



### Diferentes modelos para a avaliação genética da produção de leite em animais da raça Girolando

- Ary Ferreira de Freitas<sup>1</sup>, Cláudio Nápolis Costa<sup>1,2</sup>, Marta Fonseca Martins Guimarães<sup>1</sup>, Celso Ribeiro Ângelo de Menezes<sup>5</sup>, Leandro de Carvalho Paiva<sup>6</sup>, Breno Soares Camilo<sup>3,4</sup>, Taísa Matamoros Amaral<sup>3,4</sup>

<sup>1</sup>Pesquisador da Embrapa Gado de Leite, e-mail: [ary@cnpq.embrapa.br](mailto:ary@cnpq.embrapa.br)

<sup>2</sup>Bolsista do CNPq

<sup>3</sup>Bolsistas da Fapemig e da Embrapa

<sup>4</sup>Estudante de Medicina Veterinária da Universidade Presidente Antônio Carlos

<sup>5</sup>Superintendente Técnico da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando

<sup>6</sup>Técnico da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando

**Resumo:** Registros de genealogia e de produção de leite, oriundos do Serviço de Controle Leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando foram utilizados para a estimativa de componentes de variância e a predição de valores genéticos por meio de dois diferentes modelos. Após a edição, 4.664 registros de primeira lactação de vacas Girolando mantidas em 160 rebanhos, distribuídos principalmente na região sudeste, durante os anos de 1997 a 2007 foram analisados pelo modelo tradicional (MT, efeitos fixos de rebanho-ano, época, grau de sangue e idade da vaca como covariável, com componentes linear e quadrático e os efeitos aleatórios de animal e erro) e pelo modelo denominado genético (MG), no qual o efeito de grau de sangue foi substituído pelos efeitos genéticos aditivos, de dominância e de recombinação, como covariáveis. As estimativas de variância residual e de herdabilidade foram, respectivamente, 1.364.835,2 kg<sup>2</sup> e 0,24 para MT e 1.356.642,5 kg<sup>2</sup> e 0,22 para MG. Os efeitos genéticos aditivo, de dominância e de recombinação foram 1847,59, 105,99 e -993,87 kg, respectivamente. A correlação de ordem entre as estimativas de PTA de 25 touros Girolando obtidas dos dois modelos foi 0,9815, sugerindo que o MG pode ser uma alternativa ao MT para a avaliação genética de animais da raça Girolando.

**Palavras-chave:** Componentes de variância, herdabilidade, seleção, valor genético

### Different models for genetic evaluation of milk yield in Girolando cattle

**Abstract:** Milk yield records of 4.664 first lactation Girolando cows from 160 herds in the Southeast region of Brazil, calving between 1997 and 2007, were used to estimate variance components and heritability for milk yield. Two different models were compared. The first model, named as traditional (TM) included the fixed effects of herd-year, season, breed composition and the linear and quadratic regression on age of cow and the random animal and error effects. The other model, identified as genetic (GM), included the additive genetic, dominance and recombination effects as covariates replacing the breed composition of the cow in the TM. Residual variance and heritability estimates were 1,364,835.2 kg<sup>2</sup> and 0.24 for MT and 1,356,642.5 kg<sup>2</sup> and 0.22 for GM. Estimates of additive genetic, dominance and recombination effects were 1847.59, 105.99 and -993.87 kg, respectively. Rank correlation between milk yield predicted breeding values obtained from each model for 25 Girolando bulls was 0.9815. The GM may replace the TM in genetic evaluations of Girolando cattle.

**Keywords:** Breeding value, heritability, selection, variance components

### Introdução

O Programa de Melhoramento Genético da raça Girolando é estruturado com base em seleção para produção de leite, via teste de progênie de touros jovens, utilizando a inseminação artificial e controle leiteiro de vacas nos rebanhos colaboradores. As avaliações genéticas de vacas e touros são realizadas anualmente e, atualmente, utilizam um modelo misto que inclui o efeito de grupo genético da vaca, que representa a sua composição racial resultante da combinação da contribuição de cada um dos seus ascendentes diretos (Freitas et al., 2008).



Os efeitos genéticos aditivos e não aditivos em populações mestiças foram estudados por Lemos et al., (1992) em rebanhos localizados na região sudeste do Brasil. Recentemente, Facó et al. (2008) apresentaram resultados de análises da influência desses efeitos na expressão de diversas características de importância econômica em animais Girolando. O objetivo desse estudo foi avaliar comparativamente ao atual modelo, um alternativo que inclui os efeitos genéticos aditivos, de dominância e de recombinação em substituição ao efeito de grupo genético da vaca, para a estimativa de valores genéticos para a produção de leite de animais Girolando.

