ortogonais de Legendre para as regressões fixa, genética aditiva e de ambiente permanente de ordens 4, 2 e 7, respectivamente, além de 5 classes de variâncias residuais. Conforme descrito a seguir:

$$y_{ij} = EF_i + \sum_{m=0}^{4-1} b_m \Phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{2-1} \alpha_{im} \Phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{7-1} \gamma_{im} \Phi_m(t_{ij}) + \varepsilon_{ij}$$

, em que: y_{ij} corresponde a produção de leite no controle j da cabra i ; EF_i consiste no conjunto de efeitos fixos, constituído do grupamento genético (Alpina > 90% = 1; 90% ≥ Alpina > 80% = 2; 80% ≥ Alpina > 70% = 3; 70% ≥ Alpina > 60% = 4; 60% ≥ Alpina > 50% = 5), estação-ano (estação chuvosa de outubro a março e seca nos demais meses, combinadas com os anos de 1998 até 2010) e tipo de parto (0 a 3 filhotes) e a idade da cabra ao parto foi incluída como covariável, com efeitos linear e quadrático; b_m é o coeficiente e regressão m da PLDC sobre o polinômio de Legendre para modelar a curva média da população; α_{im} e γ_{im} são os m coeficientes de regressão genético aditivos e de ambiente permanente, respectivamente, para a cabra i ; 4, 2 e 7 são as ordens dos polinômios ortogonais de Legendre; t_{ij} é a variável controle, semana de lactação da cabra i padronizada para o intervalo de -1 a 1 conforme descrito por Kirkpatrick et al. (1990); $\Phi_m(t_{ij})$ é a função polinomial de Legendre para o parâmetro m avaliada para a idade t_{ij} ; e ε_{ij} consiste nos efeitos específicos à cada observação não explicados pelos fatores de correção nem pelas regressões do modelo.

Os critérios de comparação entre os intervalos entre controles foram: logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita e número de condição para as regressões genéticas (**NCGA**) e de ambiente permanente (**NCAP**), duração das análises em segundos (**T**), correlações de Pearson (r_p) e Spearman (r_s) e porcentagem de descarte em comum (**PDC**) entre as áreas abaixo da curva de valores genéticos dos animais.

O número de condição consiste na divisão do maior pelo menor autovalor associado aos parâmetros, resultados altos indicam problemas de multicolinearidade. Mais detalhes podem ser vistos em Montgomery e Peck (1981).

Para obter a PDC, foram definidos níveis de descarte de 10%, 20%, 30% e 40%, gerando quatro critérios de comparação $PDC_{10\%}$, $PDC_{20\%}$, $PDC_{30\%}$ e $PDC_{40\%}$, os animais foram avaliados geneticamente utilizando o programa WOMBAT (Meyer, 2006-2009) quatro vezes, uma para cada arquivo (i7, i14, i21 e i28). A área abaixo da curva genética de cada animal, para os períodos de 7 a 210 dias e de 7 a 290 dias (definidos no anexo 3) foi calculada a partir do arquivo de saída do WOMBAT, RnSoln_animal.dat, utilizando o programa RENPED, gerando valores genéticos acumulados (a210 e a290). Foram separados os animais de valor genético acumulado

mais baixo dentro do nível de descarte analisado, e foi calculada a porcentagem de animais em comum entre os arquivos após realizar esta prática.

Resultados e Discussão

A Tabela 1 apresenta o número de registros de PLDC, logL, NCGA, NCEP e T. As durações de todas as análises foram curtas, indicando que nenhum dos arquivos possuía volume de dados que pudesse inviabilizar análises utilizando o modelo F4A2EP7H5. Os resultados do LogL indicam que ocorre o incremento do mesmo proporcionalmente ao volume de dados analisados e que a utilização de intervalos entre controles diferentes de 7 ocasionará estimativas menos precisas e acuradas dos valores genéticos dos animais. O NCGA indica multicolinearidade forte na regressão genética aditiva da análise do arquivo i28 e fraca nas demais análises. O NCEP da análise do arquivo i28 não pode ser obtido por falta de precisão na estimativa do menor autovalor indicado como zero. Para as demais análises, a multicolinearidade foi forte e tendeu a aumentar conforme o aumento do intervalo entre controles.

Tabela 1: Número de registros (NR), LogL, NCGA, NCGP e T para as análises dos arquivos i7, i14, i21 e i28.

Arquivo	NR	NCGA	NCGP	LogL	Tempo(s)
i7	20670	12,23	109,60	5518,98	18,16
i14	10168	12,57	263,32	1812,54	09,17
i21	6839	20,32	449,12	536,58	08,41
i28	3290	200,22	*	200,22	10,86

*Não calculável; N = número de registros utilizados; s = segundos.

A Tabela 2 apresenta as estatísticas descritivas dos valores genéticos acumulados a210 e a290 para os arquivos i7, i14, i21 e i28. As médias, as amplitudes e os desvios-padrão foram maiores para a290 em relação a a210. O que pode estar relacionado com herdabilidades maiores para as PLDC de 211 à 290 dias ou pode ser ocasionado por problemas de estimação dos valores genéticos mais próximos do final da lactação por menor quantidade de dados neste período.

Tabela 2: Número de animais (NA), mínimo, média, máximo e desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV), para os valores genéticos acumulados (VGA) considerando diferentes intervalos entre controles. ERROR!

Arquivos	VGA	NA	Mínimo	Média	Máximo	DP	CV
i7	a210	905	-110,38	9,79	186,18	50,15	5,12
i7	a290	905	-153,66	13,62	259,20	69,82	5,12
i14	a210	905	-128,81	11,56	186,32	48,39	4,19
i14	a290	905	-179,32	16,09	259,39	67,37	4,19
i21	a210	905	-122,24	10,30	208,09	48,98	4,76
i21	a290	905	-170,18	14,34	289,69	68,19	4,76
i28	a210	905	-155,68	13,13	215,08	52,53	4,00
i28	a290	905	-216,73	18,28	299,42	73,13	4,00

A Tabela 3 apresenta as correlações de Pearson para os valores genéticos acumulados de 7 a 210 dias (acima da diagonal principal) e 7 a 290 dias (abaixo da diagonal principal) entre os quatro intervalos de controles analisados.

Tabela 3: Correlações de Pearson para a característica a210 (acima da diagonal principal) e a290 (abaixo da diagonal principal).

	i7	i14	i21	i28
i7	1	0,9454	0,9016	0,7662
i14	0,9428	1	0,9412	0,8270
i21	0,9043	0,9434	1	0,8362
i28	0,7703	0,8333	0,8359	1

As correlações de Pearson entre os valores genéticos dos animais, obtidos através das análises dos quatro arquivos, indicam as estimativas das correlações genéticas da produção de leite entre os diferentes intervalos entre controles.

Os resultados expressos na Tabela 3 indicam que os animais receberam valores genéticos semelhantes em análises considerando intervalos entre controles de 14 e 21 dias. Os valores genéticos em análises considerando intervalos de 28 dias se afastaram mais dos resultados das outras análises.

A Tabela 4 apresenta as correlações de Spearman para os valores genéticos acumulados de 7 a 210 dias (acima da diagonal principal) e 7 a 290 dias (abaixo da diagonal principal) entre os quatro intervalos de controles analisados.

Tabela 4: Correlação de Spearman para a característica a210 (acima da diagonal principal) e a290 (abaixo da diagonal principal).

	i7	i14	i21	i28
i7	1	0,9317	0,8943	0,7467
i14	0,9317	1	0,9374	0,8120
i21	0,8943	0,9374	1	0,8230
i28	0,7465	0,8119	0,8229	1

As correlações de Spearman entre os valores genéticos dos animais, obtidos através das análises dos quatro arquivos, indica o grau de correspondência entre a classificação dos animais em análises distintas. Esta medida é muito importante quando a classificação de um animal indica não só se este vai ser selecionado ou não para reprodução, mas com qual intensidade ele será utilizado.

As Tabelas 5, 6, 7 e 8 apresentam as porcentagens de descarte em comum considerando 10%, 20%, 30% e 40%, de fêmeas descartadas por ano, respectivamente. Acima e abaixo da diagonal principal estão expressos os resultados para o valor genético acumulado dos 7 aos 210 dias e dos 7 aos 290 dias, respectivamente.

Para ambos os valores genéticos acumulados, as tabelas 5, 6 7 e 8 indicam que o uso de qualquer intervalo diferente de sete dias, prejudicaria a escolha dos melhores animais, entretanto em sistemas de baixa a média tecnificação, intervalos entre controles de 14 e 21, podem ser utilizados para se reduzir os custos do controle da produção.

Tabela 5: Porcentagem de descarte em comum, considerando 10% de fêmeas descartadas por ano, para a210 (acima da diagonal principal e a290 (abaixo da diagonal principal) entre os quatro arquivos analisados.

	i7	i14	i21	i28
i7	-	82,61	69,57	51,09
i14	80,43	-	73,91	56,52
i21	68,48	75,00	-	64,13
i28	50,00	56,52	65,22	-

Tabela 6: Porcentagem de descarte coincidente, considerando 20% de fêmeas descartadas por ano, para a210 (acima da diagonal principal e a290 (abaixo da diagonal principal) entre os quatro arquivos analisados.

	i7	i14	i21	i28
i7	-	81,52	79,35	71,74
i14	79,67	-	90,22	75,00
i21	71,98	83,52	-	73,91
i28	60,99	65,38	70,33	-

Tabela 7: Porcentagem de descarte coincidente, considerando 30% de fêmeas descartadas por ano, para a210 (acima da diagonal principal e a290 (abaixo da diagonal principal) entre os quatro arquivos analisados.

	i7	i14	i21	i28
i7	-	86,55	81,82	64,00
i14	86,55	-	87,27	67,64
i21	81,82	87,27	-	70,55
i28	64,00	67,64	70,55	-

Tabela 8: Porcentagem de descarte coincidente, considerando 40% de fêmeas descartadas por ano, para a210 (acima da diagonal principal e a290 (abaixo da diagonal principal) entre os quatro arquivos analisados.

	i7	i14	i21	i28
i7	-	86,34	82,51	69,13
i14	86,34	-	86,89	70,77
i21	82,51	86,89	-	74,32
i28	69,13	70,77	74,32	-

Na Figura 1 são apresentadas as variâncias fenotípicas, genética aditivas, de ambiente permanente e residuais da produção de leite no dia do controle em função do número de dias em lactação do sétimo até o 290° dia, considerando os diferentes intervalos de controles estudados. Os resultados indicam comportamentos relativamente próximos entre as estimativas de parâmetros da PLDC para i14 e i21 em relação à i7. A maior divergência foi com relação à variância de ambiente permanente do i21 próximo dos 290 dias. As estimativas para i28 são muito distintas das estimativas de i7, i14 e i28, indicando que intervalos de controles grandes prejudicam as estimativas de parâmetros da PLDC.

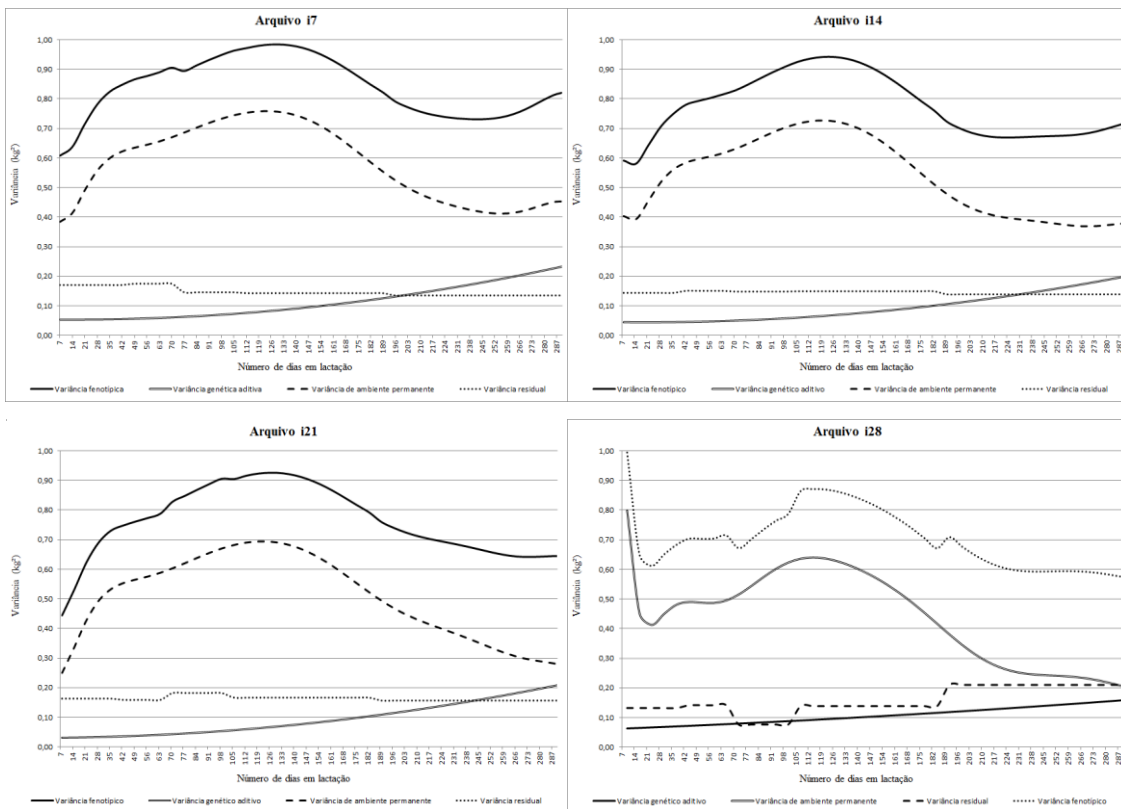


Figura 1: Estimativas das variâncias fenotípicas, genéticas aditivas, de ambiente permanente e residuais para a PLDC utilizando intervalos de controles de 7, 14, 21 e 28 dias, representados pelos arquivos i7, i14, i21 e i28 respectivamente.

Na figura 2 são apresentadas as herdabilidades para PLDC em função do número de dias em lactação, dos 7 aos 290 dias, para os diferentes intervalos entre controles estudados.

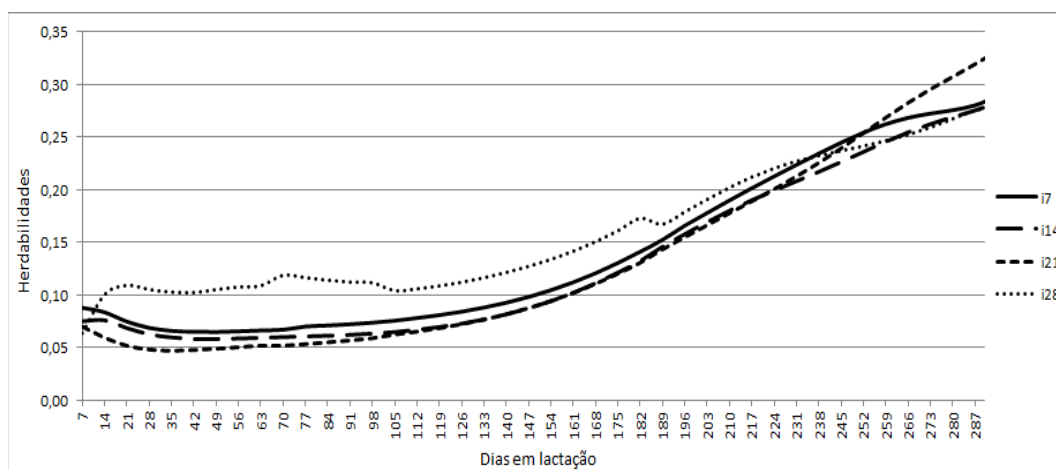


Figura 2: Herdabilidades da PLDC em função do número de dias em lactação considerando diferentes intervalos entre controles leiteiros.

Os resultados mostram comportamentos semelhantes das herdabilidades estimadas para i14 e i21 em relação à i7, até os 210 dias, posteriormente o comportamento do i21 se altera. O comportamento da herdabilidade para o i28 é muito distinto do comportamento do i7, indicando que suas estimativas são instáveis, o que pode estar ligado à baixa precisão e acurácia ocasionada não só pelo menor volume de dados, mas também devido ao maior intervalo entre medições, que reduz principalmente a qualidade das predições dos coeficientes de regressão das curvas de ambiente permanente, que são específicas para cada animal.

Conclusões

Os resultados indicaram que para programas de melhoramento e criatórios com alto nível de tecnificação, intervalos entre controles de sete dias são fundamentais para se realizar análises mais precisas e acuradas. Para criatórios menos tecnificados, os resultados encontrados para intervalos de controles de 14 ou 21 dias indicaram que podem ser uma boa alternativa para reduzir o custo de coleta de dados.

A verificação do melhor intervalo de controle para rebanhos avaliados é fundamental para poder definir

Referências Bibliográficas

- Brito, L. F.; Caetano, G. C.; Pereira, B. M.; Silva, F. G.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T. **Avaliação genética de cabras leiteiras usando intervalos alternativos de controle leiteiro e produções parciais.** RESUMO N°: 1986. Anais do Simpósio de Integração Acadêmica, UFV. 2010.
- Falconer, D. S. Introdução à Genética Quantitativa. Viçosa, MG: UFV, 1981, 279 p. (Tradução: Silva, M. A. & Silva, J. C.).
- Henderson, C. R. Estimates of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science**, 32:706. 1949.
- Henderson Jr., C. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, Nonhomogeneous and random regression. **Biometrics**, v.38, p.633-40,1982.
- Menezes, G. R. O.; Brito, L. F.; Silva, F. G.; Melo, A. L. P.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T. **Avaliação genética de cabras da raça Saanen para produção de leite até 270 dias usando intervalos alternativos de controles leiteiros.** In: 46ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. Maringá-PR. 2009.

- Meyer, K. WOMBAT - A program for Mixed Model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. Manual Version 1.0, p.77 2006-2009.
- Meyer, K. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML, J. Zhejiang Uni. SCIENCE B 8: 815-821. 2007.
- SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. Version 9.1 ed. Cary: SAS Institute, USA, 2003.
- Cardoso, V. L.; Cassoli, L. D.; Guilhermino, M. M.; Machado, P. F.; Nogueira, J. R.; Freitas, M. A. R. Análise econômica de esquemas alternativos de controles leiteiros. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.1, p.85-92, 2005.
- Kirkpatrick, M.; Lofsvold, D.; Bulmer, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.24, n.3, p.979-993, 1990.
- Montgomery, D. C.; e Peck, E. A. Introduction to linear regression analysis. New York, John Wiley & Sons, 1981.504 p.

CONCLUSÃO GERAL

Existe variação quanto aos fatores que influenciaram significativamente cada característica estudada. E alterações nos fatores que influenciaram significativamente cada característica em relação às raças Alpina e Saanen.

Para proceder adequadamente uma avaliação genética deve se levar em conta as características avaliadas e o modelo de análise bem como se proceder uma avaliação prévia dos fatores que influenciam as características analisadas e devam ser incluídos como fatores de correção no modelo.

O MRA utilizando POL mais indicado para avaliação genética PLDC de caprinos da raça Alpina no rebanho avaliado foi o que considerou a curva fixa de ordem 4, a curva de efeitos genéticos aditivos de ordem 2, a curva de efeitos de ambiente permanente de ordem 7 e ao menos 5 classes de variância residual.

Estudos visando a escolha do melhor modelo de análise previamente às avaliações genéticas são muito importantes, pois permitem obter estimativas de parâmetros e predição de valores genéticos mais precisos e acurados.

Quanto a utilização de intervalos de controles para avaliar a produção de leite de caprinos da raça alpina utilizando modelos de regressão aleatória, são recomendados intervalos de controle de sete dias para programas de melhoramento.

APÊNDICE I

Neste apêndice será descrito o programa RENPED, disponível para copia e modificação sob os termos da versão 3 da licença GNU disponíveis em “<http://www.gnu.org/licenses/>”, que foi utilizado para recodificar os arquivos de pedigree e dados, sendo este pequeno manual desenvolvido durante a dissertação de mestrado para ajudar outros pesquisadores.

RENPED - Uma ferramenta para recodificar dados alfa numérico e calcular valores de partida para análises REML

Resumo: A avaliação genética de animais ou estimação de parâmetros genéticos utilizando a metodologia de modelos mistos de Henderson exige do arquivo de pedigree, dados não alfa numérico, ordenados por animal e que o número do animal seja sempre superior ao dos pais, além disso, erros tipicamente encontrados em pedigrees devem ser corrigidos. Animais de médio a grande porte muitas vezes recebem nomes ao invés de números, o que restringe as possibilidades de análises, pois a maioria dos programas que fazem recodificação de pedigrees não trabalha com dados alfa numéricos. Desta forma, o RENPED começou a ser desenvolvido em 2008, com o intuito de se tornar um programa fácil de manusear e que recodifique pedigrees com dados alfa numéricos.

