

XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite utilizando modelos de regressão aleatória em bovinos da raça Girolando

Ali William Canaza-Cayo¹, Paulo Sávio Lopes², Marcos Vinicius Barbosa da Silva³, Robledo de Almeida Torres⁴, Jaime Araujo Cobuci⁵, Darlene dos Santos Daltró⁶

¹ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Altiplano – UNAP, Perú. e-mail: alicanaza@hotmail.com

² Professor Titular da Universidade Federal de Viçosa – UFV, Viçosa.

³ Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa, Juiz de Fora.

⁴ Professor Associado da Universidade Federal de Viçosa – UFV, Viçosa.

⁵ Professor Adjunto no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFRGS, Porto Alegre.

⁶ Doutoranda no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFRGS, Porto Alegre.

Resumo: Utilizaram-se 32.817 registros de produção de leite no dia do controle (PLDC) de primeira lactação de 4.056 vacas Girolando filhas de 276 touros, coletados em 118 rebanhos entre os anos de 2000 e 2011, para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para PLDC via modelos de regressão aleatória (MRA) empregando funções polinomiais de Legendre com ordens variando de 3 a 5. Os componentes de (co)variância para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram estimados pela metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando-se o programa Wombat. Os critérios de qualidade de ajuste utilizados indicaram o MRA empregando ordens 3 e 5 para ajuste dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente, como o modelo que melhor descreveu a variação desses efeitos aleatórios. As estimativas de herdabilidade e de correlações genéticas para PLDC ao longo da lactação obtidas com o modelo selecionado variaram de 0,18 a 0,23 e -0,03 a 1,00, respectivamente. O modelo de regressão aleatória, que utiliza o polinômio de Legendre de ordens 3 e 5, configura-se como o modelo indicado para uso na estimação de parâmetros genéticos da produção de leite no dia do controle em vacas da raça Girolando.

Palavras-chave: bovinos de leite, correlação genética, regressão aleatória, polinômios de Legendre

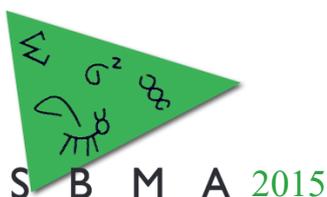
Estimates of genetic parameters for milk yield using random regression models in Girolando Cattle

Abstract: We utilized 32,817 test-day milk yield (PLDC) records of the first lactation of 4,056 Girolando cows daughters of 276 bulls, collected from 118 herds between 2000 and 2011 to estimate the variance components and genetic parameters for PLDC via random regression models (MRA) using Legendre polynomial functions whose orders varied from 3 to 5. The (co)variance components for the additive genetic and permanent environment effects were estimated by restricted maximum likelihood method (REML), using the Wombat software. The fit quality criteria utilized indicated MRA employing the Legendre polynomials functions of orders of 3 and 5 for fitting the genetic additive and permanent environment effects, respectively, as the best model to describe the variation of these random effects. The heritability and genetic correlation estimates for PLDC throughout the lactation, obtained with the chosen model, varied from 0.18 to 0.23 and -0.03 to 1.00, respectively. The random regression model, using the Legendre polynomial of order 3 and 5, configured as a good tool for estimation of genetic parameters of milk production for Girolando cows.

Keywords dairy cattle, genetic correlations, random regression, Legendre polynomial

Introdução

As avaliações genéticas para produção de leite da raça Girolando e outras raças leiteiras no Brasil têm sido baseadas na produção de leite acumulada ao longo da lactação por um período padrão de 305 dias (PL305). Metodologias que utilizam diretamente os registros de produção de leite no dia de controle (Modelos de Regressão Aleatória, MRA) têm sido propostas nos últimos anos e podem contornar os problemas de se utilizar a PL305. Alguns trabalhos utilizando MRA foram publicados para bovinos criados em regiões tropicais (Santellano-Estrada et al., 2008; Bignardi et al., 2009; Dorneles et al., 2009). Apesar de existirem diversos estudos sobre estimação de parâmetros genéticos via MRA em raças tropicais no Brasil, ainda não existem trabalhos com a raça Girolando. Portanto, o objetivo deste estudo



XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

foi estimar por metodologia de regressão aleatória os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste estudo são provenientes do Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Leite, fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG) sob gerenciamento da Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG). Dessa base de dados foram extraídos 74.023 registros de produção de leite no dia do controle (PLDC) de primeiras lactações de 9.162 vacas da raça Girolando que pariram entre 2000 a 2011 e com idades ao primeiro parto variando de 23 a 56 meses. Após a edição dos dados, restaram 32.817 registros de PLDC de 4.056 vacas de primeiro parto, pertencentes a seis grupos genéticos (1/4 HOL: 3/4 GIR, 3/8 HOL: 5/8 GIR, 1/2 HOL: 1/2 GIR, 5/8 HOL: 3/8 GIR, 3/4 HOL: 1/4 GIR, 7/8 HOL: 1/8 GIR), filhas de 276 touros coletados em 118 rebanhos entre os anos de 2000 e 2011. Foram testados seis modelos de regressão aleatória (MRA) para identificar o modelo com melhor ajuste aos registros produtivos, os quais variaram nas ordens do polinômio de Legendre utilizadas para o ajuste dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, as quais variaram de 3 a 5. Os modelos são referenciados como $LegK_a, K_{pe}$, em que K_a e K_{pe} representam as ordens dos polinômios de Legendre ajustados para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente. Por exemplo, o modelo $Leg3,4$ denota uma análise que ajusta polinômios de Legendre de terceira e quarta ordem para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente. Os componentes de (co)variância foram estimados pela metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) utilizando-se o programa Wombat (Meyer, 2007).

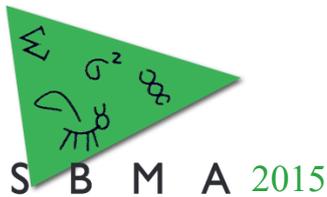
Resultados e Discussão

Na avaliação das estimativas dos componentes de (co)variâncias genética aditiva e de ambiente permanente entre os coeficientes de regressão aleatória observou-se que as variâncias dos primeiros dois coeficientes (intercepto e linear) do efeito genético aditivo foram maiores que do terceiro (Tabela 1), indicando que eles têm contribuído significativamente na descrição da variação dos dados. De fato, os autovalores desses dois coeficientes explicaram mais de 98% da variabilidade total nos dados. Já para o efeito de ambiente permanente, foram necessários quatro coeficientes para explicar essa porcentagem de variação, valores próximos aos relatados por Pool et al. (2000) para a raça Holandesa na Dinamarca, em que os primeiros dois autovalores explicaram 97,2% da variação genética total no modelo $Leg3,5$.

Tabela 1. Estimativas de variâncias (na diagonal) e de covariâncias (abaixo da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória¹ com os desvios-padrão entre parênteses e autovalores (λ) das matrizes de (co)variâncias dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente com a porcentagem da variância explicada entre parêntesis do modelo $Leg3,5$ ²

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

¹ α_i e p_i são os coeficientes de regressão aleatória do efeito genético aditivo e de ambiente permanente para o i -ésimo polinômio de Legendre, respectivamente. ² $Leg3,5$, modelo adotado com



XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

três coeficientes para o efeito genético aditivo e cinco coeficientes para o efeito de ambiente permanente. ³ Autovalores da matriz de (co)variâncias dos coeficientes de regressão dos efeitos aleatórios.

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

Os menores valores observados no início da lactação podem ser atribuídos à maior variância de ambiente permanente e à menor variância genética aditiva nesse período. Tendência similar foi observada por Dorneles et al. (2009) na raça Holandesa no Brasil, com estimativas de herdabilidade que variaram de 0,14 a 0,20. As diferenças podem ser atribuídas ao fato de que esses autores utilizaram a mesma ordem dos polinômios de Legendre no ajustamento dos efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente com variância residual constante ao longo da lactação.

Conclusões

O modelo de regressão aleatória com polinômio de Legendre de ordem 3 e 5 pode ser considerado como um bom modelo para ser utilizado na estimação de parâmetros genéticos para a produção de leite de animais da raça Girolando.

Literatura citada

- Bignardi, A. B.; El Faro, L.; Cardoso, V. L.; Machado, P. F.; Albuquerque, L. G. 2009. Random regression models to estimate testday milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. *Livestock Science*, 123:1–7.
- Dorneles, C. K. P.; Cobuci, J. A.; Rorato, P. R. N.; Weber, T. 2009. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite de vacas da raça Holandesa via regressão aleatória. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 61: 407–412.
- Meyer, K. 2007. WOMBAT: a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *Journal of Zhejiang University SCIENCE B* 11: 815–821.
- Pool M. H.; Janss, L. L. G.; Meuwissen, T. H. E. 2000. Genetic Parameters of Legendre Polynomials for First Parity Lactation Curves. *Journal of Dairy Science*, 83:2640–2649.
- Santellano-Estrada, E.; Becerril-Pérez, C. M.; Alba, J.; Chang, Y. M. 2008. Inferring Genetic Parameters of Lactation in Tropical Milking Criollo Cattle with Random Regression Test-Day Models. *Journal of Dairy Science*, 91:4393–4400.