



## **Componentes principais genéticos para produção de leite no dia do controle de bovinos Gir Leiteiro**

**Rodrigo Junqueira Pereira<sup>1</sup>, Lenira El Faro<sup>2</sup>, Rui da Silva Verneque<sup>3</sup>, Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto<sup>3</sup>, Anibal Eugênio Vercesi Filho<sup>4</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, FCAV-UNESP, Jaboticabal - SP. [rodjunper@yahoo.com.br](mailto:rodjunper@yahoo.com.br)

<sup>2</sup>Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, APTA/SAA, Ribeirão Preto - SP

<sup>3</sup>Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora - MG

<sup>4</sup>Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, APTA/SAA, Mococa - SP

**Resumo:** Com o comparar os modelos multicausalidades padrão e de posto reduzido, foram utilizados 46.161 registros de produção de leite no dia do controle (PLDC) de 7.453 primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro e cruzadas Gir Leiteiro-Holandês. As PLDC foram agrupadas em dez classes mensais de lactação e cada classe foi considerada uma característica diferente, realizando-se quatro análises: multicausalidade padrão e três modelos ajustando os primeiros 2, 3 ou 4 componentes principais para a matriz de covariância genética aditiva. A matriz de covariâncias residuais foi assumida ter posto completo. Um modelo considerando-se os dois primeiros componentes principais é uma opção parcimoniosa para avaliação genética de bovinos Gir Leiteiro utilizando-se a produção de leite no dia do controle.

**Palavras-chave:** bovinos de leite, modelos de posto reduzido, parâmetros genéticos

### **Genetic principal components for test-day milk yield of Gyr and crossbred Gyr-Holstein cattle**

**Abstract:** Data comprising 46,161 test-day milk yield (TDMY) records of 7,453 first lactations of Gyr and crossbred Gyr-Holstein cows were used to compare standard multivariate and reduced rank models. TDMY were grouped into ten monthly classes and each class was considered a different trait. A standard multivariate analysis and reduced rank analyses fitting the first 2, 3 and 4 genetic principal components for additive covariance matrix, were carried out. The residual covariance matrix was assumed to have full rank throughout. A model considering the leading two principal components is a parsimonious option for genetic evaluation of Gyr cattle using test-day milk yield.

**Keywords:** dairy cattle, genetic parameters, reduced rank models

### **Introdução**

O Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL) tem como objetivo principal o melhoramento genético da raça Gir Leiteiro, por meio da identificação e seleção de touros geneticamente superiores para as características de produção, conformação e manejo. Dentre as 23 características avaliadas pelo PNMGL, a produção de leite certamente é a de maior importância. Os registros de produção de leite diária, geralmente aferidos a cada 30 dias, são utilizados para a estimação da produção de leite acumulada até 305 dias de lactação (P305), a qual é utilizada nas avaliações genéticas. Atualmente, existe um consenso sobre a utilização de modelos de avaliação genética que utilizem a produção no dia do controle (PLDC) em substituição à P305, visto que proporcionam incremento da acurácia na avaliação dos animais e permitem a avaliação genética de vacas cuja lactação ainda está em curso, sem a necessidade de projeções, viabilizando a realização de avaliações mais frequentes e a redução do intervalo de gerações. Uma das alternativas para o uso das PLDC é a utilização de um modelo multicausalidades, considerando a produção em cada um dos dez meses da lactação como uma característica diferente. Contudo, dado o grande esforço computacional requerido e a dificuldade de estimação acurada de um grande número de parâmetros, o uso de um modelo de avaliação com todas as dez características juntas pode ser limitado. Isto tem motivado o uso dos chamados modelos de posto reduzido, aplicados em nível genético, como a metodologia de componentes principais. Os componentes principais são variáveis não correlacionadas entre si cujo objetivo é explicar a quantidade máxima de



## 48ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

*O Desenvolvimento da Produção Animal e a Responsabilidade Frente a Novos Desafios*

Belém – PA, 18 a 21 de Julho de 2011



variação, e são obtidos por combinações lineares de um conjunto de características correlacionadas (Kirkpatrick & Meyer, 2004). Assim, aqueles componentes que representam pouca variação podem ser ignorados e com isso há uma redução no número de parâmetros a serem estimados. Objetivou-se com este estudo comparar os modelos multicaracterísticas padrão e de posto reduzido, para analisar produção de leite no dia do controle de primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro e cruzadas, tendo em vista sua utilização nas avaliações genéticas da raça.