Palavras-chave: C++, correspondência, renumera, relatório de erros

APPENDIX I

This appendix describes the program RENPED, that is able to use and modify under GNU license terms, version 3, available at “<http://www.gnu.org/licenses/>”, which was used to recode the pedigree and data file. This little manual was developed during my master’s degree to help other researchers.

RENPED - A tool to recode alpha numeric data and calculate starting values for REML analysis

Abstract: The genetic evaluation of animals or genetic parameter estimation using Henderson’s Mixed Model Methodology requires pedigree file, not alpha numeric data, sorted by animal and the number of the animal must be always higher than both parents’ number, in addition, errors typically found in pedigrees should be corrected. Animals of medium to large often given names instead of numbers, which restricts the possibilities for analysis, since most programs do not work recoding pedigrees with alpha numeric data. Thus, the RENPED first developed in 2008 with the intention of becoming an easy to handle program that recodes pedigrees with alpha numeric data.

Key words: C++, correspondence, error reporting, renumber

Introdução

A avaliação genética de animais ou estimação de parâmetros genéticos na maior parte das vezes é realizada utilizando-se a metodologia de modelos mistos de Henderson adaptada a diversos modelos por meio de algoritmos computacionais cada vez mais eficientes. Uma característica presente em tais algoritmos é a recursividade nos cálculos da matriz dos coeficientes de parentesco entre os indivíduos que aparecem no arquivo de pedigree ou na obtenção direta da inversa desta matriz. Entretanto tais cálculos exigem a prévia organização do arquivo de pedigree, exigindo não só o ordenamento crescente dos dados pela variável animal, como também exigem que a numeração dos filhos seja sempre superior à dos pais.

Alguns softwares, como o MTDFREML (Boldman et al., 1993) e o WOMBAT (Meyer, 2007), conseguem realizar estas recodificações e reordenações previamente às etapas de cálculo da matriz de parentesco ou sua inversa. Entretanto estes softwares não trabalham com dados alfa numéricos, que são dados que possuem não só números como também letras ou símbolos, situação frequente ao se trabalhar com animais de médio e grande porte, que muitas vezes recebem nomes ao invés de números.

O software REMLF90 consegue trabalhar com dados alfa numéricos, entretanto exige mais informações do que o necessário para quem apenas quer recodificar e renumerar o pedigree, exigindo que o usuário aprenda a trabalhar com seu cartão de parâmetros, sendo o uso deste, complicado.

Outra questão é que este software corrige todos os erros automaticamente contendo rotinas que dão preferência a um determinado tipo de correção, o que pode levar a uma escolha inadequada, ou então podem excluir linhas de dados, o que pode prejudicar as ligações de parentesco no pedigree. Desta forma é interessante que para alguns tipos de erros a correção não seja automática, e sim que o software forneça o local e o tipo de erros para que o usuário decida como corrigi-los, de forma a agilizar inúmeras vezes o processo de correção. Neste caso o usuário poderia optar por excluir uma linha de dados, corrigir uma informação digitada errado, dentre outras alternativas que exigem o senso crítico do pesquisador e seu conhecimento do banco de dados e suas peculiaridades.

A maioria dos softwares que recodificam pedigrees tem outro problema que é trabalhar apenas com o arquivo de pedigrees, exigindo que o pesquisador utilize seus

arquivos de saída para recodificar o arquivo de dados utilizando programas de edição de dados, o que aumenta a dificuldade de uso e o tempo de trabalho dos usuários.

Outro uso de pedigrees recodificados é com análise da endogamia, como por exemplo, no programa ENDOG (Gutiérrez & Goyache,2005) que exige que os dados estejam recodificados e reordenados, ou ao menos recodificados e com a informação de data de nascimento para todos os animais, o que nem sempre é possível.

Uma alternativa para estes problemas é a utilização do software RENPED, que recodifica e renumera dados do pedigree, aceita trabalhar com dados alfa numéricos, corrige apenas o que não necessita do aval do usuário, realiza a localização de erros que devem ser corrigidos pelo usuário, facilitando a correção. O RENPED também é prático e fácil de aprender, e pode ser utilizado em 4 idiomas: o inglês, o português, o espanhol e o francês.

Caracterização

2.1 Interface do usuário

A interface do programa RENPED esta em ambiente DOS, podendo ser acessado de dentro do sistema operacional Windows. O programa fornece sequências de menus e perguntas que o usuário deve responder. Os questionários são muito simples e as informações requisitadas são fáceis de responder.

O programa gera arquivos de resposta na mesma pasta em que o executável foi acionado, sempre em formato '.txt', desta forma os arquivos de correspondência, erros, dentre outros, podem ser lidos utilizando o bloco de notas.

Aplicações

O RENPED pode ser utilizado para verificar erros e recodificar pedigrees, inclusive contendo dados alfa numéricos. Também permite recodificar os dados para viabilizar avaliações genéticas ou de endogamia. Sendo vantagem o seu uso por ser uma ferramenta que permite retornar os dados de resultados de avaliações genéticas ou de endogamia para os dados originais, facilitando a prática de seleção.

O RENPED também pode ser utilizado para fornecer valores de partida para análises de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) utilizando modelos unicaracterísticos, de repetibilidade e multicaracterísticos.

Arquivos de Entrada

O usuário pode escolher o nome e extensão dos arquivos de pedigree, dados e respostas, entretanto estes devem estar na mesma pasta do executável do programa. Os arquivos devem conter cabeçalho e serem formatados com dados encolunados, sendo as colunas de dados separadas por espaço. O RENPED aceita arquivos de entrada nos formatos '.txt', '.prn' ou '.dat'. O arquivo CORRESP.txt é um arquivo de saída e entrada, pois o programa gera o mesmo na primeira opção de execução e o utiliza na segunda e terceira opções.

Nos arquivos de entrada, dados perdidos não podem ser deixados em branco, pois neste caso não seriam lidos na coluna seguinte, o que acarretaria problema na sequência de leitura. O RENPED permite que dados perdidos sejam representados por números, caracteres ou sequências de caracteres sem espaço. Entretanto uma única escolha deve ser tomada para todo o arquivo, tal escolha deve ser fornecida ao programa

pelo usuário quando lhe for feita a pergunta “Qual o valor para dados perdidos?”. Nos arquivos de saída o RENPED padroniza zero para informações de animal, pai ou mãe perdidas, as demais informações são mantidas sem alterações.

O arquivo de pedigree pode conter além das informações de animal, pai e mãe, as informações de sexo e data de nascimento. Pois o software RENPED possui rotinas que verificam erros utilizando essas informações. Outras colunas de dados podem ser adicionadas ao pedigree e inclusive os dados e o pedigree podem ser incluídos em um único arquivo.

O arquivo original de dados pode conter ou não as informações de pai e mãe. Caso contenha, é importante que estas sejam declaradas para que as informações dos pais também sejam recodificadas.

O arquivo de respostas pode conter ou não às informações de pai e mãe, mas obrigatoriamente deve conter a informação de animal. Espera-se que tal arquivo seja fornecido em formato de texto, proveniente da execução de algum software de avaliação genética o qual se deseja decodificar os animais para atribuir o valor genético ao indivíduo correto na população.

Opção de Configuração

O RENPED possui duas opções de configuração (SETUP OPTIONS), sendo que a primeira opção permite que o usuário modifique o idioma, existindo quatro alternativas, o inglês, o português, o espanhol e o francês. A segunda opção fornece oito tipos de combinações de cor de fundo e texto diferentes do padrão (preto/branco), conforme informado na tabela. Isto pode tornar o ambiente do programa mais agradável para o usuário. A opção seis do menu principal (CREDTS) mostra a titularidade, autoria e colaborações que tornaram possíveis a criação do programa RENPED.

Tabela 1: Relação das opções de combinação de cor de fundo/texto no programa RENPED.

Opção	1	2	3	4	5	6	7	8	padrão
Fundo	Branco	Branco	Branco	Preto	Roxo	Verde água	Preto	Preto	Preto
Texto	Azul	Preto	Verde	Vermelho	Verde	Amarelo	Azul	Rosa	Branco

Opções de Execução

O RENPED possui quatro opções de execução, a primeira (PEDIGREE RECODER) recodifica pedigrees, a segunda (DATA RECODER) recodifica os dados utilizando o arquivo de correspondências gerado após a execução da primeira opção, a terceira (RESULT DECODER) descodifica arquivos de resultados de análises de endogamia ou avaliação genética de forma a se atribuir o resultado ao código original do animal e também utiliza o arquivo de correspondências gerado após a execução da primeira opção. A inclusão das informações de pai e mãe é opcional em ambas as opções citadas. A quarta opção (START VALUES) utiliza os dados para calcular as variâncias e covariâncias fenotípicas entre as características e a informação da expectativa para herdabilidade e correlação genética fornecida pelo usuário para calcular valores de partida dentro do espaço paramétrico e mais prováveis o possível para análises REML.

Ao escolher a opção 1 é exigido do usuário a informação do nome e extensão do arquivo de pedigree, além da posição das colunas de animal, pai, mãe, sexo e data de nascimento, entretanto, apenas a coluna com a informação de animal é obrigatória, na ausência de qualquer uma das demais o usuário pode utilizar o valor zero no lugar do número da coluna para informar ao programa que tal informação não está no banco de dados, ou que o usuário tem motivos próprios para que tal informação não seja considerada pelo programa.

O programa exige também que o usuário informe o número total de colunas no arquivo de pedigree, não só para otimizar o programa reduzindo o espaço alocado na memória durante a execução, como para organizar a sequência de leitura do arquivo de dados. A última informação requisitada pelo programa é o número, caractere ou sequência de caracteres sem espaço que identifica dados perdidos.

Ao escolher a opção 2 é exigido do usuário a informação do nome e extensão do arquivo de dados, além da posição das colunas de animal, pai e mãe, entretanto, apenas a coluna com a informação de animal é obrigatória, na ausência das colunas de pais o usuário pode fornecer o valor zero no lugar do número da coluna. Também é necessário que o usuário informe o número total de colunas no arquivo de dados.

Ao escolher a opção 3 é exigido do usuário a informação do nome e extensão do arquivo de resultados, além da posição das colunas de animal, pai e mãe, entretanto, apenas a coluna com a informação de animal é obrigatória, na ausência das colunas de

pois o usuário pode fornecer o valor zero no lugar do número da coluna. Também é necessário que o usuário informe o número total de colunas no arquivo de dados.

Após fornecer as informações ao programa o usuário poderá acompanhar o andamento da execução através da barra de loading, que serve também para que o usuário não fique em dúvida se o programa travou. Após preencher toda a barra de loading, o programa emite um relatório que afirma que a execução ocorreu com sucesso e informa o número de animais diferentes e o número de linhas e colunas no arquivo de dados. Além disso, ele mostra o nome dos arquivos de saída gerados e pra que servem.

Em análises REML uma característica presente nos algoritmos computacionais é começar as análises de busca iterativa com valores iniciais para as estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais, tais valores são fornecidos pelo usuário do programa. Entretanto, nem sempre é fácil para o usuário fornecer valores de partida que permitam os softwares REML convergirem, isto por que variâncias e covariâncias possuem valores muito amplos e nem sempre são relatados na maioria das literaturas científicas.

Por outro lado a herdabilidade (h^2), repetibilidade (t) e correlação genética (r_g) são parâmetros mais palpáveis, por serem alvo de discussão de grande parte dos trabalhos científicos da área de melhoramento e por possuírem variação de 0 a 1, h^2 a 1 e -1 a 1, respectivamente.

Ao escolher a opção de execução 4 o usuário poderá obter melhores valores de partida para começar a analisar seus dados em programas REML. O RENPED fornece três opções de modelos para se calcular valores de partida, modelos unicaracterísticos, de repetibilidade, bicaracterísticos ou multicaracterísticos. Modelos unicaracterísticos são mais simples e utilizam apenas a variância fenotípica extraída dos dados e a herdabilidade esperada (fornecida pelo usuário), que pode ser obtida de literaturas científicas.

Para modelos de repetibilidade, um valor de repetibilidade também é esperado. Já para modelos bicaracterísticos o programa pede a correlação genética esperada. Nos modelos multicaracterísticos a correlação genética não é exigida. No entanto, os valores de partida podem ser piores do que os fornecidos na opção de análise bicaracterística.

Atualmente modelos de regressão aleatória estão sendo amplamente utilizados para avaliação genética de dados longitudinais, tais modelos fornecem as herdabilidades em cada ponto da curva e permitem aproveitar melhor as informações de produção, não exigindo ajuste ou estimação dos valores previamente às análises.

Para curvas de crescimento, permite a seleção de indivíduos em qualquer ponto dentro do intervalo analisado, mas para características não acumulativas como a produção de leite no dia do controle (PLDC), a seleção em um único ponto da curva de lactação pode acarretar em problemas de perda de resposta correlacionada dos demais períodos com o passar do tempo.

Existe uma alternativa para contornar tal problema, que consiste em se obter os valores genéticos de todas PLDC dentro do intervalo avaliado e somar os resultados, assim passa-se a ter um valor em litros de leite que equivale à vantagem genética do animal em relação à população analisada, não mais quanto a um dia específico, mas em relação ao período analisado que pode compreender toda a lactação, sendo que metade deste valor corresponderá à diferença esperada na progênie (DEP).

Realizar tal tarefa para cada animal avaliado pode ser difícil e demorado, mas a opção 5 do RENPED faz isto em alguns segundos. O usuário pode fornecer um arquivo organizado com cabeçalho, contendo as informações de animal, parâmetro da curva (1, 2, ..., ordem) e valor genético para o parâmetro da curva ou pode simplesmente colocar o arquivo de saída do WOMBAT (RnSoln_animal.dat) e informar o RENPED a sub-opção número 2. Posteriormente o programa pedirá ao usuário que informe os valores máximo e mínimo para a variável controle (Por exemplo: 305 e 5 para lactação de bovinos, considerando a PLDC ou 52 e 6 considerando a produção de ovos semanais de codornas). Por fim o programa alerta o usuário para abrir o arquivo INTEGRATED.dat para visualizar os resultados.

Arquivos de Saída

No RENPED a opção de execução 1 gera três arquivos de saída, o arquivo de relatório de erros (REPORT), o arquivo de correspondências entre o pedigree original e o recodificado (CORRESP) e o arquivo de pedigree recodificado (PED-RECOD). A opção 2 gera apenas um arquivo de saída, o arquivo de dados recodificado (DATA-RECOD). A opção 3 gera apenas um arquivo de saída, o arquivo de resultados decodificado (RES-DECOD). Todos os arquivos de saída possuem extensão '.txt' e são gerados na mesma pasta do executável do programa.

O relatório de erros não só acusa os tipos de erros como também informa a localização dos mesmos para que estes possam ser corrigidos pelo usuário, embora alguns sejam corrigidos automaticamente pelo programa.

O primeiro erro relatado consiste de animais que aparecem tanto na coluna de pai quanto na coluna de mãe. O programa informará o 'nome' do indivíduo, a linha que

este aparece como pai e a linha que aparece como mãe, cabendo ao usuário conferir o tipo de erro ocorrido.

O segundo tipo consiste em machos que aparecem na coluna de mãe, neste caso o relatório indicará a linha onde o animal foi declarado com sexo de macho e a linha onde o animal aparece como mãe. O terceiro tipo é o contrário do segundo, e funciona de maneira análoga.

O quarto tipo de erro consiste em informar o grave problema de um animal aparecer como pai ou mãe dele mesmo, o programa indicará o 'nome' do animal e linha em que o erro se encontra.

O quinto tipo de erro consiste de animais sem informações de sexo, o que pode ser fundamental quando se utiliza tal característica como efeito fixo em uma análise ou deseja-se analisar os dados no programa ENDOG, que exige tal informação para todos os animais. Caso o usuário não possua a informação de sexo no pedigree, ou por algum motivo, não queira utilizá-la, tais erros simplesmente não serão verificados.

O sexto tipo de erro consiste de animais sem informação de data de nascimento, tal informação pode ser fundamental no cálculo de covariáveis com idade ao parto, idade ao abate, dentre outras. Nestes casos deve-se atentar a estes erros, pois valores nulos para covariáveis causam erros em programas de avaliação genética.

O sétimo erro confere animais que aparecem com número inferior ao dos pais após recodificação executada pelo programa, estes erros são corrigidos automaticamente pelo programa e o número de correções é informado.

O oitavo e último tipo de erro informa os animais e linhas que aparecem mais de uma vez no pedigree, caso o usuário possua um arquivo pequeno e queira recodificar o pedigree direto do banco de dados. Este tipo de erro deve ser desconsiderado em modelos de repetibilidade, análises multicaracterísticas ou modelos de regressão aleatória.

O arquivo de correspondência (CORRESP) é gerado pelo programa RENPED durante a execução da opção 1 do programa e traz uma coluna com o valor codificado do animal seguido da coluna com o "nome" real do animal. Este arquivo é utilizado nas opções 2 e 3 do programa RENPED para recodificar os dados e decodificar resultados respectivamente.

O arquivo de pedigree recodificado (PED-RECOD) é reordenado pela variável animal e reposiciona as colunas animal, pai e mãe, como primeira, segunda e terceira colunas respectivamente, seguindo a ordem original nas demais colunas.

O arquivo de dados recodificados (DATA-RECOD) é semelhante ao arquivo de dados fornecido, entretanto as informações de animal, pai e mãe são recodificadas. Enquanto que o arquivo de resultados decodificado (RES-DECOD) é semelhante ao arquivo de resultados fornecido, entretanto as informações de animal, pai e mãe são as originais.

O arquivo de valores genéticos integrados (INTEGRATED) contém as informações de animal e valor genético para o período integrado, ou seja, para a área abaixo da curva dos valores genéticos de cada animal, integrada para o período solicitado pelo usuário. Este arquivo é fornecido ao executar corretamente a opção 5 do RENPED.

Créditos

Este programa é de uso livre e foi idealizado, planejado e criado por Felipe Gomes da Silva, que agradece a Robledo de Almeida Torres, Luiz Fernando Brito, Luciano Pinheiro da Silva, Rodrigo Reis Mota, Carla Leite Suguimoto por idéias inovadoras e detecção de erros. E a Pablo Assed Braga e André Marubayashi Hidalgo pelas correções do idioma inglês, José Carlos Montes V. e Ali Willian Canaza Caio pelas correções do idioma espanhol e Ian Rabelo pela tradução para o idioma francês. Estas informações são fornecidas na opção 7 (CREDITS) do menu inicial do programa.

Considerações finais

O programa RENPED foi testado durante as análises desta dissertação, apresentando resultados confiáveis. Desta forma o RENPED está apto não só para corrigir erros e recodificar dados alfa numéricos, mas também para viabilizar os arquivos de pedigree e dados para análises em diversos programas, tais como ENDOG, WOMBAT, MTDFREML, DFREML, REMLF90.

Referências Bibliográficas

- Boldman, K. G., Kriese, L. A., Van Vleck, L. D. et al. A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture/Agricultural Research Service, 1993. 120p.
- Gutiérrez, J. P. & Goyache, F. A. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. v.122, p.172-176, 2005.
- Laplace, C.; Berg, M.; Lai, hongli; Mandravellos, Y. et al. DEV-C++. Free Software Foundation, Inc. 675 Mass Ave, Cambridge, MA 02139, USA. Version 4.9.9.2, 2005.
- Meyer, K. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal Zhejiang University Science B**, v. 8 n. 11, p. 815- 821, 2007.
- Meyer, K. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006, CD-ROM.
- Meyer, K. DFREML – A set of programs to estimate variance components under an Individual Animal Model. **Journal of Dairy Science**, v.71 (Supl.2), p.33-34, 1988.
- Meyer, K. DXMRR - A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale: University of New England, 1998. (CD-ROM).
- Mizrahi, V. V. Treinamento em linguagem C++ - Módulo 1. Makron Books - São Paulo. v.1, 1994a.
- Mizrahi, V. V. Treinamento em linguagem C++ - Módulo 2. Makron Books - São Paulo. v.1, 1994b.
- Misztal, I. **REMLF90**: manual. <ftp://nce.ads.uga.edu/pub/ignacy/blupf90/docs/remlf90.pdf>. 2005.

APÊNDICE II

Este apêndice contém o código fonte comentado do programa RENPED utilizado para recodificação dos arquivos de pedigree e dados utilizados nas análises dos capítulos 2 e 3. Este código foi desenvolvido de 2008 a 2011, e está disponível para cópia e modificação sob os termos da versão 3 da licença GNU disponíveis em "<http://www.gnu.org/licenses/>". A linguagem de programação utilizada foi a C++ e o programa utilizado para compilar o código fonte e verificar erros foi o DEV-C++, a utilização de outro compilador pode requerer adaptações no código.

Este código fonte contém 11.787 palavras, 89.056 caracteres sem espaço e 111.115 caracteres com espaço, 2.584 parágrafos e 2.585 linhas distribuídas em 56 páginas escritas em fonte Courier New, tamanho 9 e espaçamento entre linhas de 1,5.