### Material e Métodos

As bases de dados para esse estudo foram oriundas de rebanhos supervisionados pelos Serviços de Registro Genealógico e de Controle Leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando. Após as restrições impostas no processo de edição das bases de dados (Freitas et al., 2008), foram analisados 4.664 primeiras lactações de vacas mantidas em 160 rebanhos da região sudeste, com partos entre os anos de 1997 a 2007. As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas por meio do método de máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando o programa MTDFREML (Boldman et al., 1995). Foram analisados dois modelos: o tradicional, que inclui os efeitos fixos de rebanho-ano, época e composição genética das vacas e idade da vaca ao parto como covariável (efeitos linear e quadrático), além dos efeitos aleatórios de animal e do erro experimental. De forma comparativa foi avaliado o modelo incluindo esses mesmos efeitos, exceto a composição genética das vacas, que foi substituído pelos efeitos aditivos (g), de dominância (d) e de recombinação (r), e assim denominado modelo genético. O efeito genético (g) representa a proporção esperada de genes da raça Holandês, (d) a heterozigosidade esperada no animal, calculada por  $pp(1-pm) + pm(1-pp)$ ; e  $\textcircled{r}$ , a recombinação média esperada de pares de locos originados das raças Holandês e Gir, calculada por  $pp(1-pp) + pm(1-pm)$ , em que pp e pm é a proporção de genes da raça Holandês no pai e na mãe da vaca, respectivamente, conforme definição de Dickerson (1973). A avaliação comparativa dos modelos foi baseada nas estimativas de componentes de variância, parâmetros genéticos e correlação de ordem entre os valores genéticos preditos de cada modelo, para 25 touros participantes do teste de progênie.

### Resultados e Discussão

As estimativas de variâncias genética e residual foram muito semelhantes, correspondendo, respectivamente, a 328.762,04 e 1.364.835,2  $\text{kg}^2$  para MT e 293.440,55 e 1.356.642,5  $\text{kg}^2$  para MG. As estimativas de herdabilidade para a produção de leite foram  $0,24 \pm 0,05$  para MT e  $0,22 \pm 0,05$  para MG. Os valores estimados para os efeitos genético aditivo, de dominância e de recombinação foram 1847,59, 105,99 e -993,87 kg, respectivamente. Tais estimativas foram inferiores àquelas reportadas por Facó et al. (2008), respectivamente, 2.574, 829 e -548 kg. Freitas et al. (2006) relataram a estimativa de efeitos aditivo, obtida por diferença entre as raças Holandês e Gir, igual a 1.173 kg.

As estimativas de PTA para produção de leite para 25 touros obtidas pelo modelo tradicional variaram de 246 kg a -359 kg, e pelo modelo genético ficaram entre 281 kg a -289 kg. Foram observadas algumas alterações na ordem de classificação dos touros obtida do MT e um maior número de touros com valores genéticos positivos com o MG. A correlação de ordem entre os valores genéticos preditos de cada modelo, para 25 touros participantes do teste de progênie, foi 98,15%, indicando a similaridade entre as classificações de touros obtidas dos dois modelos.

Em geral, as predições das PTAs obtidas pelo MG foram maiores do que aquelas do MT. Como resultado, alguns touros com PTA negativa, situados na faixa intermediária da classificação com o MT, obtiveram PTA positiva com o MG. Observou-se a estabilidade dos touros classificados entre as seis melhores e piores posições, pelos dois modelos. As confiabilidades das estimativas de PTA foram semelhantes, com valor médio de  $0,72 \pm 0,07$  para o MT e de  $0,70 \pm 0,07$  para o MG.

### Conclusões

As estimativas de parâmetros genéticos foram semelhantes entre os modelos comparados. A correlação de ordem entre as estimativas de PTA de 25 touros Girolando foi 0,9815, sugerindo que o MG pode ser uma alternativa ao MT para a avaliação genética de animais da raça Girolando.



#### Literatura citada

- 1 - BOLDMAN, K. G. et al. A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variance and covariance. Lincoln: Agricultural Research Service, 1995- 120p.
- 2 - DICKERSON, G.E. et al. Inbreeding and heterosis in animals. ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF DR. JAY L. LUSH.1973. p. 54-77.
- 3 - FACÓ, O. et al. Efeitos genéticos aditivos e não aditivos para características produtivas e reprodutivas em vacas mestiças Holandês x Gir. Revista Brasileira de Zootecnia, 2008. p. 48-53.
- 4 - FREITAS, A. F. et al. Additive genetic and heterosis effects on milk yield and fertility of Girolando cows. 8<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2006 (CD).
- 5 - LEMOS, A. M. et al. Comparative performance of six Holstein-Friesian x Guzera grades in Brazil. Revista Brasileira de Genética, 1992. p. 73-83.
- 6 - FREITAS, A. F. et al. Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando – Teste de Progênie: Sumário de Touros 2008. p. 20



46º Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

**SBZ 2009**  
*Maringá*



Inovação Científica e Tecnológica em Zootecnia

De 14 a 17 de julho de 2009

ISSN 1983-4357

Sociedade Brasileira de Zootecnia



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ

Produção:  
**aptior**  
software

Anais dos resumos