### Material e Métodos

Utilizaram-se 46.161 registros de PLDC de 7.453 primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro (GL) e cruzadas com Holandês, filhas de 598 touros Gir Leiteiro, com idade ao parto entre 24 e 60 meses, distribuídas em 270 rebanhos. Os dados foram extraídos do Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Leite. Somente os controles entre o 5º e o 305º dia da lactação foram considerados. Foram incluídas no estudo vacas que atendiam às condições: primeiro controle leiteiro realizado antes de 45 dias após o parto e número de controles superior a três. Adicionalmente, grupos contemporâneos (rebanho-ano-estação de controle) com menos de quatro vacas foram excluídos. Os meses em que ocorreram os controles foram agrupados em quatro estações, sendo 1 = águas: dezembro, janeiro e fevereiro; 2 = transição águas-seca: março a maio; 3 = seca: junho a agosto e 4 = transição seca-águas: setembro a novembro. As vacas foram agrupadas em 5 grupos genéticos: 1 = 100% GL; 2 =  $87,5\% \leq GL < 100\%$ ; 3 =  $75\% \leq GL < 87,5\%$ ; 4 =  $62,5\% \leq GL < 75\%$ ; e 5 =  $50\% \leq GL < 62,5\%$ . As PLDC foram agrupadas em dez classes mensais de lactação e cada classe foi considerada uma característica diferente. Foram realizadas quatro análises considerando-se as 10 características simultaneamente: multicaracterísticas padrão (M10) e três modelos de posto reduzido para a matriz de covariância genética aditiva, ajustando os primeiros 2 (CP2), 3 (CP3) e 4 (CP4) componentes principais. Foram considerados os efeitos aleatórios genético aditivo e residual, bem como os efeitos fixos do grupo contemporâneo, grupo genético, idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático) e dias em lactação (efeito linear). A matriz de covariâncias residual foi assumida ter posto completo. Os componentes de covariância foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o programa WOMBAT (Meyer, 2007). Os modelos foram comparados pelos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), bem como pela inspeção das estimativas dos parâmetros genéticos.

### Resultados e Discussão

Os valores do logaritmo da função de verossimilhança (log L), dos critérios de comparação AIC e BIC para os quatro modelos são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1- Número de parâmetros (p), logaritmo da função de verossimilhança (log L) e Critérios de Informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC).

| Modelo <sup>1</sup> | p   | log L   | AIC      | BIC      |
|---------------------|-----|---------|----------|----------|
| CP2                 | 74  | -51.133 | 102.414* | 103.048* |
| CP3                 | 82  | -51.127 | 102.418  | 103.120  |
| CP4                 | 89  | -51.124 | 102.426  | 103.187  |
| M10                 | 110 | -51.124 | 102.479  | 103.420  |

<sup>1</sup> CPn: modelo ajustando n primeiros componentes principais, M10: modelo multicaracterística padrão.

\*Indica o modelo escolhido de acordo com o AIC e o BIC

Para os modelos de posto reduzido a qualidade de ajuste aos dados, dada pelo incremento no log L, melhorou à medida que o número de componentes principais ajustados aumentou. Por outro lado, os valores dos critérios AIC e BIC indicaram o modelo CP2, contendo 74 parâmetros, como o melhor modelo. Ambos os critérios combinam qualidade de ajuste com grau de complexidade, sendo os modelos escolhidos aqueles de melhor qualidade combinada ao menor grau de complexidade. Quando avaliados os autovalores da matriz de covariância genética do modelo M10, observa-se que a maior parte da