O código está disponível para aprendizado, uso, referência para criação de novos programas e inclusive é permitida a cópia parcial do programa, entretanto exige-se que a informação sobre a utilização de recursos parciais deste código fonte seja citada. Também permite-se a alteração do código, entretanto neste caso o programador deve assumir a responsabilidade quanto à autoria e citar nos materiais gerados que estes foram criados a partir de alterações no código fonte do programa RENPED.

APPENDIX II

This appendix contains the commented source code of the program RENPED used for recoding of pedigree and data files used in the analysis of Chapters 2 and 3. This code was developed from 2008 to 2011, and is available for copying and modification under the terms of the GNU version 3 available at "<http://www.gnu.org/licenses/>." The programming language used was C++ and the program used to compile the source code and check for errors was the DEV-C, to use another compiler may require adjustments in the code. This source code contains 11,787 words, 89,056 characters without space and 111,115 characters with spaces, paragraphs 2584 and 2585 lines divided into 56 pages written in Courier New font, size 9 and 1.5 line spacing. The code is available to learn, use, reference to the creation of new programs and even allowed a partial copy of the program, however it requires that information about resource utilization of partial source is cited. It also allows you to change the code, however in this case the programmer must take responsibility as to the authorship and mention in the material generated in these were created from changes in the source code of the program RENPED.

Código fonte do programa RENPED

```
/*
Name: RENPED version 1.0
Copyright(C): 2011, Felipe Gomes da Silva
Author: Felipe Gomes da Silva
Date: 13/07/11 08:42
Description: This software is able to recode, alpha numeric, pedigree and data
files, help to correct pedigree errors, help to find good stard values for
REML analysis, calcule the area above the genétic courve to a random
regression model, calcule a correlation matrix from a covariance matrix and
decode result files to the original animal names.
*/
#include<iostream>//Biblioteca básica para std e outros;
#include<fstream>//Biblioteca útil para trabalhar com arquivos externos;
#include<math.h>//Biblioteca para utilizar raiz quadrada;
using namespace std;//Automatiza o uso de "std:.";
void PEDIGREERECODER();//Protótipo da função que codifica o pedigree;
void DATARECODER();//Protótipo da função que codifica os dados;
void RESULTDECODER();//Protótipo da função que descodifica resultados;
void SVuni();//Prot. da função que fornece valores de partida para ana. uni.;
void SVrep();//Prot. da função que fornece valores de partida para ana. rep.;
void SVbic();//Prot. da função que fornece valores de partida para ana. bic.;
void SVMult();//Prot. da função que fornece valores de partida para ana. mult.;
void SVMra();//Prot. da função que fornece valores de partida para ana. mult.;
void RRM();//Protótipo da função que auxilia com modelos de regressão aleatória;
void Cov2Cor();//Prot. da função que converte uma matriz de cov em outra de cor;
void SETUPOPTION();//Protótipo da função que permite escolher configurações;
void CREDITOS();//Prot. da função que mostra quem criou ou ajudou o programa;
int idioma=1;//Varialvel da classe extern, acessível por qualquer função;
int main();//Função principal, inicio do programa;
{
system("title RENPED");//Coloca o título de RENPED na janela do programa;
int menu;//Cria uma variável inteira;
do
{
int licenca=2;//Verificar se usuário concorda com os termos da GNU.
while(licenca!=1){
cout<<" RENPED: Pedigree and data files recoder          version 1.0\n";
cout<<" Copyright (C) 2011 Felipe Gomes da Silva\n\n";
cout<<" This program is free software: you can redistribute it and/or";
cout<<" modify\n it under the terms of the GNU Affero General Public";
cout<<" License as published by\n the Free Software Foundation, either";
cout<<" version 3 of the License, or\n (at your option) any later ";
cout<<" version.\n\n This program is distributed in the hope that it";
cout<<" will be useful,\n but WITHOUT ANY WARRANTY; without even the ";
cout<<"implied warranty of\n MERCHANTABILITY or FITNESS FOR A PARTICULAR";
cout<<" PURPOSE. See the\n GNU Affero General Public License for";
cout<<" more details.\n\n";
cout<<" You should have received a copy of the GNU Affero General";
cout<<" Public License\n along with this program. If not, see";
cout<<" <http://www.gnu.org/licenses/>.\n";
```

```

cout<<"\n\n Sorry, but I don't have a site yet, to get in touch, send\n";
cout<<" a e-mal to felipepheu@yahoo.com.br, please use the title RENPED.";
cout<<"\n\n Do you read and agree with the terms above? (1-Yes 0-No)";
cin>>licensa;
if (licensa==1){cout<<"Wellcome! ";
} else if (licensa==0){cout<<"So, by! "; return 0;}
system("cls");
}
//ABERTURA DO PROGRAMA:
if(idioma==1){
cout<<"*****\n";
cout<<"*   RENPED: Pedigree and data files recoder.           Version 1.0 *\n";
cout<<"*                                           *\n";
cout<<"* 1-PEDIGREE RECODER (To recod and fix a pedigree file); *\n";
cout<<"* 2-DATA RECODER (To recod a data file, after option 1); *\n";
cout<<"* 3-RESULT DECODER (To decode a result file, after option 1); *\n";
cout<<"* 4-START VALUES (To creat start values for REML analisys); *\n";
cout<<"* 5-RR APLICATIONS (Things to help with Random Regression); *\n";
cout<<"* 6-SETUP OPTION (To change language or background/font color);*\n";
cout<<"* 7-CREDITS (To know who has been created and help it); *\n";
cout<<"* 0-EXIT PROGRAM (To close this software). *\n";
cout<<"*****\n";
} else if (idioma==2){
cout<<"*****\n";
cout<<"*   RENPED: Recodificador de pedigrees e dados           v.25/05/11 *\n";
cout<<"*                                           *\n";
cout<<"* 1-PEDIGREE RECODER (Para recodificar e corrigir pedigrees); *\n";
cout<<"* 2-DATA RECODER (Para recodificar dados, apos opcao 1); *\n";
cout<<"* 3-RESULT DECODER (Para descodificar resultados, apos op. 1); *\n";
cout<<"* 4-START VALUES (Para criar valores de partida de analises); *\n";
cout<<"* 5-RR APLICATIONS (Ajuda com modelos de regressão aleatória; *\n";
cout<<"* 6-SETUP OPTION (Para escolher o idioma ou cores da tela); *\n";
cout<<"* 7-CREDITS (Para saber quem criou ou ajudou este programa); *\n";
cout<<"* 0-EXIT PROGRAM (Para fechar este programa). *\n";
cout<<"*****\n";
} else if (idioma==3){
cout<<"*****\n";
cout<<"*   RENPED: Recodificador de pedigrees y datos           v.25/05/11 *\n";
cout<<"*                                           *\n";
cout<<"* 1-PEDIGREE RECODER (Para recodificar y corregir pedigrees); *\n";
cout<<"* 2-DATA RECODER (Para recodificar datos, después de la op.1); *\n";
cout<<"* 3-RESULT DECODER (Para decodificar resultados, después op.1);*\n";
cout<<"* 4-START VALUES (Crear valores de partida para el análisis); *\n";
cout<<"* 5-RR APLICATIONS (Ayuda con modelos de regreción aleatoria); *\n";
cout<<"* 6-SETUP OPTION (Elegir el leng. o el color de la pantalla); *\n";
cout<<"* 7-CREDITS (Para saber quién creó o ayudó a este programa); *\n";
cout<<"* 0-EXIT PROGRAM (Para cerrar este programa). *\n";
cout<<"*****\n";
} else if (idioma==4){
cout<<"*****\n";
cout<<"*   RENPED: Recoder de pedigrees et données           v.25/05/11 *\n";
cout<<"*                                           *\n";
cout<<"* 1-PEDIGREE RECODER (Pour recoder et corriger les pedigree); *\n";

```

```

cout<<"* 2-DATA RECODER (Pour recoder datos, après de la option 1); *\\n";
cout<<"* 3-RESULT DECODER (Pour décoder résultats, après op. 1); *\\n";
cout<<"* 4-START VALUES (Pour créer valeurs de départ des analyses); *\\n";
cout<<"* 5-RR APLICATIONS (Avec les modèles de régression aléatoire);*\\n";
cout<<"* 6-SETUP OPTION (Choisir l'idiome et la couleur de l'écran); *\\n";
cout<<"* 7-CREDITS (Savoir qui a créé ou a contribué à ce programme); *\\n";
cout<<"* 0-EXIT PROGRAM (Pour fermer ce programme). *\\n";
cout<<"*****\\n";
}
cin>>menu;//Recebe seu valor do usuário;
switch(menu)
{
    case 1:
        PEDIGREERECODER();//Inicia a função RENPED;
        break;
    case 2:
        DATARECODER();//Inicia a função CORRESP;
        break;
    case 3:
        RESULTDECODER();
        break;
    case 4:
        if(idioma==1){
            cout<<"Starting Values: Choose the type of analysis\\n";
            cout<<" 1-ONE-TRAIT;\\n";//Analise Unicaracterística, herd?;
            cout<<" 2-REPETIBILITY MODEL;\\n";//Modelos de repetibilid., her? rep?;
            cout<<" 3-TWO-TRAIT;\\n";//Analise Bicaracterística, herd? corr g e r?
            cout<<" 4-MULT-TRAIT;\\n";//Analise Multicaracterística, herd?
            cout<<" 5-RANDOM REGRESSION.\\n";//Mod. de Reg. Ale., herd?
        }else if(idioma==2){
            cout<<"Valores de Partida: Escolha o tipo de analise.\\n";
            cout<<" 1-UNICARACTERISTICA;\\n";//Analise Unicaracterística, herd?;
            cout<<" 2-MODELOS DE REPETIBILIDADE;\\n";//Modelos de rep., her? rep?;
            cout<<" 3-BICARACTERISTICA;\\n";//Analise Bic., herd? corr g e r?
            cout<<" 4-MULTICARACTERISTICA;\\n";//Analise Multicaracterística, herd?
            cout<<" 5-REGRESSAO ALEATORIA.\\n";//Mod. de Reg. Ale., herd?
        }else if(idioma==3){
            cout<<"Valores de Partida: Elija el tipo de análisis.\\n";
            cout<<" 1-UNICARACTERÍSTICA;\\n";//Analise Unicaracterística, herd?;
            cout<<" 2-MODELOS DE REPETIBILIDAD;\\n";//Modelos de rep., her? rep?;
            cout<<" 3-BICARACTERÍSTICA;\\n";//Analise Bic., herd? corr g e r?
            cout<<" 4-MULTICARACTERÍSTICA;\\n";//Analise Multicaracterística, herd?
            cout<<" 5-REGRESSAO ALEATORIA.\\n";//Mod. de Reg. Ale., herd?
        }else if(idioma==4){
            cout<<"Valeurs de départ: Choisissez le type d'analyse.\\n";
            cout<<" 1-UNICARACTERISTIQUE;\\n";//Analise Unicaracterística, herd?;
            cout<<" 2-MODELES DE RÉPÉTABILITÉ;\\n";//Modelos de rep., her? rep?;
            cout<<" 3-BICARACTERISTIQUE;\\n";//Analise Bic., herd? corr g e r?
            cout<<" 4-MULTICARACTERISTIQUE;\\n";//Analise Multicaracterística,herd?
            cout<<" 5-RÉGRESSION ALÉATOIRE.\\n";//Mod. de Reg. Ale., herd?
        }int tipo;cin>>tipo;//Recebe opção do tipo de analise;
        switch(tipo)
        {

```

```

    case 1:
        SVuni();//Inicia opção Unicaracterística;
        break;
    case 2:
        SVrep();//Inicia opção Mod. de Repetibilidade;
        break;
    case 3:
        SVbic();//Inicia opção Bicaracterística;
        break;
    case 4:
        SVMult();//Inicia opção Multicaracterística;
        break;
    case 5:
        SVMra();//Inicia opção Polinômio de legendre;
        break;
    default:
        if(idioma==1)
            cout<<"\n\tThe chosen value must be between 1 and 5;\n";
        else if(idioma==2)
            cout<<"\n\tO valor escolhido deve estar entre 1 e 5;\n";
        else if(idioma==3)
            cout<<"\n\tEl valor elegido debe estar entre 1 y 5;\n";
        else if(idioma==4)
            cout<<"\n\tLe valeur sélectionnée doit être comprise entre 1 et 5;";
            system("pause");
        }//Encerra switch "tipo";
        break;
    case 5:
        RRM();
        break;
    case 6:
        SETUPOPTION();
        break;
    case 7:
        CREDITOS();
        break;
    case 10:
        Cov2Cor();
        break;
    default:
        return 0;//Finaliza o programa;
}
system("cls");//Limpa a tela do programa;
}while(menu!=0);
return 0;//Finaliza o programa;
}
////////////////////////////////////
//RECODIFICAR PEDIGREES OU ARQUIVOS DE DADOS DIRETAMENTE:////////////////////////////////////
////////////////////////////////////
void PEDIGREERECODER()
{
    //DECLARA ESTRUTURAS QUE TRABALHARÃO COM ARQUIVOS EXTERNOS;
    ifstream entrada;

```

```

ofstream correspondencia, recodificado, relatorio;
//DECLARAÇÃO DE VARIÁVEIS INICIAL;
int i, j, k, l, c, o, menor;//Variaveis inteiras para controle e loops;
int A, P, M, S, D, C;//Posição de animal, pai, mae, sexo, data, nº de colunas;
string x, y, z, perdido, nome, armazenem, lixo;//Armazenamento temporário;
bool achou, achoP, achoM, erro, igual;//Declara variáveis booleanas (0x1);
//LEITURA DO ARQUIVO DE DADOS;
if(idioma==1){
    cout<<"\n FORMAT THE FILE WITH HEADER AND DELETE BLANK LINES!";
    cout<<"\n ENTER WITH THE FILE NAME (Example: PED.txt)\n";
}else if(idioma==2){
    cout<<"\n FORMATE O ARQUIVO COM CABECALHO E EXCLUA LINHAS EM BRANCO!";
    cout<<"\n ENTRE COM O NOME DO ARQUIVO (Exemplo: PED.txt)\n";
}else if(idioma==3){
    cout<<"\n FORMATE EL O ARCHIVO ENCABEZADO Y SIN LÍNEAS EN BLANCO!";
    cout<<"\n INTRODUZCA EL NOMBRE DEL ARCHIVO (Ejemplo: PED.txt)\n";
}else if(idioma==4){
    cout<<"\n FORMATEZ LE FICHER AVEC EN-TÊTE ET SANS LIGNES BLANCHES!";
    cout<<"\n ENTREZ AVEC LE NOM DU FICHER (Exemple: PED.txt)\n";
}cin>>nome;
entrada.open(nome.c_str());//Abre arquivo de pedigree;
if(entrada.fail()){
    if(idioma==1){
        cout<<"ERROR: \n";
        cout<<"\t The file is not in the same folder as the program \n";
        cout<<"\t or the file name may be wrong! \n";
    }else if(idioma==2){
        cout<<"ERRO: \n";
        cout<<"\t O arquivo nao esta na mesma pasta do programa \n";
        cout<<"\t ou o nome fornecido pode estar errado! \n";
    }else if(idioma==3){
        cout<<"ERRORES: \n";
        cout<<"\t;El archivo no está en la misma carpeta del programa \n";
        cout<<"\t o el nombre declarado puede estar errado! \n";
    }else if(idioma==4){
        cout<<"ERREUR: \n";
        printf("\tLe fichier n'est pas dans le même dossier du programme\n",136);
        printf("\tou le nom déclaré n'est pas correct!\n",130,130);
    }
    return;//finalizar o programa;
}
cout<<"\n*****\n\n";
//PEDE AO USUÁRIO QUE INFORME O SIMBOLO OU VALOR PARA DADOS PERDIDOS:
if(idioma==1)cout<<"What is the animal column number? ";
else if(idioma==2)cout<<"Qual e' o numero da coluna de animal? ";
else if(idioma==3)cout<<"¿Cuál es el número de la columna de los animales?";
else if(idioma==4)cout<<"Quel est le numéro de la colonne des animaux?";
cin>>A;c=1;//Recebe número da coluna de animal;
if(idioma==1)
    cout<<"What is the father column number? (zero, if it doesn't exist) ";
else if(idioma==2)
    cout<<"Qual e' o número da coluna de pai? (zero, se nao existir) ";
else if(idioma==3)

```

```

    cout<<"¿Cuál es el número de la columna de padre?(cero, si no existe) ";
else if(idioma==4)
    cout<<"Quel est le numéro de la colonne du père? (zero, si n'existe pas) ";
cin>>P;if(P>0)c=c+1;//Recebe número da coluna de pai;
if(idioma==1)
    cout<<"What is the mother column number? (zero, if it doesn't exist) ";
else if(idioma==2)
    cout<<"Qual e' o numero da coluna de mae? (zero, se nao existir) ";
else if(idioma==3)
    cout<<"¿Cuál es el número de la columna de madre? (0, si no existe) ";
else if(idioma==4)
    cout<<"Quel est le numéro de la colonne de la mère?(zero, si n'existe pas)";
cin>>M;if(M>0)c=c+1;//Recebe número da coluna de mãe;
if(idioma==1)
    cout<<"What is the sex column number? (zero, if it doesn't exist) ";
else if(idioma==2)
    cout<<"Qual e' o numero da coluna de sexo? (zero, se nao existir) ";
else if(idioma==3)
    cout<<"¿Cuál es el número de la columna de sexo?(cero, si no existe) ";
else if(idioma==4)
    cout<<"Quel est le numéro de la colonne du sexe? (zero, si n'existe pas) ";
cin>>S;//Recebe a posição da coluna sexo;
if(idioma==1)
    cout<<"What is the birth date column number? (zero, if it doesn't exist) ";
else if(idioma==2)
    cout<<"Qual e' o numero da coluna de nascimento? (zero, se nao existir) ";
else if(idioma==3)
    cout<<"¿Cuál es el número de la columna de nacimiento?(0, si no existe) ";
else if(idioma==4)
    cout<<"Quel est le numéro de la colonne de naissance? (0, si n'existe pas) ";
cin>>D;//Recebe a posição da coluna data de nascimento;
if(idioma==1)
    cout<<"What is the total column number of data file? (prevent excess) ";
else if(idioma==2)
    cout<<"Qual é o total de colunas no arquivo de dados?(excesso inviabiliza) ";
else if(idioma==3)
    cout<<"Cual es el total de columnas del archivo de datos? (exces. inviab.) ";
else if(idioma==4)
    cout<<"Quel est le total de colonnes dans le fichier? (Evitez les excès) ";
cin>>C;//Recebe o valor do número de colunas;
if(idioma==1)cout<<"What is the simbol to missing values? ";
else if(idioma==2)cout<<"Qual e' o simbolo para dados perdidos? ";
else if(idioma==3)cout<<"¿Cuál es el símbolo para datos perdidos? ";
else if(idioma==4)cout<<"Quel est le symbole pour données perdu? ";
cin>>perdido;//Recebe o valor de observação perdida;
if(idioma==1)cout<<"\nPlease, wait some minuts for the results!\n";
else if(idioma==2)
    cout<<"\nPor favor, espere alguns minutos pelos resultados!\n";
else if(idioma==3)
    cout<<"\n;Por favor, espere un momento por los resultados!\n";
else if(idioma==4)
    cout<<"\nS'il vous plaît, attendez quelques minutes pour les résultats!\n";
cout<<"*****\n";

```

```

cout<<"\r [          ][0%]"; //Loading 0;
//VERIFICA NÚMERO DE LINHAS NO ARQUIVO DE PEDIGREE:
//DECLARA MATRIZES AJUSTADAS PARA A NECESSIDADE DO USUÁRIO:
int X=0; //Para iniciar na linha zero de comentário;
while (!entrada.eof()) //Verifica o final do arquivo;
{
    X=X+1; //Pular linha da matriz receptora de dados;
    entrada>>lixo; //Queima informação;
}
int N=X/C; //Número de linhas no arquivo de dados;
X=N*2;
entrada.clear();
entrada.seekg(0,ios::beg); //Volta leitura para inicio do arquivo;
//DECLARA MATRIZES AJUSTADAS PARA A NECESSIDADE DO USUÁRIO;
string Matriz[N+1][C]; //Melhorar eficiência no uso de memória;
string CORRESP[X]; //Pior situação considerada, diferentes/comdados=2;
//LER E GUARDAR OS DADOS NA MATRIZ INICIAL:
for(int i=0;i<N;i++) //Verifica o final do arquivo;
{
    for(int c=1;c<=C;c++)
        entrada>>Matriz[i][c]; //Transfere dado após dado;
}
entrada.close(); //Fecha o arquivo, pois os dados já foram copiados;
cout<<"\r [ >          ][5%]"; //Loading 1;
//CRIA O ARQUIVO DE RELATÓRIO:
relatorio.open("REPORT.txt");
relatorio<<"*****\n";
if(idioma==1)
    relatorio<<"***** REPORT OF ERRORS ISSUED BY THE PROGRAM RENPED *****\n";
else if(idioma==2)
    relatorio<<"***** RELATORIO DE ERROS GERADO PELO PROGRAMA RENPED *****\n";
else if(idioma==3)
    relatorio<<"*** INFORME DE ERRORES GENERADO POR EL PROGRAMA RENPED ***\n";
else if(idioma==4)
    relatorio<<"*** RAPPORT D'ERREURS GÉNÉRÉ PAR LE PROGRAMME RENPED ***\n";
//RELATÓRIO - PARTE 1 (CONFERIR SE O ANIMAL É PAI E MÃE AO MESMO TEMPO)
relatorio<<"*****\n";
if(idioma==1)
    relatorio<<" ANIMALS THAT APPEAR IN THE COLUMNS OF FATHER AND MOTHER (N)\n";
else if(idioma==2)
    relatorio<<" ANIMALES QUE APARECEM NAS COLUNAS DE PAI E MAE (N)          \n";
else if(idioma==3)
    relatorio<<" ANIMALES QUE APARECEN EN LAS COLUMNAS DE PADRE Y MADRE (N)\n";
else if(idioma==4)
    relatorio<<"ANIMAUX QUI APPARAISSENT DANS LES COLONNES DU PÈRE ET MÈRE (N)\n";
if(P>0 && M>0) //Somente se tiver coluna de pai e de mãe;
{
    erro=false;
    for(int l=1;l<N;l++)
    {
        x=Matriz[l][P];
        if (x!=perdido)
            {

```



```

relatorio<<"ANIMALES DECLARADOS COMO MACHO QUE APARECEN EN LA COLUNA DE ";
relatorio<<"MADRE (N)";
}else if(idioma==4){
relatorio<<"ANIMAUX DECLARÉS COMME MÂLE QUI APPARAISSENT DANS LA COLONNE DE";
relatorio<<" LA MÈRE (N)";
}relatorio<<"\n\n";
erro=false;
if (S>0 && M>0)//Se existe as colunas com informação de sexo e de mãe;
{
for(int l=1;l<N;l++)
{
if(Matriz[l][S]=="1")
{
x=Matriz[l][A];
if(x!=perdido)
{
int i=1;j=N-1;
k=0;
while(!achou and k<N-1)
{
k=k+1;
if(x==Matriz[k][M])
{
if(idioma==1){
relatorio<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A]<<"\tMale in row: ";
relatorio<<l+1<<" \t "<<Matriz[0][M]<<" in row: "<<k+1<<endl;
}else if(idioma==2){
relatorio<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A];
relatorio<<"\tMacho na linha: ";
relatorio<<l+1<<" \t "<<Matriz[0][M]<<" in row: "<<k+1<<endl;
}else if(idioma==3){
relatorio<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A];
relatorio<<"\tMacho en la línea: ";
relatorio<<l+1<<" \t "<<Matriz[0][M]<<" en la línea: ";
relatorio<<k+1<<endl;
}else if(idioma==4){
relatorio<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A];
relatorio<<"\tmâle dans la ligne: ";
relatorio<<l+1<<" \t "<<Matriz[0][M]<<" dans la colonne: ";
relatorio<<k+1<<endl;
}erro=true;
} } } } //Encerra relatório parte 2;
}else{
if(idioma==1){relatorio<<" Without the sex and mather's columns is not";
relatorio<<" possible to verify!\n";
}else if(idioma==2){relatorio<<" Sem as colunas de sexo e mãe não é";
relatorio<<" possível verificar!\n";
}else if(idioma==3){relatorio<<" Sem as colunas de sexo e mãe não é";
relatorio<<" possível verificar!\n";
}else if(idioma==4){relatorio<<" C'est pas possible vérifier dans les";
relatorio<<" colonnes du sexe et de la mere!";
}erro=true;
}
}

```

```

if(erro==false)relatorio<<" No errors of this type have been found!"<<endl;
cout<<"\r [ >>>                ] [15%]";//Loading 3;
//RELATÓRIO - PARTE 3 (CONFERE SE ANIMAL APARECE COMO PAI OU MÃE DELE MESMO)
relatorio<<"*****\n";
if(idioma==1)
    relatorio<<" ANIMALS DECLARED AS FEMALE THAT APPEAR IN COLUMN FATHER (N)";
else if(idioma==2)
    relatorio<<" ANIMAIS DECLARADOS COMO FÊMEAS QUE APARECEM NA COLUNA PAI (N)";
else if(idioma==3){
    relatorio<<" ANIMALES DECLARADOS COMO HEMBRAS QUE APARECEN EN LA COLUMNA ";
    relatorio<<"PADRE (N)";
} else if(idioma==4){
    relatorio<<" ANIMAUX DECLARÉS COMME FEMELLE QUI APPARAISSENT DANS LA ";
    relatorio<<"COLONNE DE PÈRE (N)";
}relatorio<<"\n\n";
erro=false;
if (S>0 && P>0)//Se existe a coluna com informação de sexo;
{
    for(int l=1;l<N;l++)
    {
        if (Matriz[l][S]=="2")
        {
            x=Matriz[l][A];
            if (x!=perdido)
            {
                int i=1;j=N-1;
                k=0;
                while (!achou and k<N-1)
                {
                    k=k+1;
                    if(x==Matriz[k][P])
                    {
                        if(idioma==1){
                            relatorio<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A]<<"\tFemale in row: ";
                            relatorio<<l+1<<" \t "<<Matriz[0][P]<<" in row: "<<k+1<<endl;
                        } else if(idioma==2){
                            relatorio<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A]<<"\tFêmea na linha: ";
                            relatorio<<l+1<<" \t "<<Matriz[0][P]<<" na linha: "<<k+1<<endl;
                        } else if (idioma==3){
                            relatorio<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A]<<"\tHembra en la ";
                            relatorio<<"línea: "<<l+1;
                            relatorio<<" \t "<<Matriz[0][P]<<" en la línea: "<<k+1<<endl;
                        } else if (idioma==4){
                            relatorio<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A]<<"\tHembra en la ";
                            relatorio<<"ligne: "<<l+1;
                            relatorio<<" \t "<<Matriz[0][P]<<" dans la ligne: "<<k+1<<endl;
                        }erro=true;
                    }
                }
            }
        }
    }
} else{
    if(idioma==1){relatorio<<"Without the sex and father's columns is not ";
        relatorio<<"possible to verify!\n";
    } else if(idioma==2){relatorio<<"Sem as colunas de sexo e pai não é ";
        relatorio<<"possível verificar!\n";
    }
}

```

```

}else if(idioma==3){relatorio<<"!Sin las columnas del sexo y padre no es ";
relatorio<<"posible verificar!";
}else if(idioma==4){relatorio<<"!C'est pas possible vérifier dans les ";
relatorio<<"colonnes de sexe et du père!";
}erro=true;
}if(erro==false){
if(idioma==1)relatorio<<" No errors of this type have been found!"<<endl;
else if(idioma==2)relatorio<<" Erros deste tipo não foram encontrados!\n";
else if(idioma==3)relatorio<<" ;No fueron encontrados errores!\n";
else if(idioma==4)relatorio<<" Erreurs de ce type n'ont pas été trouvé.\n";
}cout<<"\r [ >>>> ] [20%]";//Loading 4;
//RELATÓRIO - PARTE 4 (CONFERIR SE O ANIMAL É PAI OU MÃE DELE MESMO)
relatorio<<"*****\n";
if(idioma==1)relatorio<<" ANIMALS THAT APPEAR WITH OWN PARENTS (N) \n\n";
else if(idioma==2)
relatorio<<" ANIMAIS QUE APARECEM COMO PAIS DELES MESMOS (N) \n\n";
else if(idioma==3)
relatorio<<" ANIMALES QUE APARECEN COMO SUS PROPRIOS PADRES (N) \n\n";
else if(idioma==4)
relatorio<<" LES ANIMAUX QUI APPARAISSENT COMME SES PROPRES PARENTS(N)\n\n";
erro=false;
for(int l=1;l<N;l++)
{
if (Matriz[l][A]==Matriz[l][P] && Matriz[l][A]!="0"){
relatorio<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A]<<"\t";
relatorio<<Matriz[0][P]<<": "<<Matriz[l][P]<<" in row: "<<l<<endl;
erro=true;
}
if (Matriz[l][A]==Matriz[l][M] && Matriz[l][A]!="0"){
relatorio<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A]<<"\t";
relatorio<<Matriz[0][M]<<": "<<Matriz[l][M]<<" in row: "<<l<<endl;
erro=true;
}
}
}
if(erro==false){
if(idioma==1)relatorio<<" No errors of this type have been found!";
else if(idioma==2)relatorio<<" Não foram encontrados erros deste tipo!";
else if(idioma==3)relatorio<<" ;No fueron encontrados errores de este tipo!";
else if(idioma==4)relatorio<<"Les erreurs de ce genre n'ont pas été trouvé!";
relatorio<<endl;
}cout<<"\r [ >>>> ] [25%]";//Loading 5;
//RELATÓRIO - PARTE 5 (CONFERE SE ANIMAL NÃO POSSUI SEXO)
relatorio<<"*****\n";
if(idioma==1)relatorio<<" ANIMALS DECLARED WITHOUT SEX INFORMATION (O) \n\n";
else if(idioma==2)
relatorio<<" ANIMAIS DECLARADOS SEM A INFORMAÇÃO DE SEXO (O) \n\n";
else if(idioma==3)
relatorio<<" ANIMALES DECLARADOS SIN LA INFORMACIÓN DEL SEXO (O) \n\n";
else if(idioma==4)
relatorio<<" ANIMAUX DÉCLARÉS SANS L'INFORMATION DE SEX (O) \n\n";
erro=false;k=0;i=0;
if(S>0)//Se existe a coluna com informação de sexo;
{

```

```

for(int l=1;l<N;l++)
{
    if(Matriz[l][S]!="1" && Matriz[l][S]!="2")//Animais sem sexo declarado;
    {
        achou=false;
        while(i<N && achou==false)
        {
            i=i+1;
            if(Matriz[l][A]==Matriz[i][P])//Declara macho automaticamente;
            {
                Matriz[l][S]="1";
                k=k+1;
                achou=true;
            }
            else if(Matriz[l][A]==Matriz[i][M])//Declara fêmea automaticamente;
            {
                Matriz[l][S]="2";
                k=k+1;
                achou=true;
            }
        }
        if(achou==false)
        {
            Matriz[l][A]!="0";
            relatorio<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A]<<" in row: "<<l+1<<endl;
        }
        erro=true;
    }
}
}
else{
    if(idioma==1)
        relatorio<<" Without the sex column it is not possible to verify! \n";
    else if(idioma==2)
        relatorio<<" Sem a coluna de sexo não é possível verificar! \n";
    else if(idioma==3)
        relatorio<<" ;Sin la columna de sexo no es posible verificar! \n";
    else if(idioma==4)
        relatorio<<" Sans la colonne de sex n'est pas possible vérifier! \n";
    erro=true;
}
}
if(k>0){
    relatorio<<"\n "<<k;
    if(idioma==1)relatorio<<" errors were automatically corrected; \n\n";
    else if(idioma==2)relatorio<<" erros foram corrigidos automaticamente;\n\n";
    else if(idioma==3)
        relatorio<<" errores fueron corrigidos automaticamente;\n\n";
    else if(idioma==4)
        relatorio<<" erreurs ont été corrigées automatiquement ;\n\n";
}
}
if(erro==false){
    if(idioma==1)relatorio<<" No errors of this type have been found!"<<endl;
    else if(idioma==2)relatorio<<" Não foram encontrados erros deste tipo!\n";
    else if(idioma==3)relatorio<<" ;No fueron encontrados errores!\n";
}
}

```

```

else if(idioma==4)relatorio<<" Erreurs de ce type n'ont pas été trouvés!\n";
}else{
  if(idioma==1)
    relatorio<<" Always use sex=1 to males and sex=2 to females;\n";
  if(idioma==2)
    relatorio<<" Sempre use sexo=1 para machos e sexo=2 para fêmeas;\n";
  if(idioma==3)
    relatorio<<" Siempre use sexo=1 para machos y sexo=2 para hembras;\n";
  if(idioma==4){
    relatorio<<" Utilisez toujours sex=1 pour les mâle et sex=2 pour les";
    relatorio<<" femelles ;\n";
  }
}cout<<"\r [ >>>>>>          ][30%]";//Loading 6;
//RELATÓRIO - PARTE 6 (CONFERE SE ANIMAL NÃO POSSUI DATA)
relatorio<<"*****\n";
if(idioma==1)
  relatorio<<" ANIMALS DECLARED WITHOUT DATE OF BIRTH INFORMATION (O)\n";
else if(idioma==2)
  relatorio<<" ANIMAIS DECLARADOS SEM A DATA DE NASCIMENTO (O)\n";
else if(idioma==3)
  relatorio<<" ANIMALES DECLARADOS SIN LA FECHA DE NACIMIENTO (O)\n";
else if(idioma==4)
  relatorio<<" ANIMAUX DÉCLARÉS SANS LA DATE DE NAISSANCE (O)\n";
erro=false;
if(D>0)//Se existe a coluna com informação de sexo;
{
  for(int l=1;l<N;l++){
    if(Matriz[l][D]==perdido || Matriz[l][D]=="0"){
      relatorio<<" "<<Matriz[0][A]<<": "<<Matriz[l][A]<<" in row: "<<l+1;
      relatorio<<endl;//Pula linha do relatório;
      erro=true;//Encontrou algum erro;
    } } }else{
  if(idioma==1)
    relatorio<<" Without the birth column it is not possible to verify!\n";
  else if(idioma==2)
    relatorio<<" Sem a coluna de nascimento não é possível verificar!\n";
  else if(idioma==3)
    relatorio<<" ;Sin la columna de nacimiento no es posible verificar!\n";
  else if(idioma==4)
    relatorio<<" Sans la colonne de naissance n'est pas possible vérifier !\n";
  erro=true;//Não verificou erros;
}
if(erro==false){//Se verificou mas não encontrou erros;
  if(idioma==1)relatorio<<" No errors of this type have been found!"<<endl;
  else if(idioma==2)relatorio<<" Não foram encontrados erros deste tipo!\n";
  else if(idioma==3)relatorio<<" ;No fueron encontrados errores!\n";
  else if(idioma==4)relatorio<<" Erreurs de ce type n'ont pas été trouvés !\n";
}cout<<"\r [ >>>>>>          ][35%]";//Loading 7;
//ALGORÍTIMOS DE PESQUISA SEQUÊNCIAL (5):
CORRESP[0]=perdido;
int R=1, K;//Valor inicial do recodificador;
//PAIS QUE NÃO APARECEM NA COLUNA ANIMAL:
for(int l=1;l<N;l++)//

```



```

        else if(RECOD1[i] == armazen2) RECOD1[i]=armazem1;
        if(RECOD2[i] == armazen1) RECOD2[i]=armazem2;
        else if(RECOD2[i] == armazen2) RECOD2[i]=armazem1;
        if(RECOD3[i] == armazen1) RECOD3[i]=armazem2;
        else if(RECOD3[i] == armazen2) RECOD3[i]=armazem1;
        //obs: 2 elses são a chave para não desfazer os if's anteriores;
    }
    armazen=CORRESP[RECOD1[1]]; //Substituir valores de correspondência 1/3;
    CORRESP[RECOD1[1]]=CORRESP[RECOD2[1]]; //Subst. valores de corresp. 2/3;
    CORRESP[RECOD2[1]]=armazem; //Substituir valores de correspondência 3/3;
}
}
for(int l=1;l<N;l++)
{
    if(RECOD1[l]<RECOD3[l]) //PAI MAIOR DO QUE FILHO:
    {
        k=k+1; //Acrescenta um a cada erro encontrado;
        armazen1=RECOD1[l]; //Armazena valor para realizar subst. de códigos;
        armazen2=RECOD3[l]; //Armazena valor para realizar subst. de códigos;
        for(int i=1;i<N;i++)
        {
            if(RECOD1[i] == armazen1) RECOD1[i]=armazem2;
            else if(RECOD1[i] == armazen2) RECOD1[i]=armazem1;
            if(RECOD2[i] == armazen1) RECOD2[i]=armazem2;
            else if(RECOD2[i] == armazen2) RECOD2[i]=armazem1;
            if(RECOD3[i] == armazen1) RECOD3[i]=armazem2;
            else if(RECOD3[i] == armazen2) RECOD3[i]=armazem1;
            //obs: 2 elses são a chave para não desfazer os if's anteriores;
        }
        armazen=CORRESP[RECOD1[l]]; //Substituir valores de correspondência 1/3;
        CORRESP[RECOD1[l]]=CORRESP[RECOD3[l]]; //Subst. valores de corresp. 2/3;
        CORRESP[RECOD3[l]]=armazem; //Substituir valores de correspondência 3/3;
    }
}
if(k>K) K=k; //Armazena o maior k, o primeiro, indica o nº inicial de erros;
if(j==k) //Verifica se k repetil na ultima rodada;
    c=c+1; //Incrementa 1 se o nº de erros desta rodada for igual a anterior;
else //Caso k não repetil na ultima rodada;
    c=0; //Zera c cada vez que o nº de erros é diferente do da ultima rodada;
if(k==0 || c==25) //Repete 25 rodadas -> Pai e mãe estão se atrapalhando;
    erro=true; //permite sair do while;
j=k; //c armazena o ultimo k desta rodada;
}
if(j>0){
    if(idioma==1)
        relatorio<<" The following errors must be corrected manually: \n";
    else if(idioma==2)
        relatorio<<" Os erros seguinte devem ser corrigidos manualmente: \n";
    else if(idioma==3)
        relatorio<<" Los siguientes errores deben ser corregidos manualmente:\n";
    else if(idioma==4)
        relatorio<<" Les erreurs suivants doivent être corrigés manuellement :\n";
    for(int i=1;i<=j/2;i++){

```



```

        recodificado<<Matriz[l][i]<<"\t";
    }
}
recodificado<<endl;//Solta linha no arquivo recodificado;
k=k+1;//Acrecenta o número de linhas necessário;
}
else if(RECOD1[l]==RECOD1[l-1]&& RECOD1[l]!=0)//Não falhar com duplicados;
{
    achou=true;
    recodificado<<RECOD1[l]<<"\t";i=1;//Animal sempre tem e começar em 1;
    if(P>0){recodificado<<RECOD2[l]<<"\t";i=i+1;}
    if(M>0){recodificado<<RECOD3[l]<<"\t";i=i+1;}
    if(S>0){recodificado<<Matriz[l][S]<<"\t";i=i+1;}
    if(D>0)
    {
        if(Matriz[l][D]=="0")recodificado<<"0 \t\t";
        else recodificado<<Matriz[l][D]<<"\t";
        i=i+1;//Se existe data i tem de aumentar;
    }
    for(int c=1;c<=C;c++)
    {
        if(c!=A && c!=P && c!=M && c!=S && c!=D)
        {
            i=i+1;//Colunas extras;
            recodificado<<Matriz[l][i]<<"\t";
        }
    }
    recodificado<<endl;//Solta linha no arquivo recodificado;
}
else//Imprimir indivíduos que não aparecem na coluna animal;
{
    recodificado<<k<<"\t";//Imprime animal;
    for(int j=1;j<C;j++)//Roda o número de colunas menos um (animal);
    {
        if(j==3)//Trabalha com o sexo, encontrando o dos animais não declar.;
        {
            achoP=false;i=0;
            while(i<N && achoP==false)
            {
                i=i+1;
                if(k==RECOD2[i])//Declara macho automaticamente;
                {
                    recodificado<<"1\t";
                    achoP=true;
                }
                else if(k==RECOD3[i])//Declara fêmea automaticamente;
                {
                    recodificado<<"2\t";
                    achoP=true;
                }
            }
        }
        if(achop==false)
            recodificado<<"0\t";
    }
}