variação é explicada pelos 2 primeiros autovalores (96,49%) associados aos quais tem-se os dois primeiros autovetores (componentes principais). As estimativas de variância fenotípica obtidas com os modelos M10 e CP2 foram muito similares e variaram entre 8,14 kg<sup>2</sup> e 10,11 kg<sup>2</sup>, sendo maiores no primeiro terço da lactação. Com comportamento semelhante, as variâncias genéticas aditivas variaram entre 1,17 kg<sup>2</sup> e 2,03 kg<sup>2</sup>. As estimativas de herdabilidade para os modelos M10 e CP2 são apresentadas na Tabela 2. Seguindo as tendências das variâncias fenotípicas e genéticas aditivas, as herdabilidades foram superiores no início da lactação. Estimativas similares foram reportadas por Pereira et al. (2010) trabalhando com a mesma população deste estudo, entretanto utilizando modelos de regressão aleatória. Quando comparadas às do modelo M10, as estimativas de herdabilidade obtidas com o modelo CP2, bem como seus respectivos erros padrão, foram muito similares. De maneira semelhante, as correlações genéticas entre as classes de PLDC para ambos os modelos foram muito próximas, entretanto, as do modelo CP2 foram um pouco superiores às do M10. As correlações foram próximas à unidade entre classes adjacentes, decrescendo para valores próximos a 0,5 entre a primeira e a décima classe. A redução no número de parâmetros estimados obtida com o modelo CP2 (74 parâmetros) quando comparado ao modelo M10 (110 parâmetros) foi significativa e representa como vantagem o menor esforço computacional ao se realizar a estimação de componentes de variância e avaliação genética dos animais. Estes resultados mostram que, o ajuste de poucos componentes principais é suficiente para modelar a estrutura de covariâncias entre as PLDC, provavelmente devido às altas correlações genéticas entre a maior parte das características (classes de PLDC). Estudos adicionais considerando-se outras metodologias, como a análise de fatores (Piepho, 1998), fazem-se necessários para que se encontre a melhor forma de modelagem deste tipo de dados.

Tabela 2 - Estimativas de herdabilidade e respectivos erros padrão (entre parênteses) para o modelo multicaracterística padrão (M10) e para o modelo ajustando os dois primeiros componentes principais (CP2).

| Modelo | C1     | C2     | C3     | C4     | C5     | C6     | C7     | C8     | C9     | C10    |
|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| M10    | 0,21   | 0,20   | 0,20   | 0,19   | 0,18   | 0,17   | 0,18   | 0,17   | 0,15   | 0,14   |
|        | (0,04) | (0,03) | (0,03) | (0,03) | (0,03) | (0,03) | (0,03) | (0,03) | (0,03) | (0,03) |
| CP2    | 0,21   | 0,20   | 0,20   | 0,18   | 0,18   | 0,16   | 0,16   | 0,16   | 0,15   | 0,13   |
|        | (0,04) | (0,03) | (0,03) | (0,03) | (0,03) | (0,02) | (0,02) | (0,03) | (0,03) | (0,03) |

### Conclusões

Modelos de posto reduzido podem ser aplicados para a modelagem da estrutura de covariâncias entre as produções de leite no dia do controle, tendo como vantagem a redução do número de parâmetros a serem estimados.

Os dois primeiros componentes principais são suficientes para explicar a maior parte da variação genética entre os animais. Assim, um modelo considerando-se os dois primeiros componentes principais é uma opção parcimoniosa para avaliação genética da raça Gir Leiteiro utilizando-se a produção de leite no dia do controle.

### Literatura citada

- KIRKPATRICK, M.; MEYER, K. Direct estimation of genetic principal components: Simplified analysis of complex phenotypes. **Genetics**, v.168, p.2295-2306, 2004.
- MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. **Journal of Zhejiang University SCIENCE B**, v.8,p.815-821, 2007.
- PEREIRA, R.J.; LOPES, P.S.; VERNEQUE, R.S. et al. Funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir leiteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.11, p.1303-1311, 2010.
- PIEPHO, HP. Empirical best linear unbiased prediction in cultivar trials using factor-analytic variance-covariance structures. **Theoretical and Applied Genetics**, v.97, p.105-201, 1998.