```



```

    }
    system("pause");//Pausa o programa;
    return;
} //Fim da função RENPED;
//RECODIFICAR ARQUIVOS DE DADOS LIGADOS A PEDIGREES CODIFICADOS PELO RENPED:////
//RECODIFICAR ARQUIVOS DE DADOS LIGADOS A PEDIGREES CODIFICADOS PELO RENPED:////
void DATARECODER()
{
    //DECLARANDO ARQUIVOS DE TRABALHO:
    ifstream correspondencia, entrada;
    ofstream recodificado;//relatorio;
    correspondencia.open("CORRESP.txt");//Baixa dados deste arquivo;
    if(correspondencia.fail()){
        if(idioma==1)cout<<" CORRESP file has not been found!\n";
        else if(idioma==2)cout<<" O arquivo CORRESP nao foi encontrado!\n";
        else if(idioma==3)cout<<" !El archivo CORRESP no fue encontrado!\n";
        else if(idioma==4)printf(" Le fichier CORRESP n'a pas été trouvé!",130);
        cout<<endl;system("pause");//Pausa o programa neste ponto;
        return;//Sai da função RESULTDECODER e volta para a função principal;
    }
    int n=0;//Para iniciar na linha zero de comentário;
    string lixo;//Para receber informações
    correspondencia>>lixo;correspondencia>>lixo;//Queima informações do cabeçalho;
    correspondencia>>lixo;int R;//Trabalhando para conseguir número de animais;
    R=atoi(lixo.c_str());//Número de animais no Corresp.txt;
    string CORRESP[R+1];//Declara o vetor de strings eficiente;
    while (!correspondencia.eof())//Verifica o final do arquivo;
    {
        n = n + 1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
        correspondencia>>lixo;//Queima informação Código que já estará no ponteiro;
        correspondencia>>CORRESP[n];//Guarda informação Original;
        //Transfere dados após dado;
    }
    correspondencia.clear();correspondencia.close();//Fechar, já utilizou;
    //LEITURA DO ARQUIVO DE DADOS;
    if(idioma==1){
        cout<<"\n FORMAT THE FILE WITH HEADER AND DELETE BLANK LINES!";
        cout<<"\n ENTER WITH YOUR FILE NAME (Exemplo: data.txt)\n";
    }else if(idioma==2){
        cout<<"\n FORMATE O ARQUIVO COM CABECALHO E EXCLUA LINHAS EM BRANCO!";
        cout<<"\n ENTRE COM O NOME DO ARQUIVO (Exemplo: dados.txt)\n";
    }else if(idioma==3){
        cout<<"\n ;ORGANIZE EL O ARCHIVO ENCABEZADO Y SIN LÍNEAS EN BLANCO!";
        cout<<"\n INTRODUCZA EL NOMBRE DEL ARCHIVO (Ejemplo: datos.txt)\n";
    }else if(idioma==4){
        cout<<"\n FORMATEZ LE FICHER AVEC EN-TÊTE ET SANS LIGNES BLANCHES!";
        cout<<"\n ENTREZ AVEC LE NOM DU FICHER (Exemple: data.txt)\n";
    }
    string nome;//Declara a string que recebe o nome do arquivo de entrada;
    cin>>nome;//Recebe do usuário o nome do arquivo de entradas;
    entrada.open(nome.c_str());
    if(entrada.fail())

```

```

{
  if(idioma==1){
    cout<<"\n The program was successfully executed!\n";
    cout<<" - Open the DATA-RECOD file to access the recoded data;\n";
    cout<<" - Thank you, until next time! \n";
  }else if(idioma==2){
    cout<<"\n O programa foi executado com sucesso!\n";
    cout<<" -Abra o arquivo DATA-RECOD para acessar os dados recodificados;\n";
    cout<<" -Obrigado, até a próxima! \n";
  }else if(idioma==3){
    cout<<"\n ;El programa fue ejecutado con éxito!\n";
    cout<<" -Abra el archivo DATA-RECOD para acceder a los datos recodif.;\n";
    cout<<" -;Gracias, hasta la próxima! \n";
  }else if(idioma==4){
    cout<<"\n Le logiciel a été exécuté avec succès!\n";
    cout<<" -Ouvrez le fich. DATA-RECORD pour donner accès aux donées recod.\n";
    cout<<" -Merci beaucoup, à bientôt! \n";
  }cout<<"\n*****\n";
  system("pause");
  return;//finalizar o programa;
}
//PEDE AO USUÁRIO QUE INFORME O SIMBOLO OU VALOR PARA DADOS PERDIDOS:
cout<<"What is the animal column number? ";
int A;cin>>A;//Declara e recebe posição da coluna animal;
cout<<"What is the sire column number? (zero se nao houver) ";
int P;cin>>P;//Declara e recebe posição da coluna pai;
cout<<"What is the dam column number? (zero se nao houver) ";
int M;cin>>M;//Declara e recebe posição da coluna mae;
cout<<"What is the column number of data file? (prevent excess) ";
int C;cin>>C;//Declara e recebe número total de colunas;
cout<<"\n\nPlease, Wait some minuts for the results! \n";
cout<<"*****\n";
cout<<"\r [          ][0%]";//Loading A p/ o user não pensar que travou;
//VERIFICA NÚMERO DE LINHAS NO ARQUIVO DE DADOS;
int X=-1;//Para iniciar na linha zero de comentário;
while(!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;
{
  X=X+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
  entrada>>lixo;//Queima informação;
}
entrada.clear();entrada.seekg(0,ios::beg);//Volta leitura para inicio do arq.;
//DECLARA MATRIZES AJUSTADAS PARA A NECESSIDADE DO USUÁRIO:
string Matriz[X/C+2][C];//Declara matriz com número de linhas eficiente (>=2);
//LER E GUARDAR OS DADOS NA MATRIZ INICIAL:
int N=-1;//Para iniciar na linha zero de comentário;
while (!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;
{
  N=N+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
  for(int c=1;c<=C;c++)
  {
    entrada>>Matriz[N][c];//Transfere dado após dado;
    //cout<<Matriz[N][c]<<"\t";//Comando para versão verificadora de bugs;
  }//cout<<endl;//Comando para versão verificadora de bugs;
}

```

```

}
entrada.clear();entrada.close();//Dispensar, não precisa mais;
cout<<"\r [ >>>          ] [20%]";//Loading B, usuário não pensar que travou;
bool achoA, achoP, achoM;
int APM[N][3];//Declara Matriz de animal, pai e mãe recodificados;
for(int i=1;i<=N;i++)
{
    achoA=false;achoP=false;achoM=false;
    for(int j=1;j<=n;j++)
    {
        if(Matriz[i][A]==CORRESP[j])
        {
            achoA=true;//Trorna o booleano verdadeiro;
            APM[i][1]=j;//Atribui valor codificado;
        }
        if(Matriz[i][P]==CORRESP[j])
        {
            achoP=true;
            APM[i][2]=j;
        }
        if(Matriz[i][M]==CORRESP[j])
        {
            achoM=true;
            APM[i][3]=j;
        }
        if(achoA==false)APM[i][1]=0;//Animal não codificado no RENPED;
        if(achoP==false)APM[i][2]=0;//Pai não codificado no RENPED;
        if(achoM==false)APM[i][3]=0;//Mãe não codificada no RENPED;
    }
}
cout<<"\r [ >>>>>          ] [40%]";//Loading C usuário não pensar que travou;
//REORDENAR O ARQUIVO DE DADOS RECODIFICADO:
int inteiro;//Declara uma variável inteira usada como armazen;
string armazen;//Declara uma string usada como armazen;
for (int k=1;k<N;k++)//Reordenar - laço externo;
{
    for (int l=k+1;l<=N; l++)//Reordenar - laço interno;
    {
        if (APM[k][1]>APM[l][1])//Verifica se anterior é maior que próximo;
        {
            //Troca animal de posição;
            inteiro = APM[k][1];
            APM[k][1] = APM[l][1];
            APM[l][1] = inteiro;
            //Troca pai de posição;
            inteiro = APM[k][2];
            APM[k][2] = APM[l][2];
            APM[l][2] = inteiro;
            //Troca mae de posição;
            inteiro = APM[k][3];
            APM[k][3] = APM[l][3];
            APM[l][3] = inteiro;
            //Troca demais linhas das demais colunas;

```



```

    cout<<" -¡Gracias, hasta la próxima! \n";
}else if(idioma==4){
    cout<<"\n Le logiciel a été exécuté avec succès!\n";
    cout<<" -Ouvrez le fichier DATA-RECORD pour donner accès aux donées recodés;";
    cout<<"\n -Merci beaucoup, à bientôt! \n";
}cout<<"\n*****\n";
system("pause");//Pausa o programa;
return;
}
////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////
//DESCODIFICA ARQUIVOS DE RESULTADOS DE AVALIAÇÕES GENÉTICAS - USA CORRESP.TXT//
////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////
void RESULTDECODER()
{
    //DECLARANDO ARQUIVOS DE TRABALHO:
    ifstream correspondencia, entrada;
    ofstream descodificado;//relatorio;
    correspondencia.open("CORRESP.txt");//Baixa dados deste arquivo;
    if(correspondencia.fail()){
        if(idioma==1)cout<<" CORRESP file has not been found!\n";
        else if(idioma==2)cout<<" O arquivo CORRESP nao foi encontrado!\n";
        else if(idioma==3)cout<<" ;El archivo CORRESP no fue encontrado!\n";
        else if(idioma==4)printf(" Le fichier CORRESP n'a pas été trouvé",130);
        cout<<endl;system("pause");//Pausa o programa neste ponto;
        return;//Sai da função RESULTDECODER e volta para a função principal;
    }
    int n=0;//Para iniciar na linha zero de comentário;
    string lixo;//Para receber informações
    correspondencia>>lixo;correspondencia>>lixo;//Queima informações do cabaçalho;
    correspondencia>>lixo;int R;//Trabalhando para conseguir número de animais;
    R=atoi(lixo.c_str());//Número de animais no Corresp.txt;
    string CORRESP[R+1];//Declara o vetor de strings eficiente;
    while (!correspondencia.eof())//Verifica o final do arquivo;
    {
        n = n + 1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
        correspondencia>>lixo;//Queima informação Código que já estará no ponteiro;
        correspondencia>>CORRESP[n];//Guarda informação Original;
        //Transfere dados após dado;
    }
    correspondencia.clear();correspondencia.close();//Fechar, já utilizou;
    //LEITURA DO ARQUIVO DE DADOS;
    if(idioma==1){
        cout<<"\n FORMAT THE FILE WITH HEADER AND DELETE BLANK LINES!";
        cout<<"\n ENTER WITH YOUR FILE NAME (Exemplo: data.txt)\n";
    }else if(idioma==2){
        cout<<"\n FORMATE O ARQUIVO COM CABECALHO E EXCLUA LINHAS EM BRANCO!";
        cout<<"\n ENTRE COM O NOME DO ARQUIVO (Exemplo: dados.txt)\n";
    }else if(idioma==3){
        cout<<"\n ;ORGANICE EL ARCHIVO CON ENCABEZADO Y SIN LÍNEAS EN BLANCO!";
        cout<<"\n INTRODUZCA EL NOMBRE DEL ARCHIVO (Ejemplo: datos.txt)\n";
    }else if(idioma==4){
        cout<<"\n FORMATEZ LE FICHER AVEC EN-TÊTE ET SANS LIGNES BLANCHES!";
        cout<<"\n ENTREZ AVEC LE NOM DU FICHER (Exemple: data.txt)\n";
    }
}

```

```

}
string nome;//Declara a string que recebe o nome do arquivo de entrada;
cin>>nome;//Recebe do usuário o nome do arquivo de entradas;
entrada.open(nome.c_str());
if(entrada.fail())
{
    if(idioma==1){
        cout<<"ERROR: \n";
        cout<<"\t The file is not in the same folder as the program \n";
        cout<<"\t or the file name may be wrong! \n";
    }else if(idioma==2){
        cout<<"ERRO: \n";
        cout<<"\t O arquivo não está na mesma pasta do programa \n";
        cout<<"\t ou o nome do arquivo pode estar errado! \n";
    }else if(idioma==3){
        cout<<"ERRO: \n";
        cout<<"\t ;El archivo no está en la misma carpeta del programa \n";
        cout<<"\t o el nombre del archivo puede estar errado! \n";
    }else if(idioma==4){
        cout<<"ERRO: \n";
        cout<<"\t Le fichier n'est pas dans le même dossier du logiciel \n";
        cout<<"\t ou le nom du fichier n'est pas correct! \n";
    }
}
return;//finalizar o programa;
}
//PEDE AO USUÁRIO QUE INFORME O SIMBOLO OU VALOR PARA DADOS PERDIDOS:
cout<<"What is the animal column number? ";
int A;cin>>A;//Declara e recebe posição da coluna animal;
cout<<"What is the sire column number? (zero se nao houver) ";
int P;cin>>P;//Declara e recebe posição da coluna pai;
cout<<"What is the dam column number? (zero se nao houver) ";
int M;cin>>M;//Declara e recebe posição da coluna mae;
cout<<"What is the number of the columns in the file? (prevent excess) ";
int C;cin>>C;//Declara e recebe número total de colunas;
cout<<"\n\nAguarde alguns segundos pelo resultado! \n";
cout<<"*****\n";
cout<<"\r [          ]";//Loading A para o usuário não pensar que travou;
//VERIFICA NÚMERO DE LINHAS NO ARQUIVO DE DADOS;
int X=-1;//Para iniciar na linha zero de comentário;
while(!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;
{
    X=X+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
    entrada>>lixo;//Queima informação;
}
entrada.clear();entrada.seekg(0,ios::beg);//Volta leitura para início do arq.;
//DECLARA MATRIZES AJUSTADAS PARA A NECESSIDADE DO USUÁRIO:
string Matriz[X/C+2][C];//Declara matriz com número de linhas eficiente (>=2);
//LER E GUARDAR OS DADOS NA MATRIZ INICIAL:
int N=-1;//Para iniciar na linha zero de comentário;
while (!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;
{
    N=N+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
    for(int c=1;c<=C;c++)entrada>>Matriz[N][c];//Transfere dado após dado;
}

```



```

        else if (c==M)
            descodificado<<APM[i][2]<<"\t";//Imprime mãe;
        else
            descodificado<<Matriz[i][c]<<"\t";//Imprime demais colunas;
    }
    descodificado<<"\n";//Solta linha no arquivo descodificado;
}
}cout<<"6";system("pause");
cout<<"\r [>>>>>>>>>>]";//Loading E para o usuário não pensar que travou;
descodificado.close(); //Fechar arquivo;
//RECOMENDAÇÕES FINAIS:
if(idioma==1){
    cout<<"\n The program was successfully executed!\n";
    cout<<" - Open the RES-DECOD file to access the decoded results;\n";
    cout<<" - Thank you, until next time! \n";
}else if(idioma==2){
    cout<<"\n O programa foi executado com sucesso!\n";
    cout<<" - Abra o arquivo RES-DECOD para acessar os resultados ";
    cout<<"descodificados;\n - Obrigado, até a proxima! \n";
}else if(idioma==3){
    cout<<"\n El programa fue ejecutado con éxito!\n";
    cout<<" - Abra el archivo RES-DECOD para acceder a los resultados ";
    cout<<"descodificados;\n - Gracias, hasta la vista! \n";
}else if(idioma==4){
    cout<<"\n Le logiciel a été exécuté avec succès!\n";
    cout<<" - Ouvrez le fichier RES-DECOD pour donner accès aux données recodés;";
    cout<<"\n - Merci beaucoup, à bientôt! \n";
}cout<<"\n*****\n";
system("pause");//Pausa o programa;
return;
}
////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////
////STARTING VALUES TO UNITRAIT ANALYSIS:
////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////
void SVuni ()
{
    //DECLARANDO ARQUIVOS DE TRABALHO:
    ifstream entrada;
    //LEITURA DO ARQUIVO DE DADOS;
    if(idioma==1){
        cout<<"\n FORMAT THE FILE WITH HEADER AND DELETE BLANK LINES!";
        cout<<"\n ENTER WITH YOUR FILE NAME (Exemplo: data.txt)\n";
    }else if(idioma==2){
        cout<<"\n FORMATE O ARQUIVO COM CABECALHO E EXCLUA LINHAS EM BRANCO!";
        cout<<"\n ENTRE COM O NOME DO ARQUIVO (Exemplo: dados.txt)\n";
    }else if(idioma==3){
        cout<<"\n ORGANICE EL ARCHIVO CON ENCABEÇADO Y SIN LÍNEAS EN BLANCO!";
        cout<<"\n INTRODUZCA EL NOMBRE DEL ARCHIVO (Ejemplo: datos.txt)\n";
    }else if(idioma==4){
        cout<<"\nFORMATEZ LE FICHER AVEC EN-TÊTE DE LISTE ET SANS LIGNES BLANCHES!";
        cout<<"\nENTREZ AVEC LE NOM DU FICHER (Exemple: data.txt)\n";
    }
    string nome;//Declara a string que recebe o nome do arquivo de entrada;

```

```

cin>>nome;//Recebe do usuário o nome do arquivo de entradas;
entrada.open(nome.c_str());
if(entrada.fail())
{
    if(idioma==1){
        cout<<"ERROR: \n";
        cout<<"\t The file is not in the same folder as the program \n";
        cout<<"\t or the file name may be wrong! \n";
    }else if(idioma==2){
        cout<<"ERRO: \n";
        cout<<"\t O arquivo não está na mesma pasta do programa \n";
        cout<<"\t ou o nome do arquivo pode estar errado! \n";
    }else if(idioma==3){
        cout<<"ERRO: \n";
        cout<<"\t ;El archivo no está en la misma carpeta del programa \n";
        cout<<"\t o el nombre del archivo puede estar errado! \n";
    }else if(idioma==4){
        cout<<"ERRO: \n";
        cout<<"\t Le fichier n'est pas dans le même dossier du programme \n";
        cout<<"\t ou le nom du fichier n'est pas correct! \n";
    }
    return;//finalizar o programa;
}////////////////////////////////////
if(idioma==1)cout<<"What is the target column number? ";
else if(idioma==2)
    cout<<"Qual é o número da coluna da característica analisada? ";
else if(idioma==3)
    cout<<"¿Cuál es el número de la columna de la característica analizada? ";
else if(idioma==4)
    cout<<"Quel est le numéro de la colonne de la caractéristique analysée?";
int A;cin>>A;//Declara e recebe posição da coluna alvo;
if(idioma==1)
    cout<<"What is the total column number of file? (prevent excess)";
else if(idioma==2)
    cout<<"Qual é o número de colunas no arquivo? (excesso inviabiliza)";
else if(idioma==3)
    cout<<"¿Cuál es el número de columnas en el archivo? (evite el exceso)";
else if(idioma==4)
    cout<<" Quel est le nombre de colonnes dans le fichier? (evitez les excès)";
int C;cin>>C;//Declara e recebe número total de colunas;
float herdability;//Declara h²;
do{
    cout<<"What is the heritability expected? (0 a 1 - literature) ";
    cin>>herdability;//Recebe o valor de h²;
}while(herdability<0 || herdability>1);//Só aceita fora deste intervalo;
if(idioma==1)cout<<"\n\n Please, wait some minuts for the results! \n";
else if(idioma==2)
    cout<<"\n\n Por favor, espere alguns minutos pelos resultados! \n";
else if(idioma==3)
    cout<<"\n\n ;Por favor, espere algunos minutos por los resultados! \n";
else if(idioma==4)
    cout<<"\n\n S'il vous plaît, attendez quelques minutes pour les résultats!";
cout<<"\n*****\n";

```

```

//VERIFICA NÚMERO DE LINHAS NO ARQUIVO DE DADOS;
int X=-1;//Para iniciar na linha zero de comentário;
string lixo;//Declara variável que queima valores não interessantes;
while(!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;
{
    X=X+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
    entrada>>lixo;//Queima informação;
}
entrada.clear();entrada.seekg(0,ios::beg);//Volta leitura para inicio;
//DECLARA MATRIZES AJUSTADAS PARA A NECESSIDADE DO USUÁRIO:
float Alvo[X/C+2];//Declara vetor com nº de linhas eficiente (>=2);
//LER E GUARDAR OS DADOS NA MATRIZ INICIAL:
int N=-1;//Para iniciar na linha zero de cabeçalho;
while (!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;
{
    N=N+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
    for(int c=1;c<=C;c++)//Colunas;
    {
        if(c==A && N>0)entrada>>Alvo[N];//Transfere dado após dado;
        else entrada>>lixo;
    }
}
float soma=0;for(int l=1;l<=N;l++)soma=soma+Alvo[l];//SOMATÓRIO:
float SQ=0;for(int l=1;l<=N;l++)SQ=SQ+Alvo[l]*Alvo[l];//Soma de Quadrados:
float media=soma/N;//MÉDIA:
float QMD=(SQ-soma*soma/N)/(N-1);//Variância:
if(idioma==1){
    cout<<"RESULTS:\n\n";
    cout<<"Averege of the trait: "<<media<<endl;
    cout<<"Phenotypic variance: "<<QMD<<"\n\n";
    cout<<"Start -> genotic variance: "<<QMD*herdability<<endl;//VarGenAd;
    cout<<"Start -> residual variance: "<<QMD*(1-herdability)<<"\n\n";//VarRes;
}else if(idioma==2){
    cout<<"RESULTADOS:\n\n";
    cout<<"Média da característica: "<<media<<endl;
    cout<<"Variância fenotípica: "<<QMD<<"\n\n";
    cout<<"Partida -> Variância genética: "<<QMD*herdability<<endl;//VarGenAd;
    cout<<"Partida -> Variância residual: "<<QMD*(1-herdability)<<"\n\n";//VarR;
}else if(idioma==3){
    cout<<"RESULTADOS:\n\n";
    cout<<"Media de la característica: "<<media<<endl;
    cout<<"Variancia fenotípica: "<<QMD<<"\n\n";
    cout<<"Partida -> Variancia genética: "<<QMD*herdability<<endl;//VarGenAd;
    cout<<"Partida -> Variancia residual: "<<QMD*(1-herdability)<<"\n\n";//VarR;
}else if(idioma==4){
    cout<<"RÉSULTATS:\n\n";
    cout<<"Moyenne de la caracteristique: "<<media<<endl;
    cout<<"Variance phénotypique: "<<QMD<<"\n\n";
    cout<<"Départ -> Variance génétique: "<<QMD*herdability<<endl;//VarGenAd;
    cout<<"Départ -> Variance résiduelle: "<<QMD*(1-herdability)<<"\n\n";//VarR;
}
}
}
////////////////////////////////////

```

```

////STARTING VALUES TO UNITRAIT ANALYSIS REPETIBILITY MODELS:      ////////////////
////////////////////////////////////
void SVrep()
{
    //DECLARANDO ARQUIVOS DE TRABALHO:
    ifstream entrada;
    //LEITURA DO ARQUIVO DE DADOS;
    if(idioma==1){
        cout<<"\n FORMAT THE FILE WITH HEADER AND DELETE BLANK LINES!";
        cout<<"\n ENTER WITH YOUR FILE NAME (Exemplo: data.txt)\n";
    }else if(idioma==2){
        cout<<"\n FORMATE O ARQUIVO COM CABECALHO E EXCLUA LINHAS EM BRANCO!";
        cout<<"\n ENTRE COM O NOME DO ARQUIVO (Exemplo: dados.txt)\n";
    }else if(idioma==3){
        cout<<"\n ;ORGANICE EL ARCHIVO CON ENCABEZADO Y SIN LÍNEAS EN BLANCO!";
        cout<<"\n INTRODUCZA EL NOMBRE DEL ARCHIVO (Ejemplo: datos.txt)\n";
    }else if(idioma==4){
        cout<<"\n FORMATEZ LE FICHER AVEC EN-TÊTE ET SANS LIGNES BLANCHES!";
        cout<<"\n ENTREZ AVEC LE NOM DU FICHER (Exemple: data.txt)\n";
    }
    string nome;//Declara a string que recebe o nome do arquivo de entrada;
    cin>>nome;//Recebe do usuário o nome do arquivo de entradas;
    entrada.open(nome.c_str());
    if(entrada.fail())
    {
        if(idioma==1){
            cout<<"ERROR: \n";
            cout<<"\t The file is not in the same folder as the program \n";
            cout<<"\t or the file name may be wrong! \n";
        }else if(idioma==2){
            cout<<"ERRO: \n";
            cout<<"\t O arquivo não está na mesma pasta do programa \n";
            cout<<"\t ou o nome do arquivo pode estar errado! \n";
        }else if(idioma==3){
            cout<<"ERRO: \n";
            cout<<"\t ;El archivo no está en la misma carpeta del programa \n";
            cout<<"\t o el nombre del archivo puede estar errado! \n";
        }else if(idioma==4){
            cout<<"ERRO: \n";
            cout<<"\t Le fichier n'est pas dans le même dossier du programme \n";
            cout<<"\t ou le nom du fichier n'est pas correct! \n";
        }
        return;//finalizar o programa;
    }
    if(idioma==1)cout<<"What is the target column number? ";
    else if(idioma==2)
        cout<<"Qual é o número da coluna da característica analisada? ";
    else if(idioma==3)
        cout<<"Cual es el numero de la columna de la característica analisada? ";
    else if(idioma==4)
        cout<<"Quel est le numéro de la colonne de la caractéristique analysée ?";
    int A;cin>>A;//Declara e recebe posição da coluna animal;
    if(idioma==1)

```

```

    cout<<"What is the total column number of file? (prevent excess)";
else if(idioma==2)
    cout<<"Qual é o número de colunas no arquivo? (excesso inviabiliza)";
else if(idioma==3)
    cout<<"¿Cuál es el número de columnas en el archivo? (exceso inviabiliza)";
else if(idioma==4)
    cout<<"Quel est le nombre de colonnes dans le fichier? (evitez les excès)";
int C;cin>>C;//Declara e recebe número total de colunas;
float herd, rept;//Declara  $h^2$  e  $r$ ;
do{
    if(idioma==1)
        cout<<"What is the heritability expected? (0 a 1 - literature) ";
    else if(idioma==2)
        cout<<"Qual é a herdabilidade esperada? (0 a 1 - literatura) ";
    else if(idioma==3)
        cout<<"¿Cuál es la herdabilidad esperada? (0 a 1 - literatura) ";
    else if(idioma==4)
        cout<<"Quel est la héritabilité ? (0 à 1 - littérature) ";
    cin>>herd;//Recebe o valor de  $h^2$ ;
while(herd<0 || herd>1);//Só aceita fora deste intervalo;
do{
    if(idioma==1)
        cout<<"What is the repetibility expected? ("<<herd<<" a 1 - literature) ";
    else if(idioma==2)
        cout<<"Qual é a repetibilidade esperada? ("<<herd<<" a 1 - literatura) ";
    else if(idioma==3)
        cout<<"¿Cuál es la repetibilidad esperada? ("<<herd<<" a 1 - literatura)";
    else if(idioma==4)
        cout<<" Quel est la répétibilité attendu ? ("<<herd<<" a 1 - littérature)";

    cin>>rept;//Recebe o valor de  $h^2$ ;
while(rept<herd || rept>1);//Só aceita fora deste intervalo;
cout<<"\n\n";
if(idioma==1)cout<<" Please, wait some minuts for the results! \n";
else if(idioma==2)
    cout<<" Por favor, espere alguns minutos pelos resultados! \n";
else if(idioma==3)
    cout<<" ;Por favor, espere algunos minutos por los resultados!\n";
else if(idioma==4)
    cout<<" S'il vous plaît, attendez quelques minutes pour les résultats!\n";
cout<<"*****\n";
//VERIFICA NÚMERO DE LINHAS NO ARQUIVO DE DADOS;
int X=-1;//Para iniciar na linha zero de comentário;
string lixo;//Declara variável que queima valores não interessantes;
while(!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;
{
    X=X+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
    entrada>>lixo;//Queima informação;
}
entrada.clear();entrada.seekg(0,ios::beg);//Volta leitura para inicio;
//DECLARA MATRIZES AJUSTADAS PARA A NECESSIDADE DO USUÁRIO:
float Alvo[X/C+2];//Declara vetor com  $n^\circ$  de linhas eficiente ( $\geq 2$ );
//LER E GUARDAR OS DADOS NA MATRIZ INICIAL:

```

```

int N=-1;//Para iniciar na linha zero de cabeçalho;
while (!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;
{
    N=N+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
    for(int c=1;c<=C;c++)//Colunas;
    {
        if(c==A && N>0)entrada>>Alvo[N];//Transfere dado após dado;
        else entrada>>lixo;
    }
}
float soma=0;for(int l=1;l<=N;l++)soma=soma+Alvo[l];//SOMATÓRIO:
float SQ=0;for(int l=1;l<=N;l++)SQ=SQ+Alvo[l]*Alvo[l];//Soma de Quadrados:
float media=soma/N;//MÉDIA:
float QMD=(SQ-soma*soma/N)/(N-1);//Variância:
if(idioma==1){
    cout<<"RESULTS:\n\n";
    cout<<"Average of the trait: "<<media<<endl;
    cout<<"Phenotypic variance: "<<QMD<<"\n\n";
    cout<<"Start -> genetic variance: "<<QMD*herd<<endl;//VarGenAd;
    cout<<"Start -> Permanent envir. var.: "<<QMD*(rept-herd)<<endl;//VarAmbPer;
    cout<<"Start -> residual variance: "<<QMD*(1-rept)<<"\n\n";//VarRes;
}else if(idioma==2){
    cout<<"RESULTADOS:\n\n";
    cout<<"Média da característica: "<<media<<endl;
    cout<<"Variância fenotípica: "<<QMD<<"\n\n";
    cout<<"Partida -> Variância genotípica: "<<QMD*herd<<endl;//VarGenAd;
    cout<<"Partida -> Var. de amb. permanente: "<<QMD*(rept-herd)<<endl;//V.A.P.;
    cout<<"Partida -> Variância residual: "<<QMD*(1-rept)<<"\n\n";//VarRes;
}else if(idioma==3){
    cout<<"RESULTADOS:\n\n";
    cout<<"Media da característica: "<<media<<endl;
    cout<<"Variância fenotípica: "<<QMD<<"\n\n";
    cout<<"Partida -> Variância genotípica: "<<QMD*herd<<endl;//VarGenAd;
    cout<<"Partida -> Var. de amb. permanente: "<<QMD*(rept-herd)<<endl;//V.A.P.;
    cout<<"Partida -> Variância residual: "<<QMD*(1-rept)<<"\n\n";//VarRes;
}else if(idioma==4){
    cout<<"RÉSULTATS:\n\n";
    cout<<"Moyenne de la caractéristique: "<<media<<endl;
    cout<<"Variance phénotypique: "<<QMD<<"\n\n";
    cout<<"Départ -> Variance genotipique: "<<QMD*herd<<endl;//VarGenAd;
    cout<<"Départ -> Var. de envir. permanent: "<<QMD*(rept-herd)<<endl;//V.A.P.;
    cout<<"Départ -> Variance résiduelle: "<<QMD*(1-rept)<<"\n\n";//VarRes;
}
}
////////////////////////////////////
////STARTING VALUES TO TWOTRAITS ANALYSIS ASK FOR HERD. AND CORR.:////////
////////////////////////////////////
void SVbic()
{
    //DECLARANDO ARQUIVOS DE TRABALHO:
    ifstream entrada;
    //LEITURA DO ARQUIVO DE DADOS;
    if(idioma==1){

```

```

    cout<<"\n FORMAT THE FILE WITH HEADER AND DELETE BLANK LINES!";
    cout<<"\n ENTER WITH YOUR FILE NAME (Exemplo: data.txt)\n";
}else if(idioma==2){
    cout<<"\n FORMATE O ARQUIVO COM CABECALHO E EXCLUA LINHAS EM BRANCO!";
    cout<<"\n ENTRE COM O NOME DO ARQUIVO (Exemplo: dados.txt)\n";
}else if(idioma==3){
    cout<<"\n ORGANICE EL ARCHIVO CON ENCABEZADO Y SIN LÍNEAS EN BLANCO!";
    cout<<"\n INTRODUZCA EL NOMBRE DEL ARCHIVO (Ejemplo: datos.txt)\n";
}else if(idioma==4){
    cout<<"\n FORMATEZ LE DOSSIER AVEC EN-TÊTE ET SANS LIGNES BLANCHES!";
    cout<<"\n ENTREZ AVEC LE NOM DU FICHER (Exemple: data.txt)\n";
}
string nome;//Declara a string que recebe o nome do arquivo de entrada;
cin>>nome;//Recebe do usuário o nome do arquivo de entradas;
entrada.open(nome.c_str());
if(entrada.fail())
{
    if(idioma==1){
        cout<<"ERROR: \n";
        cout<<"\t The file is not in the same folder as the program \n";
        cout<<"\t or the file name may be wrong! \n";
    }else if(idioma==2){
        cout<<"ERRO: \n";
        cout<<"\t O arquivo não está na mesma pasta do programa \n";
        cout<<"\t ou o nome do arquivo pode estar errado! \n";
    }else if(idioma==3){
        cout<<"ERRO: \n";
        cout<<"\t ;El archivo no está en la misma carpeta del programa \n";
        cout<<"\t o el nombre del archivo puede estar errado! \n";
    }else if(idioma==4){
        cout<<"ERRO: \n";
        cout<<"\t Le fichier n'est pas dans le même dossier du programme \n";
        cout<<"\t ou le nom du fichier n'est pas correct! \n";
    }
    return;//finalizar o programa;
}
if(idioma==1)
    cout<<"What is the total column number of file? (prevent excess)";
else if(idioma==2)
    cout<<"Qual é o número de colunas no arquivo? (excesso inviabiliza)";
else if(idioma==3)
    cout<<"¿Cuál es el numero de colunas en el archivo?(el exceso inviabiliza)";
else if(idioma==4)
    cout<<"Quel est le nombre de colonnes dans le fichier? (evitez les excès)";
int C;cin>>C;//Declara e recebe número total de colunas;
if(idioma==1)cout<<"What is the number of target traits? ";
else if(idioma==2)cout<<"Qual é o número de características alvo? ";
else if(idioma==3)cout<<"¿Cuál es el numero de características blanco? ";
else if(idioma==4)cout<<"Quel est le numéro de caractéristiques cible? ";
int K;cin>>K;//Recebe número de características alvo;
int A[K];//Vetor que recebe a posição das características alvos;
float hc[K][K];//Vetores que recebem herdabilidades e repetibilidades;
for(int k=0;k<K;k++){for(int l=0;l<K;l++){

```

```

if(k==1){
    if(idioma==1)cout<<"\nWhat is the number of the column of trait";
    else if(idioma==2)cout<<"\nQual é o número da coluna da característica";
    else if(idioma==3)
        cout<<"\n¿Cuál es el número de la columna de la característica";
    else if(idioma==4)
        cout<<"\nQuel est le numéro de la colonne de la caractéristique ";
    cout<<k+1<<" ? ";
    cin>>A[k];//Recebe posição da coluna animal;
    do{
        if(idioma==1)
            cout<<"What is the herdability expected? (from 0 to 1 - literature) ";
        else if(idioma==2)
            cout<<"Qual é a herdabilidade esperada? (de 0 a 1 - literatura) ";
        else if(idioma==3)
            cout<<"¿Cuál es la heredabilidad esperada? (de 0 a 1 - literatura) ";
        else if(idioma==4)
            cout<<"Quel est la héritabilité attendu? (de 0 à 1 - littérature) ";
        cin>>hc[k][1];//Recebe o valor de h²;
    }while(hc[k][1]<0 || hc[k][1]>1);//Só aceita fora deste intervalo;
}
else if(k>1){
    do{
        if(idioma==1){
            cout<<"What is the genetic correlation expected between the traits ";
            cout<<l<<" and "<<k<<"? ";
        }else if(idioma==2){
            cout<<"Qual é a correlação genética esperada entre as ";
            cout<<"características "<<l<<" and "<<k<<"? ";
        }else if(idioma==3){
            cout<<"¿Cuál es la correlación genética esperada entre las ";
            cout<<"características "<<l<<" and "<<k<<"? ";
        }else if(idioma==4){
            cout<<"Quel est la corrélation génétique attendu entre les ";
            cout<<"caractéristiques "<<l<<" et "<<k<<"? ";
        }
    }
    cin>>hc[k][1];//Recebe o valor de correlação;
    hc[1][k]=hc[k][1];//Matriz simétrica;
}while(hc[k][1]<0 || hc[k][1]>1);//Só aceita fora deste intervalo;
}
}
if(idioma==1)cout<<"\n\n Please, wait some minuts for the results!";
else if(idioma==2)
    cout<<"\n\n Por favor, espere alguns minutos pelos resultados!";
else if(idioma==3)
    cout<<"\n\n ;Por favor, espere algunos minutos por los resultados!";
else if(idioma==4)
    cout<<"\n\n S'il vous plaît, attendez quelques minutes pour les résultats!";
cout<<"\n*****\n";
//VERIFICA NÚMERO DE LINHAS NO ARQUIVO DE DADOS;
int X=-1, k, z;//Para iniciar na linha zero de comentário;
string lixo;//Declara variável que queima valores não interessantes;
while(!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;

```

```

{
    X=X+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
    entrada>>lixo;//Queima informação;
}
entrada.clear();entrada.seekg(0,ios::beg);//Volta leitura para inicio;
//DECLARA MATRIZES AJUSTADAS PARA A NECESSIDADE DO USUÁRIO:
float Alvos[X/C+2][K];//Declara vetor com n° de linhas eficiente (>=2);
//LER E GUARDAR OS DADOS NA MATRIZ INICIAL:
int N=-1;//Para iniciar na linha zero de cabeçalho;
while (!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;
{
    N=N+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
    k=0;
    for(int c=1;c<=C;c++)//Colunas;
    {
        if(c==A[k] && N>0){
            entrada>>lixo;
            Alvos[N][k]=atof(lixo.c_str());//Transfere dado após dado;
            k=k+1;
        }else entrada>>lixo;
    }
}
if(idioma==1){
    cout<<"RESULTS:\n\n";
    cout<<"Phenotypic variance: \n";//VarFenotípica;
}else if(idioma==2){
    cout<<"RESULTADOS:\n\n";
    cout<<"Variância fenotípica: \n";
}else if(idioma==3){
    cout<<"RESULTADOS:\n\n";
    cout<<"Variancia fenotípica: \n";
}else if(idioma==4){
    cout<<"RÉSULTATS:\n\n";
    cout<<"Variance phénotypique: ";
}
float soma[K], SP[K][K], QM[K][K];
for(int k=0;k<K;k++){
    for(int z=k;z<K;z++){
        soma[z]=0;for(int l=1;l<=N;l++)soma[z]=soma[z]+Alvos[l][z];
        SP[k][z]=0;for(int l=1;l<=N;l++)SP[k][z]=SP[k][z]+Alvos[l][k]*Alvos[l][z];
        QM[k][z]=(SP[k][z]-soma[k]*soma[z]/N)/(N-1);
        cout<<QM[k][z]<<"\t";
    }cout<<endl;
}cout<<endl;
if(idioma==1)cout<<"Start -> Genetic variance: \n\n";//VarGenAd;
else if(idioma==2)cout<<"Partida -> Variância genética: \n\n";
else if(idioma==3)cout<<"Partida -> Variancia genetica: \n\n";
else if(idioma==4)cout<<"Départ -> Variance génétique : \n\n";
for(int k=0;k<K;k++){
    for(int l=k;l<K;l++)
        cout<<hc[k][l]*sqrt(QM[k][k]*hc[k][k]*hc[l][l]*QM[l][l])<<"\t";
    cout<<endl;
}cout<<"\n\n";

```

```

cout<<"Start -> Residual variance: \n\n";//VarRes;
for(int k=0;k<K;k++){
    for(int l=k;l<K;l++)
        cout<<QM[k][l]-hc[k][l]*sqrt(QM[k][k]*hc[k][k]*hc[l][l]*QM[l][l])<<"\t";
    cout<<endl;
}cout<<"\n\n";
};//->Erro faltando fechar ou sobrando abrir colchete neste void!
////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////
////STARTING VALUES TO MULT-TRAIT ANALYSIS ASK JUST FOR HERD. (rp=rg=rr):////
////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////
void SVMult()//Para reduzir questionário adimite-se nesta opção > CORp=CORg=CORe;
{
    //DECLARANDO ARQUIVOS DE TRABALHO:
    ifstream entrada;
    //LEITURA DO ARQUIVO DE DADOS;
    if(idioma==1){
        cout<<"\n FORMAT THE FILE WITH HEADER AND DELETE BLANK LINES!";
        cout<<"\n ENTER WITH YOUR FILE NAME (Exemplo: data.txt)\n";
    }else if(idioma==2){
        cout<<"\n FORMATE O ARQUIVO COM CABECALHO E EXCLUA LINHAS EM BRANCO!";
        cout<<"\n ENTRE COM O NOME DO ARQUIVO (Exemplo: dados.txt)\n";
    }else if(idioma==3){
        cout<<"\n ORGANICE EL ARCHIVO CON ENCABEZADO Y SIN LÍNEAS EN BLANCO!";
        cout<<"\n INTRODUCZA EL NOMBRE DEL ARCHIVO (Ejemplo: datos.txt)\n";
    }else if(idioma==4){
        cout<<"\n FORMATEZ LE FICHER AVEC EN-TÊTE ET SANS LIGNES BLANCHES!";
        cout<<"\n ENTREZ AVEC LE NOM DU FICHER (Exemple: data.txt)\n";
    }
    string nome;//Declara a string que recebe o nome do arquivo de entrada;
    cin>>nome;//Recebe do usuário o nome do arquivo de entradas;
    entrada.open(nome.c_str());
    if(entrada.fail())
    {
        if(idioma==1){
            cout<<"ERROR: \n";
            cout<<"\t The file is not in the same folder as the program \n";
            cout<<"\t or the file name may be wrong! \n";
        }else if(idioma==2){
            cout<<"ERRO: \n";
            cout<<"\t O arquivo não está na mesma pasta do programa \n";
            cout<<"\t ou o nome do arquivo pode estar errado! \n";
        }else if(idioma==3){
            cout<<"ERRO: \n";
            cout<<"\t ;El archivo no está en la misma carpeta del programa \n";
            cout<<"\t o el nombre del archivo puede estar errado! \n";
        }else if(idioma==4){
            cout<<"ERRO: \n";
            cout<<"\t Le fichier n'est pas dans le même dossier du programme \n";
            cout<<"\t ou le nom du fichier n'est pas correct! \n";
        }
    }
    return;//finalizar o programa;
}
if(idioma==1)

```

```

    cout<<"What is the total column number of file? (prevent excess)";
else if(idioma==2)
    cout<<"Qual é o número de colunas no arquivo? (excesso inviabiliza)";
else if(idioma==3)
    cout<<"¿Cuál es el número de columnas en el archivo?(exceso inviabiliza)";
else if(idioma==4)
    cout<<"Quel est le nombre de colonnes dans le fichier ? ( )";
int C;cin>>C;//Declara e recebe número total de colunas;
if(idioma==1)cout<<"What is the number of the target traits? ";
else if(idioma==2)cout<<"Qual é o número de características alvo? ";
else if(idioma==3)cout<<"¿Cuál es el número de características? ";
else if(idioma==4)cout<<"Quel est le numéro des caractéristiques cible?";
int K;cin>>K;//Recebe número de características alvo;
int A[K];//Vetor que recebe a posição das características alvos;
float h2[K];//Vetores que recebem herdabilidades e repetibilidades;
for(int k=0;k<K;k++)
{
    if(idioma==1)cout<<"\nWhat is the number of the column of the trait ";
    else if(idioma==2)cout<<"\nQual é o número da coluna da característica ";
    else if(idioma==3)
        cout<<"\n¿Cuál es el número de la columna de la característica ";
    else if(idioma==4)
        cout<<"\nQuel est le numéro de la colonne de la caractéristique?";
    cout<<k+1<<"? ";
    cin>>A[k];//Recebe posição da coluna animal;
    do{
        if(idioma==1)
            cout<<"What is the herdability expected? (from 0 to 1 - literature) ";
        else if(idioma==2)
            cout<<"Qual é a herdabilidade esperada? (de 0 a 1 - literatura) ";
        else if(idioma==3)
            cout<<"Cual es la heredabilidad esperada? (de 0 a 1 - literatura) ";
        else if(idioma==4)
            cout<<"Quel est la héritabilité attendu? (de 0 à 1 - littérature) ";
        cin>>h2[k];//Recebe o valor de h²;
    }while(h2[k]<0 || h2[k]>1);//Só aceita fora deste intervalo;
}
if(idioma==1)cout<<"\n\n Please, wait some minuts for the results!";
else if(idioma==2)
    cout<<"\n\n Por favor, aguarde alguns minutos pelos resultados!";
else if(idioma==3)
    cout<<"\n\n ;Por favor, espere algunos minutos por los resultados!";
else if(idioma==4)
    cout<<"\n\n S'il vous plaît, attendez quelques minutes pour les résultats!";
cout<<"\n*****\n";
//VERIFICA NÚMERO DE LINHAS NO ARQUIVO DE DADOS;
int X=-1, k, z;//Para iniciar na linha zero de comentário;
string lixo;//Declara variável que queima valores não interessantes;
while(!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;
{
    X=X+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
    entrada>>lixo;//Queima informação;
}

```

```

entrada.clear();entrada.seekg(0,ios::beg);//Volta leitura para inicio;
//DECLARA MATRIZES AJUSTADAS PARA A NECESSIDADE DO USUÁRIO:
float Alvos[X/C+2][K];//Declara vetor com n° de linhas eficiente (>=2);
//LER E GUARDAR OS DADOS NA MATRIZ INICIAL:
int N=-1;//Para iniciar na linha zero de cabeçalho;
while (!entrada.eof())//Verifica o final do arquivo;
{
    N=N+1;//Pular linha da matriz receptora de dados;
    k=0;
    for(int c=1;c<=C;c++)//Colunas;
    {
        if(c==A[k] && N>0)
        {
            entrada>>lixo;
            Alvos[N][k]=atof(lixo.c_str());//Transfere dado após dado;
            k=k+1;
        }
        else entrada>>lixo;
    }
}
if(idioma==1)cout<<"RESULTS:\n\n";
else if(idioma==2)cout<<"RESULTADOS:\n\n";
else if(idioma==3)cout<<"RESULTADOS:\n\n";
else if(idioma==4)cout<<"RESULTADOS:\n\n";
if(idioma==1)cout<<"Phenotypic variance: \n";//VarFenotípica;
else if(idioma==2)cout<<"Variancia fenotípica:\n\n";
else if(idioma==3)cout<<"Varianza fenotípica:\n\n";
else if(idioma==4)cout<<"Variance phénotypique:\n\n";
float soma[K], SP[K][K], QM[K][K];
for(int k=0;k<K;k++){
    for(int z=k;z<K;z++){
        soma[z]=0;for(int l=1;l<=N;l++)soma[z]=soma[z]+Alvos[l][z];
        SP[k][z]=0;for(int l=1;l<=N;l++)SP[k][z]=SP[k][z]+Alvos[l][k]*Alvos[l][z];
        QM[k][z]=(SP[k][z]-soma[k]*soma[z]/N)/(N-1);
        cout<<QM[k][z]<<"\t";
    }cout<<endl;
}cout<<endl;
if(idioma==1)cout<<"Start -> Genetic covariances: \n\n";//VarGenAd;
else if(idioma==2)cout<<"Partida -> Covariancias geneticas: \n\n";
else if(idioma==3)cout<<"Partida -> Covarianzas genéticas:";
else if(idioma==4)printf("Départ-> Covariances génétiques:",130,130,130);
cout<<"\n\n";
for(int k=0;k<K;k++){
    for(int z=k;z<K;z++)cout<<QM[k][z]*sqrt(h2[k]*h2[z])<<"\t";
    cout<<endl;
}cout<<"\n\n";
if(idioma==1)cout<<"Start -> Residual covariances:";//VarRes;
else if(idioma==2)cout<<"Partida -> Covariancias residuais:";
else if(idioma==3)cout<<"Partida -> Covarianzas residuales:";
else if(idioma==4)printf("Départ -> Covariances résiduèlles:",130,130);
cout<<"\n\n";
for(int k=0;k<K;k++){
    for(int z=k;z<K;z++)cout<<QM[k][z]*sqrt((1-h2[k])*(1-h2[z]))<<"\t";
}

```

```

    cout<<endl;
}cout<<"\n\n";
}
/////////////////////////////////////////////////////////////////
//STARTING VALUES TO RANDOM REGRESSION MODELS (USING PHI, LAMB, M, ... //
/////////////////////////////////////////////////////////////////
void SVMra()
{
    //Desenvolvimento a parte;
    if(idioma==1)cout<<"\n\t Not implemented yet!\n";
    else if(idioma==2)cout<<"\n\t Ainda nao implementado!\n";
    else if(idioma==3)cout<<"\n\t;Todavía no se ha aplicado!\n";
    else if(idioma==4)cout<<"\n\tToujours pas mis en oeuvre!\n";
    system("pause");
    return;
}
/////////////////////////////////////////////////////////////////
//CALCULA A ÁREA ABAIXO DO POLINÔMIO DE LEGENDRE (VALOR GENÉTICO ACUMULADO)//
/////////////////////////////////////////////////////////////////
void RRM()
{
    ifstream entrada;
    ofstream resultado;
    int opcao, max, min, n=1, i, linhas;
    float Mat[40000][4];//Aceita até 40000 mil linhas;
    float valor;
    string nome, lixo, N="1", M="2";
    if(idioma==1){
        cout<<" CALCULATE THE AREA BELOW OF THE GENETIC CURVE (RRM-LEGENDRE)\n";
        cout<<" OPTIONS:\n\t1-ORGANIZED FILE;\n\t2-RnSoln of WOMBAT.";
    }else if(idioma==2){
        cout<<" CALCULAR A ÁREA ABAIXO DA CURVA (MRA-LEGENDRE)\n";
        cout<<" OPÇÕES:\n\t1-ARQUIVO ORGANIZADO;\n\t2-RnSoln do WOMBAT.";
    }else if(idioma==3){
        cout<<" CALCULAR EL ÁREA DE BAJO DE LA CURVA (MRA-LEGENDRE)\n";
        cout<<" OPCIONES:\n\t1-ARCHIVO ORGAONIZADO;\n\t2-RnSoln del WOMBAT.";
    }else if(idioma==4){
        cout<<" CALCULEZ LA ZONE AU-DESSOUS DE LA COURBE (MRA-LEGENDRE)\n";
        cout<<" OPTIONS:\n\t1-FICHER ORGANISÉ;\n\t2-RnSoln of WOMBAT.";
    }
    cin>>opcao;
    if(opcao==1){
        cin>>nome;//Recebe do usuário o nome do arquivo de entradas;
        entrada.open(nome.c_str());
    }else{
        entrada.open("RnSoln_animal.dat");
    }
    if(entrada.fail())
    {
        if(idioma==1){
            cout<<"ERROR: \n";
            cout<<"\t The file is not in the same folder as the program \n";
            cout<<"\t or the file name may be wrong! \n";

```

```

}else if(idioma==2){
    cout<<"ERRO: \n";
    cout<<"\t O arquivo não está na mesma pasta do programa \n";
    cout<<"\t ou o nome do arquivo pode estar errado! \n";
}else if(idioma==3){
    cout<<"ERRO: \n";
    cout<<"\t ;El archivo no está en la misma carpeta del programa \n";
    cout<<"\t o el nombre del archivo puede estar errado! \n";
}else if(idioma==4){
    cout<<"ERRO: \n";
    cout<<"\t Le fichier n'est pas dans le même dossier du programme \n";
    cout<<"\t ou le nom du fichier n'est pas correct! \n";
}
}
return;//finalizar o programa;
}
if(opcao==1){//Se os arquivos estiverem organizados segue este procedimento;
    for(int i=1;i<=3;i++)entrada>>lixo;//Queima cabeçalho;
    while (!entrada.eof()){//Verifica o final do arquivo;
        entrada>>Mat[n][1]>>Mat[n][2]>>Mat[n][3];//ID,param,val,imbr.;
        n=n+1;
    }
}else{//Se os arquivos forem do RnSoln_animal.data do WOMBAT, segue ...;
    for(int i=1;i<=8;i++)entrada>>lixo;//Queima cabeçalho;
    while (!entrada.eof()){//Verifica o final do arquivo;
        entrada>>N;//Queima primeira coluna;
        if(M!=N){
            entrada>>Mat[n][1]>>Mat[n][2]>>Mat[n][3]>>lixo;
        }else{
            Mat[n][1]=Mat[n-1][1];//Não tem na linha, então copia da anterior;
            entrada>>Mat[n][2]>>Mat[n][3];//Extrai dados do arquivo;
        }
        M=N;n=n+1;
    }
}linhas=n-1;//Armazena total de linhas;
if(idioma==1)cout<<"What is the maximum value for the control variable? ";
else if(idioma==2)cout<<"Qual é o valor máximo para a variável controle? ";
else if(idioma==3)cout<<"Cuál es el valor máximo para la variable control? ";
else if(idioma==4)
    cout<<"Quel est la valeur maximum pour la variable contrôle? ";
cin>>max;//Recolhe o valor máximo;
if(idioma==1)cout<<"What is the minimum value for the control variable? ";
else if(idioma==2)cout<<"Qual é o valor mínimo para a variável controle? ";
else if(idioma==3)cout<<"Cuál es el valor mínimo para la variable control? ";
else if(idioma==4)
    cout<<"Quel est la valeur minimum pour la variable contrôle? ";
cin>>min;//Recolhe o valor mínimo;
for(int h=1;h<linhas;h++){//
    valor=0;
    for(int i=min;i<=max;i++){//Resolve por linha, os efeitos são aditivos;
        valor=valor+Mat[h][3]*pow((2*((float)(i-min)/(max-min))-1),(Mat[h][2]-1));
    }
    Mat[h][4]=valor;
}
}

```

```

resultado.open("INTEGRATED.dat");
resultado<<"Animal\t"A\n";
for(int i=1;i<=linhas;i++){
    if(Mat[i][1]==Mat[i+1][1])Mat[i+1][4]=Mat[i+1][4]+Mat[i][4];//Acumula valor;
    else resultado<<Mat[i][1]<<"\t"<<Mat[i][4]<<"\n";
}
if(idioma==1)
    cout<<"\nOpen the file INTEGRATED.dat to obtain the results!\n";
else if(idioma==2)
    cout<<"\nAbra o arquivo INTEGRATED.dat para obter os resultados!\n";
else if(idioma==3)
    cout<<"\n;Abra el archivo INTEGRATED.dat para obtener los resultados!\n";
else if(idioma==4)
    cout<<"\nOuvrez le fichier INTEGRATED.dat pour obtenir les résultats !\n";
entrada.close();
resultado.close();
system("pause");
return;
}

////////////////////////////////////
////CRIAR UMA MATRIZ DE CORRELAÇÕES A PARTIR DE UMA MATRIZ DE COVARIÂNCIAS ///
////////////////////////////////////
void Cov2Cor()
{
    ifstream entrada;
    ofstream saida;
    int i,j;string lixo;
    cout<<"CRIAR UMA MATRIZ DE CORRELAÇÕES A PARTIR DE UMA MATRIZ DE COVARIÂNCIAS";
    cout<<"\n\nQual é o nome do arquivo? ";string nome;cin>>nome;
    entrada.open(nome.c_str());//Abre o arquivo;
    cout<<"\nExiste cabeçalho no arquivo? (1-Sim 0-não) ";int ynq;cin>>ynq;
    cout<<"\nQual a ordem da matriz de covariâncias? ";int ordem;cin>>ordem;
    string cabecalho[ordem+1];
    if(ynq==1)for(int i=1;i<=ordem;i++)entrada>>cabecalho[i];
    float Mat[ordem+1][ordem+1];//Aceita até 40000 mil linhas;
    for(int i=1;i<=ordem;i++){//Lê o arq.;
        if(ynq==1)entrada>>lixo;
        for(int j=1;j<=ordem;j++)entrada>>Mat[i][j];//Passa dados para matriz;
    }
    for(int i=1;i<=ordem;i++)for(int j=1;j<=ordem;j++)//Precisa da principal;
        if(i!=j)
            Mat[i][j]=float(int(Mat[i][j]/sqrt(Mat[i][i]*Mat[j][j])*10000))/10000;
    for(int i=1;i<=ordem;i++)//Não precisa mais da princ.;
        Mat[i][i]=1;//Diagonal principal de 1's;
    saida.open("COV2COR.txt");//Abre o arquivo de saída;
    if(ynq==1){
        saida<<"\t";//organizar cabeçalho;
        for(int i=1;i<=ordem;i++)saida<<cabecalho[i]<<"\t";
        saida<<endl;//pula linha quando acaba de imprimir cabeçalho;
    }
    for(int i=1;i<=ordem;i++){//Escreve mno arquivo;
        if(ynq==1){saida<<cabecalho[i]<<"\t";}
        for(int j=1;j<=ordem;j++){

```

```

        saida<<Mat[i][j]<<"\t";} //Passa dados para o arquivo;
    saida<<endl;
}
entrada.close();
saida.close();
system("pause");
return;
}
////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////
////ESCOLHER COR DO FUNDO/LETRAS PARA A TELA DO PROGRAMA DURANTE A EXECUÇÃO:////
////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////////
void SETUPOPTION()
{
    int opcao;
    if(idioma==1){
        cout<<"CHOOSE AN OPTION:\n";
        cout<<" 1-Change the language;\n";
        cout<<" 2-Change the background and font colors;\n";
    }else if(idioma==2){
        cout<<"ESCOLHA UMA OPCAO:\n";
        cout<<" 1-Mudar a lingua;\n";
        cout<<" 2-Mudar as cores de fundo e texto;\n";
    }else if(idioma==3){
        printf("ELIJA UNA OPICI%cN:\n",162);
        cout<<" 1-Cambiar de idioma;\n";
        cout<<" 2-Cambiar los colores de fondo y texto;\n";
    }else if(idioma==4){
        cout <<"CHOISISSEZ UNE OPTION:\n";
        cout <<"1-Changer la langue;\n";
        cout <<"2-Changer les couleurs de fond et du texte;\n";
    }cin>>opcao;cout<<endl;
    if(opcao==1){
        if(idioma==1)cout<<"CHOOSE THE LANGUAGE: \n";
        else if(idioma==2)cout<<"ESCOLHA O IDIOMA: \n";
        else if(idioma==3)cout<<"ELIJA EL IDIOMA: \n";
        else if(idioma==4)cout<<"CHOISISSEZ LA LANGUE: \n";
        cout<<" 1-English;\t";
        printf(" 2-Portugu%cs;\t3-Espa%col;\t4-Fran%cais\n",136,164,135);
        cin>>idioma;
    }else if(opcao==2){
        int cor;//Declara variável que identifica cores fundo/letra;
        if(idioma==1){
            cout<<"CHOOSE THE BACKGROUND/FONT COLOR TO PROGRAM SCREEN: \n";
            cout<<" 1-White/Blue;\t\t2-White/Black;\t\t3-White/Green\n";
            cout<<" 4-White/Red;\t\t5-Black/Green;\t\t6-Purple/Yellow\n";
            cout<<" 7-GreBluen;\t\t8-Black/Pink;\t\t9-Default.\n";
        }else if(idioma==2){
            cout<<"ESCOLHA AS CORES DE FUNDO/TEXTO PARA A TELA DO PROGRAMA: \n";
            cout<<" 1-Branco/Azul;\t\t2-Branco/Preto;\t\t3-Branco/Verde\n";
            cout<<" 4-Branco/Vermelho;\t5-Preto/Verde;\t\t6-Roxo/Amarelo\n";
            cout<<" 7-Verde/Azul;\t\t8-Preto/Rosa;\t\t9-Padrao.\n";
        }else if(idioma==3){
            cout<<"ELIJA LOS COLORES DE FONDO/TEXTO PARA LA PANTALLA DEL PROGRAMA:\n";

```

```

cout<<" 1-Blanco/Azul;\t\t2-Blanco/Negro;\t\t3-Blanco/Verde\n";
printf(" 4-Blanco/Rojo;\t5-Negro/Verde;\t\t6-P%crpura/Amarillo\n",163);
cout<<" 7-Verde/Azul;\t\t8-Negro/Rosa;\t\t9-Padron.\n";
}else if(idioma==4){
cout<<"CHOISISSEZ LA COULEUR DE FOND/TEXTE POUR L'ÉCRAN DU PROGRAMME:\n";
cout<<" 1-Blanc/Bleu;\t\t2-Blanc/Noir;\t\t3-Blanc/Vert\n";
cout<<" 4-Blanc/Rouge;\t5-Noir/Vert;\t\t6-Violet/Jaune\n";
cout<<" 7-Vert/Bleu;\t\t8-Noir/Rose;\t\t9-Standard.\n";
}
cin>>cor;//Recebe opção de cor escolhida pelo usuário;
switch(cor)
{
case 1:
system("color F1");//Fundo branco letra azul;
break;
case 2:
system("color F0");//Fundo branco letra preta;
break;
case 3:
system("color F2");//Fundo branco letra verde;
break;
case 4:
system("color FC");//Fundo branco letra vermelha;
break;
case 5:
system("color 0A");//Fundo vermelho letra azul;
break;
case 6:
system("color 5E");//Fundo Letra preta e fundo branco;
break;
case 7:
system("color B1");//Fundo Letra preta e fundo branco;
break;
case 8:
system("color 0D");//Fundo Letra preta e fundo branco;
break;
case 9:
system("color 07");//Fundo Letra preta e fundo branco;
break;
default:
if(idioma==1)cout<<"This option doesn't exist!\n";
else if(idioma==2)cout<<"Esta opcao nao existe!\n";
else if(idioma==3)printf(";Esta opci%cn no existe!\n",162);
else if(idioma==4)cout<<"Cette option n'existe pas!\n";
system("pause");
return;//Finaliza o subprograma;
}
}else{
if(idioma==1)cout<<"This option doesn't exist!\n";
else if(idioma==2)cout<<"Opcao nao existente!";
else if(idioma==3)cout<<"Opción no encontrada!";
else if(idioma==4)cout<<"Option n'existe pas!";
system("pause");
}
}

```

```

    }
    return;
}
/////////////////////////////////////////////////////////////////
///MOSTRAR QUE CRIOU OU AJUDOU EM ALGUMA COISA O PROGRAM RENPED;      ///
/////////////////////////////////////////////////////////////////
void CREDITOS()
{
    system("cls");//Limpa a tela do programa;
    if(idioma==1){
        cout<<"\t RENPED CREDITS:\n\n";
        cout<<"\n This software is free to use;\n";
        cout<<"\n This software have been conceived, planned and created by: \n";
        cout<<" * Felipe Gomes da Silva\n";
        cout<<"\n Acknowledgments:\n";
        cout<<" * Robledo de Almeida Torres - Ideas e error detection;\n";
        cout<<" * Luiz Fernando Brito - Ideas e error detection;\n";
        cout<<" * Luciano Pinheiro da Silva - Ideas e error detection;\n";
        cout<<" * Rodrigo Reis Mota - Ideas e error detection;\n";
        cout<<" * Carla Leite Sugmoto - Ideas e error detection;\n";
        cout<<" * Pablo Assed Braga - English correction;\n";
        printf(" * Andr%c Marubayashi Hidalgo - English correction;\n",130);
        printf(" * Jos%c Carlos Montes V. - Spanish correction;\n",130);
        cout<<" * Ali Willian Canaza Caio - Espanish correction;\n";
        cout<<" * Ian Rabelo - Franch translation;\n";
    }else if(idioma==2){
        printf("\t CR%cDITOS DO RENPED:\n\n",144);
        printf("\n Este programa %c de uso livre;\n",130);
        cout<<"\n Este programa foi idealizado, planejado e criado por: \n";
        cout<<" * Felipe Gomes da Silva\n";
        cout<<"\n Agradecimentos:\n";
        cout<<" * Robledo de Almeida Torres -";
        printf("Id%cias e detec%c%co de erros;\n",130,135,134);
        cout<<" * Luiz Fernando Brito - ";
        printf("Id%cias e detec%c%co de erros;\n",130,135,134);
        cout<<" * Luciano Pinheiro da Silva - ";
        printf("Id%cias e detec%c%co de erros;\n",130,135,134);
        cout<<" * Rodrigo Reis Mota - ";
        printf("Id%cias e detec%c%co de erros;\n",130,135,134);
        cout<<" * Carla Leite Sugmoto - ";
        printf("Id%cias e detec%c%co de erros;\n",130,135,134);
        cout<<" * Pablo Assed Braga - ";
        printf(" Corre%c%co do Ingl%cs;\n",135,134,136);
        printf(" * Andr%c Marubayashi Hidalgo -",130);
        printf(" Corre%c%co do Ingl%cs;\n",135,134,136);
        printf(" * Jos%c Carlos Montes V. - ",130);
        printf(" Corre%c%co do Espanhol;\n",135,134);
        cout<<" * Ali Willian Canaza Caio - ";
        printf(" Corre%c%co do Espanhol;\n",135,134);
        printf(" * Ian Rabelo - tradu%c%co para o frances;\n",135,134);
    }else if(idioma==3){
        printf("\t CR%cDITOS DEL RENPED:\n\n",144);
        cout<<"\n Este programa es de uso libre;\n";
    }
}

```

```

cout<<"\n Este programa fue idealizado, planejado e creado por: \n";
cout<<" * Felipe Gomes da Silva\n";
cout<<"\n Agradecimientos:\n";
cout<<" * Luiz Fernando Brito - Ideas e deteccion de errores;\n";
cout<<" * Luciano Pinheiro da Silva - Ideas e deteccion de errores;\n";
cout<<" * Rodrigo Reis Mota - Ideas e deteccion de erros;\n";
cout<<" * Carla Leite Sugmoto - Ideas e deteccion de errores;\n";
cout<<" * Pablo Assed Braga -";
printf(" Corre%cco do Ingl%cs;\n",135,134,136);
printf(" * Andr%c Marubayashi Hidalgo -",130);
printf(" Corre%cco do Ingl%cs;\n",135,134,136);
cout<<" * José Carlos Montes V. - Corrección del Español;\n";
cout<<" * Ali Willian Canaza Caio - Corrección del Español;\n";
printf(" * Ian Rabelo - Traduci%cn del Frances;\n",162);
}else if(idioma==4){
printf("\t CRÉDITS DU RENPED:\n\n",144);
printf("\n Ce programme est de usage libre;\n",130);
cout<<"\n Ce programme a été idéalisé, planifié et créé par: \n";
cout<<" * Felipe Gomes da Silva\n";
cout<<"\n Remerciements:\n";
cout<<" * Robledo de Almeida Torres -";
printf("Idées et detection d'erreus;\n",130,135,134);
cout<<" * Luiz Fernando Brito - ";
printf("Idées et detection d'erreus;\n",130,135,134);
cout<<" * Luciano Pinheiro da Silva - ";
printf("Idées et detection d'erreus;\n",130,135,134);
cout<<" * Rodrigo Reis Mota - ";
printf("Idées et detection d'erreus;\n",130,135,134);
cout<<" * Carla Leite Sugmoto - ";
printf("Idées et detection d'erreus;\n",130,135,134);
cout<<" * Pablo Assed Braga - ";
printf(" Correction de la langue anglaise;\n",135,134,136);
printf(" * Andr%c Marubayashi Hidalgo -",130);
printf(" Correction de la langue anglaise;\n",135,134,136);
printf(" * Jos%c Carlos Montes V. - ",130);
printf(" Correction de langue espagnole;\n",135,134);
cout<<" * Ali Willian Canaza Caio - ";
printf(" Correction de langue espagnole;\n",135,134);
printf(" * Ian Rabelo - traduction au français;\n",135,134);
}cout<<endl;
system("pause");//Pausa o programa neste ponto;
system("cls");//Limpa a tela do programa;
return;//Sai do Void;
}

```

APÊNDICE III

Sistemas de produção de caprinos de aptidão leiteira

Resumo: No melhoramento genético de caprinos de aptidão leiteira, diversos trabalhos utilizam cálculos de produção de leite acumulada até um número de dias não justificado pela fisiologia dos animais. O mesmo ocorre na definição de intervalos para análise da produção de leite no dia do controle utilizando modelos de regressão aleatória. Na definição destes pontos, é de fundamental importância o estudo das características produtivas e reprodutivas das cabras. Em latitudes maiores do que 20° e menores do que -20° caprinos apresentam sazonalidade reprodutiva, o que interfere no sistema de produção. Existem métodos para contornar este problema, mas implicam em aumento de custos, de forma que os melhoristas devam considerar as vantagens e desvantagens de se respeitar a sazonalidade reprodutiva (trabalhando em um sistema produtivo tradicional) ou investir em técnicas que permitam obter três partos em dois anos (denominado neste trabalho como sistema alternativo). É de grande importância que o melhorista considere esta decisão no planejamento das avaliações genéticas.

Palavras-chave: estacionalidade reprodutiva, estratégias de seleção, fotoperíodo

APPENDIX III

Production systems for dairy goats fitness

Abstract: The genetic improvement of dairy goats fitness, several studies use estimates of milk production up to a cumulative number of days not justified by the physiology of animals. The same occurs in the definition of intervals for analysis of milk production on the control day using random regression models. The definition of these points is of fundamental importance to the study of productive and reproductive traits of goats. At latitudes higher than 20 and less than -20 ° goats exhibit seasonal reproductive tract, which interferes with the production system. There are methods to circumvent this problem, but entail higher costs. The breeder should consider the advantages and disadvantages to respect the reproductive seasonality (working in a traditional production system) or invest in techniques that will achieve three births in two years (referred to in this work as alternative system). It is very important that the breeder consider this decision in the planning of genetic evaluations.

Keywords: Reproductive seasonality, selection strategies, photoperiod

Introdução

A característica mais trabalhada nos programas de melhoramento genético de caprinos para aptidão leiteira é a produção de leite acumulada, sendo utilizados diferentes pontos de truncamento, desde 305 dias, valor padronizado para bovinos até pontos ligados à média da duração da lactação do rebanho caprino.

Há divergências na literatura quanto ao cálculo da produção de leite acumulada. Sarmiento et al. (2006) consideram a produção de leite até os 305 dias de lactação, enquanto Pereira et al. (2008), trabalhando com cabras da raça Alpina, utilizaram ponto de truncamento de 270 dias, Sarmiento (2008) trabalhando com modelos de regressão aleatória considerou valores da produção de leite entre a segunda e 39ª semanas (7 à 273 dias), e Menezes et al. (2008), trabalhando com cabras da raça Saanen, consideraram produção até os 268 dias de lactação, condizente com a média de duração da lactação do rebanho.

A escolha de um ponto de truncamento de 305 dias de lactação, pode não ser adequada para o estudo da produção de leite acumulada de caprinos por não condizer com a fisiologia destes animais. Assim como considerar a média de dias em lactação como limite superior do cálculo da PLAC pode desfavorecer os animais com maior persistência de lactação.

Menezes et al. (2007) compararam produções acumuladas até diferentes dias de lactação (200, 220, 240, 260, 280, 305, 340 e 365), e encontraram maior herdabilidade para produção acumulada até os 240 dias. Este é um critério mais interessante do que os anteriores para se definir o ponto de truncamento, pois traz a vantagem de selecionar o período que apresenta maior proporção da variação genética sobre a variação total, no qual se espera maiores ganhos genéticos.

Entretanto esta escolha também não leva em consideração a análise prévia do sistema de produção, o qual pode exigir animais de menor duração de lactação não sendo conveniente alcançar 240 dias de produção ou pode ser conveniente ao sistema de produção, maiores durações da lactação, o que tornaria a seleção da produção de leite acumulada até os 240 dias uma seleção por período parcial a qual necessitaria de acompanhamento, contínuo com relação à produção total, isto porque muitos dos genes que influenciam a produção de leite no período complementar podem não ser os mesmos.

Problema

Em todos os casos referidos, foram escolhidos pontos de truncamento que influenciaram o sistema produtivo, enquanto a prática mais adequada seria analisar a fisiologia reprodutiva e produtiva das cabras a fim de se determinar um sistema de produção a partir do qual seja possível definir o ponto de truncamento adequado para o cálculo da produção de leite acumulada e os limites da variável controle dias em lactação em modelos de regressão aleatória.

Discussão

Através da figura 1 é possível visualizar as diferentes longitudes e latitudes no território brasileiro, Segundo Ribeiro (1997), no hemisfério sul, animais criados em locais com latitudes menores que -20° apresentam sazonalidade reprodutiva influenciada pelo fotoperíodo, enquanto animais criados em latitudes maiores que -20° não apresentam este problema, ocorrendo cio durante todo ano, o que permitem a utilização do sistema de criação alternativo, com dois partos ao ano sem a utilização de programas de iluminação artificial complementar, e sem a necessidade de se aplicar hormônios que regulam o cio.

A latitude máxima dentro do território brasileiro é de $5^\circ 16'$, no estado de Roraima, enquanto a latitude mínima é de $-33^\circ 45'$, no estado do Rio Grande do sul (Mundo Geográfico, 2005). A figura 2 apresenta o fotoperíodo em função do mês do ano para diferentes latitudes, as quais apresentam amplitude que abrange o território brasileiro. Esta figura é interessante para se comparar com os períodos reprodutivos da cabra no sistema tradicional, permitindo-se visualizar o período de fotoperíodo decrescente no qual as fecundações tendem a ocorrer mais frequentemente. Também é importante para visualizar que quanto mais distante de zero for a latitude, negativa ou positiva, maior a variação do fotoperíodo ao longo do ano. Em geral, para latitudes menores que 20° o fotoperíodo passa a não causar sazonalidade reprodutiva das cabras, desde que em manejo e alimentação adequada as cabras passa a apresentar cio ao longo de todo ano.

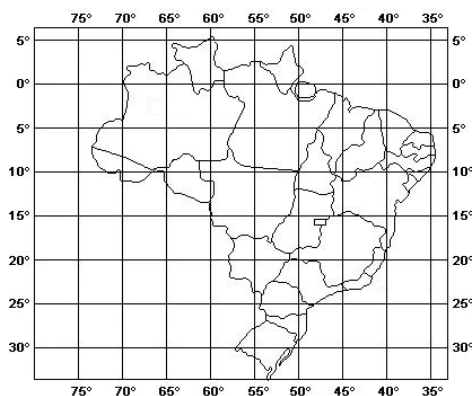


Figura 1: Latitudes e longitudes no território brasileiro, mapa adaptado de: [HTTP://www.ftp://geoftp.ibge.gov.br/mapas](http://www.ftp://geoftp.ibge.gov.br/mapas).

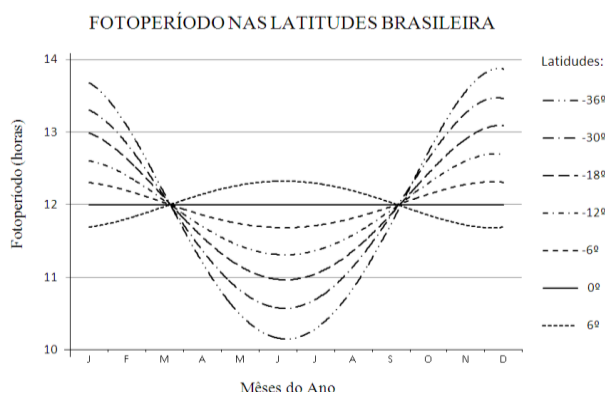


Figura 2: Regressão linear de ordem quatro do número máximo de horas de brilho solar em função do mês para diversas latitudes das quais a amplitude cobre as possibilidades de latitude no território brasileiro. Os dados utilizados para criar este gráfico foram obtidos em Hamakawa (2004).

No hemisfério sul, cabras pariam em maioria entre Junho e Setembro, filhotes machos podem ser descartados, fêmeas podem ser criadas com machos até três meses de idade, pois a partir deste período os animais começam a entrar na puberdade, os acasalamentos devem ocorrer quando os animais atingem puberdade fisiológica e a zootécnica, o que ocorre mais frequentemente no mês de março. As cabras que pariram em agosto vão para o setor de produção de leite. De janeiro a março as cabras em lactação são observadas diariamente com a utilização de um rufião, as que apresentarem comportamento de cio são acasaladas ou são inseminadas, recomenda-se que esta prática seja realizada três vezes, o que reduz a chance de cabras não fertilizadas ao final do período de monta. Sistemas produtivos com estas características passarão a ser chamados neste trabalho de Sistemas Tradicionais (ST), o esquema geral para este sistema no hemisfério sul, para latitudes inferiores a -20° pode ser melhor compreendido utilizando-se a figura 3.

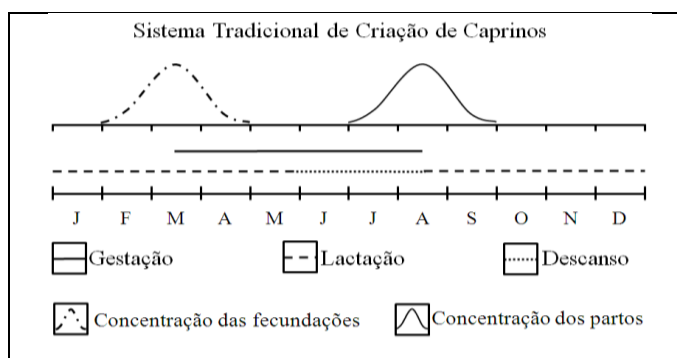


Figura 3: Esquema dos períodos de fecundação, gestação, descanso, parto e lactação de cabras produtoras de leite no hemisfério sul.

No ST o leite de cabras que ainda estiverem produzindo após 290 dias de lactação é aproveitado, mas não beneficia o mérito genético da mesma, visto que a partir desta data o sistema de manejo muda e menos tiragens de leite são realizadas e a alimentação muda, para que no terço final da gestação a cabra possa estar seca e desta forma, possa despendar mais energia com o desenvolvimento dos fetos, os quais exigem mais da cabra no final da lactação.

Nesse sistema o maior período de descanso é fundamental para a utilização das cabras por mais lactações, visto que a reposição de animais é mais lenta, havendo menos de um parto por cabra ao ano, pois obviamente algumas cabras podem apresentar problema para emprenhar, conduzir a gestação ou parir.

Cabras com duração de lactação mais próxima aos 290 dias podem ser beneficiadas, o que não implica que cabras de pouca persistência não possam atingir maior produção. Desta forma um rebanho que se enquadre neste sistema de criação, mas possua duração da lactação média muito inferior aos 290 dias, deve buscar selecionar também cabras de maior persistência. Mais detalhes sobre persistência de lactação podem ser vistos em Menezes et. al. (2010).

Um sistema alternativo com três partos em dois anos, um na estação natural e outro em estações alternativas está sendo cada vez mais utilizado, o mesmo é possível graças à utilização de programas de indução de cio tais como programa de iluminação artificial complementar e aplicação de hormônios nos animais. Nesse sistema a eficiência reprodutiva (filhotes/cabra/ano) é maior, com isso a reposição de animais é mais rápida, os períodos de descanso são menores, sendo maior o desgaste dos animais. Espera-se também um aumento na produção de leite, pois ao invés de uma cabra ter dois picos de lactação em dois anos, ela passará a ter três picos de lactação e permanece em média um mês a mais em produção por ano em relação ao ST.

Atualmente o uso contínuo de hormônios reduz sua eficácia, e o uso do programa de luz artificial não é totalmente eficaz, mas utilizando os dois métodos conjuntamente, e com uma maior reposição de animais, este sistema de criação pode se tornar eficaz. Esperam-se também maiores avanços nas pesquisas de produtos para controlar a reprodução destes animais. Por isso é fundamental que melhoristas criem critérios de seleção para este tipo de sistema, e inclusive que se promovam programas de melhoramento visando selecionar animais mais adaptados e produtivos sob este sistema, o esquema com os períodos e variações das etapas do SA podem ser vistos na figura 4.

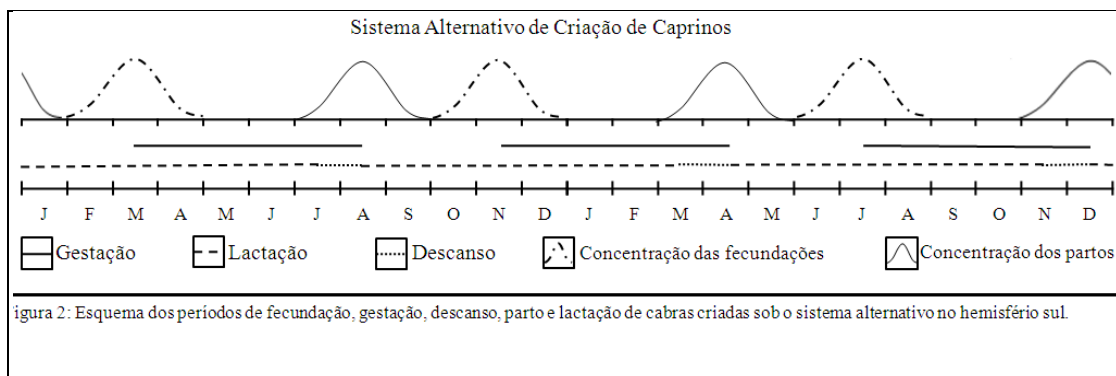


Figura 4: Esquema dos períodos de fecundação, gestação, descanso, parto e lactação de cabras criadas sob o sistema alternativo no hemisfério sul.

Desta forma, para o SA, o ponto de truncamento da lactação será de 210 dias, o que corresponde a quase sete meses de produção de leite, com aproximadamente 33 dias para secagem e descanso. Cabras que encerrarem a lactação antes deste período não contarão com correções no cálculo de sua produção de leite até os 210 dias (P210), enquanto cabras que produziram após 210 dias de lactação não terão tais controles utilizados no cálculo da P210. Com este sistema espera-se maior taxa de reposição dos animais, devido ao maior desgaste dos mesmos causados pelo maior número de partos por ano e menor tempo de descanso dos animais. O maior número de crias produzido neste sistema permite descartar mais cedo os animais.

Considerações

Programas de melhoramento devem escolher previamente o sistema de produção e levar em conta as particularidades do mesmo em seus critérios de seleção. Para seleção de caprinos de aptidão leiteira, a escolha do sistema de produção previamente a definição dos métodos de seleção é fundamental para se obter melhores resultados. Sendo recomendados pontos de truncamento para o cálculo das PLAC de 290 e 210 para o ST e SA respectivamente.

Referências Bibliográficas

- Hamakawa, P. J. Balanço da energia radiante. Cadernos Didáticos de Engenharia Agrícola, v.41, p.27, 2004. ISSN: 1414-3984.
- Menezes, G. R. O.; Melo, A. L. P.; Brito, L. F.; Angelini, M. S.; Costa, E. V.; Silva, F. G.; Sarmiento, R. J. L.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T.; Lopes, P. S. **Avaliação de diferentes medidas da persistência da lactação de cabras da raça Saanen**

utilizando modelo de regressão aleatória. VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008.

Mundo Geográfico Home Page, COPYRIGHT© 2005. Webmaster: Hélio Jr. Endereço da página na WEB: <http://mundogeografico.sites.uol.com.br/brasil05.htm>. Acesso em: 01 de dezembro de 2010.

Pereira, R. J.; Santana Júnior, M. L.; Melo, A. L. P.; Menezes, G. R. O.; Costa, E. V.; Silva, F. G., Brito, L. F.; Angelini, M. S.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T. **Fatores ambientais que influenciam características produtivas de cabras da raça Pardo Alpina.** VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008.

Ribeiro, S. D. de A. Caprinocultura: criação racional de caprinos. Editora Nobel, São Paulo, SP. 1997. p.318. ISBN: 9788521309727.

Sarmiento, J. L. R.; Reis Filho, J. C.; Albuquerque, L. G.; Lopes, P. S.; Rodrigues, M. T. Avaliação genética de caprinos usando a produção de leite no dia de controle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p.443-451, 2006.

Sarmiento, J. L. R.; Albuquerque, L. G.; Torres, R. A.; Rodrigues, M. T.; Lopes, P. S.; Reis Filho, J. C. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros.