



JAIRO AZEVEDO JUNIOR

**AJUSTE DE CURVAS DE LACTAÇÃO DE
VACAS DA RAÇA HOLANDESA DE
REBANHOS DO ESTADO DE MINAS GERAIS**

LAVRAS - MG

2014

JAIRO AZEVEDO JUNIOR

**AJUSTE DE CURVAS DE LACTAÇÃO DE VACAS DA RAÇA
HOLANDESA DE REBANHOS DO ESTADO DE MINAS GERAIS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção Animal, para a obtenção do título de Doutor.

Orientador

Dr. Tarcisio de Moraes Gonçalves

LAVRAS - MG

2014

**Ficha Catalográfica Elaborada pela Coordenadoria de Produtos e
Serviços da Biblioteca Universitária da UFLA**

Azevedo Júnior, Jairo.

Ajuste de curvas de lactação de vacas da raça Holandesa de rebanhos do estado de Minas Gerais / Jairo Azevedo Júnior. – Lavras : UFLA, 2014.

89 p. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2014.

Orientador: Tarcisio de Moraes Gonçalves.

Bibliografia.

1. Bovino de leite. 2. Comparação de modelos. 3. Herdabilidade.
4. Modelo de regressão aleatória. I. Universidade Federal de Lavras.
II. Título.

CDD – 636.234

JAIRO AZEVEDO JUNIOR

**AJUSTE DE CURVAS DE LACTAÇÃO DE VACAS DA RAÇA
HOLANDESA DE REBANHOS DO ESTADO DE MINAS GERAIS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção Animal, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 13 de agosto de 2014.

Dra. Mary Ana Petersen Rodrigues	UNIMONTES
Dr. José Camisão de Sousa	UFLA
Dr. Júlio Sílvio de Sousa Bueno Filho	UFLA
Dr. Cláudio Nápolis Costa	Embrapa Gado de Leite

Dr. Tarcisio de Moraes Gonçalves
Orientador

LAVRAS - MG

2014

A Deus, pela dádiva da vida e
por sempre iluminar e guiar
meus caminhos e decisões.

DEDICO

Aos meus pais, Jairo e Eliane,
e às irmãs, Cristiane, Regina, Daniela e
Larissa, pelo amor incondicional, incentivo,
carinho e por compreenderem minha
ausência.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Zootecnia pela oportunidade de realização do Curso.

Ao CNPq pela concessão da bolsa de estudos e a CAPES pela bolsa de estudos para o Doutorado Sanduíche em Portugal.

À empresa IDEAGRI, situada em Belo Horizonte-MG, pela cessão dos dados utilizados neste trabalho.

Aos orientadores, Prof. Tarcisio de Moraes Gonçalves-UFLA e ao Prof. Júlio Gil Vale Carvalheira-Universidade do Porto, pela orientação, confiança, amizade, paciência e ensinamentos durante minha formação.

À equipe do CIBIO pelo acolhimento e amizade durante minha formação em Portugal.

À banca examinadora.

Aos professores e funcionários do Departamento de Zootecnia pelos ensinamentos.

Às amigadas construídas em Lavras-MG e em Porto (Portugal).

Aos amigos de Gurupi-TO.

Aos amigos da República Orfanato e agregados.

Aos familiares que, mesmo à distância, conseguiram demonstrar sua preocupação, carinho e incentivo.

Àqueles que colaboraram para a realização deste trabalho direta ou indiretamente.

A Deus, por tornar tudo isso possível e me cercar de pessoas especiais.

RESUMO

Os Modelos de Regressão Aleatória diferem entre si por meio da função utilizada para descrever a forma da curva de lactação dos animais. Objetivou-se neste estudo comparar Modelos de Regressão Aleatória, ajustados sob diferentes funções, para descrever a lactação de animais de rebanhos da raça Holandesa no estado de Minas Gerais. Foram analisados 28.118 dados de produção no dia do controle leiteiro de 4.230 animais em primeira lactação, distribuídos em cinco rebanhos. As funções de Wilmink, Ali & Schaeffer e Polinômios de Legendre (ordens 4, 5 e 6) foram ajustadas sob Modelos de Regressão Aleatória, para modelar a trajetória média de produção (fixa) e os efeitos genético e de ambiente permanente (aleatórios) ao longo da lactação. A variância residual foi assumida como constante ao longo da lactação. As análises foram realizadas com o uso do programa AIREMLF90. Com exceção do modelo com a função polinomial de ordem 5, todos os modelos convergiram. A função de Wilmink apresentou menores valores para os critérios baseados no máximo da função de verossimilhança ($-2\log(L)$, AIC e BIC). O modelo com a função polinomial de Legendre de ordem 6 apresentou menor variância residual, fato associado ao maior número de parâmetros dessa função. As estimativas de herdabilidade ao longo da lactação foram baixas e semelhantes entre as funções; variaram de 0,07 a 0,18 e valores maiores foram observados a partir do 215º dia da lactação. Observou-se que, a partir dos 155 dias de lactação, as correlações genéticas e de ambiente permanente entre os controles subsequentes, são de elevada magnitude. A função de Wilmink é a mais adequada para o estudo da produção de leite de animais de rebanhos da raça Holandesa em primeira lactação no estado de Minas Gerais. A partir dos 155 dias de lactação, a seleção de animais pode ser praticada. Produções posteriores aos 155 dias de lactação podem ser obtidas por meio de projeção da lactação. Efeitos ambientais permanentes têm maior influência sobre a produção de leite, principalmente, no final da lactação. As causas desses efeitos devem ser consideradas uma vez que os efeitos são importantes e podem ser cumulativos ao longo da lactação.

Palavras-chave: Bovino de leite. Comparação de modelos. Herdabilidade. Modelo de Regressão Aleatória.

ABSTRACT

The random regression models (RRM) differ by the function used to describe the shape of the lactation curve of the animals. The aim of this study was to compare random regression models under different functions to describe the lactation of animals from Holsteins herds in the state of Minas Gerais. An amount of 28,118 production data were analyzed on the test day recording of 4,230 animals at first parity, distributed in five herds. The Wilmink, Ali & Schaeffer and Legendre polynomials (orders 4, 5 and 6) functions were adjusted in RRM to model the mean trend of production (fixed) and genetic effects and permanent environmental (random) throughout lactation. The residual variances were assumed to be constant throughout lactation. Analyzes were performed using the AIREMLF90 program. Excepting the model with the polynomial function of order 5, all models converged. The Wilmink function showed lower values for criteria based on the maximum likelihood function ($-2\log(L)$, AIC and BIC). The model with the Legendre polynomial of order 6 showed lower residual variance, factor associated with higher number of parameters of this function. Heritability estimates were similar between functions, ranged from 0.07 to 0.18 and were higher from 215 days of lactation. It was observed that, from 155 days of lactation, genetic and permanent environmental correlations between successive controls are of high magnitude. The Wilmink function is most suitable for the study of animal production of milk from Holstein first lactation in the state of Minas Gerais. From the 155 days of lactation, the selection of animals can be practiced. Later productions at 155 days of lactation may be obtained through projection of lactation. Permanent environmental effects have more control over the production of primiparous milk on the dairy control, particularly at the end of lactation. The causes of these effects should be considered since the effects are important and can be cumulative with upward trend throughout lactation.

Keywords: Dairy cattle. Models comparison. Heritability. Random regression model.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Biometria global e local da lactação.....	24
Figura 2	Produções médias de leite, obtidas no dia dos diferentes controles leiteiros (CL) de bovinos da raça Holandesa em primeira lactação, pertencentes a cinco rebanhos no Estado de Minas Gerais	53
Figura 3	Estimativas dos componentes de variância para os efeitos genéticos aditivos (VGA), de ambiente permanente de animal (VEP) e fenotípica (VP) para a produção no dia do controle leiteiro de cinco rebanhos de bovinos da raça Holandesa, no estado de Minas Gerais, em primeira lactação estimadas com o ajuste das funções de Ali & Schaeffer (ALI); Wilmink (WIL); Polinômios de Legendre grau 3, ordem 4 (LEG3) e Polinômios de Legendre grau 5, ordem 6 (LEG5)	56
Figura 4	Herdabilidades para a produção de leite no dia do controle leiteiro de cinco rebanhos de bovinos da raça Holandesa, no estado de Minas Gerais, em primeira lactação estimadas pelas funções de Ali & Schaeffer (ALI); Wilmink (WIL); Polinômios de Legendre grau 3, ordem 4 (LEG3) e Polinômios de Legendre grau 5, ordem 6 (LEG5)	59

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Principais produtores de leite de vaca no mundo (mil toneladas)	18
Tabela 2	Ranking da produção de leite inspecionado por Estado brasileiro no ano de 2013	19
Tabela 3	Grupo de características avaliadas pelo INTERBULL.....	22
Tabela 4	Características relacionadas aos Modelos de Regressão Aleatória (MRA).....	34
Tabela 5	Descrição populacional de cinco rebanhos de bovinos da raça Holandesa criados em Minas Gerais	49
Tabela 6	Números de controles leiteiros mensais (CL) e números de lactações de bovinos da raça Holandesa pertencentes a cinco rebanhos no Estado de Minas Gerais avaliados em primeira lactação.....	50
Tabela 7	Número de dias em lactação na data do controle leiteiro (CL) e respectivos desvios padrão de bovinos da raça Holandesa em primeira lactação pertencentes a cinco rebanhos no Estado de Minas Gerais	51
Tabela 8	Produções médias e respectivos desvios padrão, obtidas no dia dos diferentes controles leiteiros (CL) de bovinos da raça Holandesa em primeira lactação pertencentes a cinco rebanhos no Estado de Minas Gerais.....	52
Tabela 9	Critérios para escolha de modelos ajustados com diferentes funções a dados de produção de leite, no dia do controle leiteiro de bovinos da raça Holandesa em primeira lactação, pertencentes a cinco rebanhos no Estado de Minas Gerais	54

Tabela 10 Estimativas dos componentes de variância para os efeitos genéticos aditivos (VGA), de ambiente permanente de animal (VEP) e fenotípica (VP) para a produção no dia do controle leiteiro de cinco rebanhos de bovinos da raça Holandesa, no estado de Minas Gerais, em primeira lactação, estimadas com o ajuste das funções de Ali & Schaeffer (ALI); Wilmink (WIL); Polinômios de Legendre grau 3, ordem 4 (LEG3) e Polinômios de Legendre grau 5, ordem 6 (LEG5)	57
Tabela 11 Herdabilidades para a produção de leite no dia do controle leiteiro de cinco rebanhos de bovinos da raça Holandesa, no estado de Minas Gerais, em primeira lactação estimadas pelas funções de Ali & Schaeffer (ALI); Wilmink (WIL); Polinômios de Legendre grau 3, ordem 4 (LEG3) e Polinômios de Legendre grau 5, ordem 6 (LEG5)	58
Tabela 12 Correlações genéticas (triangular superior) e ambientais permanentes (triangular inferior) para a produção de leite no dia do controle, para a primeira lactação de bovinos da raça Holandesa, obtidas com o ajuste da função polinomial de Legendre de grau 3	61
Tabela 13 Correlações genéticas (triangular superior) e de ambiente permanente (triangular inferior) da produção de leite nos dias dos diferentes controles leiteiros de bovinos primíparos da raça Holandesa obtidas com o ajuste da função polinomial de Legendre de grau 5	62
Tabela 14 Correlações genéticas (triangular superior) e de ambiente permanente (triangular inferior) da produção de leite nos dias dos diferentes controles leiteiros de bovinos primíparos da raça Holandesa obtidas com o ajuste da função de Ali & Schaeffer.....	63

Tabela 15 Correlações genéticas (triangular superior) e de ambiente permanente (triangular inferior) da produção de leite nos dias dos diferentes controles leiteiros de bovinos primíparos da raça Holandesa obtidas com o ajuste da função de Wilmink.....63

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	OBJETIVOS	16
2.1	Objetivo Geral	16
2.2	Objetivos Específicos	16
3	REVISÃO DA LITERATURA	17
3.1	A produção de leite no cenário mundial	17
3.2	Melhoramento genético de bovinos leiteiros	19
3.3	Curvas de lactação	23
3.4	Funções para descrever a curva de lactação de bovinos leiteiros ..	25
3.4.1	Função de Ali & Schaeffer	27
3.4.2	Função de Wilmink	28
3.4.3	Função Polinomial de Legendre	29
3.5	Metodologias para análise de dados longitudinais de produção de leite	31
3.6	Critérios para escolha de modelos	38
4	MATERIAL E MÉTODOS	42
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	49
6	CONCLUSÕES	64
	REFERÊNCIAS	65
	ANEXOS	74

1 INTRODUÇÃO

A profissionalização e a tecnificação das propriedades, o desenvolvimento de novos produtos e tecnologias e os esforços empreendidos na busca da excelência produtiva por parte dos governos, das cooperativas e dos produtores são alguns fatores que têm contribuído para o desenvolvimento da atividade leiteira em âmbito mundial.

Pode-se dizer, assim, que a alta produtividade de animais lactantes, observada nos dias atuais, deve-se, em parte, à implementação de novas tecnologias nos programas de melhoramento genético dos rebanhos.

Animais da raça Holandesa têm sido beneficiados pelas novas tecnologias. A raça possui o maior número de indivíduos em todo o mundo e tem sido alvo de seleção intensa, fato que contribui para que seja a raça mais criada e produtiva dentre aquelas com aptidão leiteira. Além disso, a globalização, também, contribuiu para a difusão da raça Holandesa, por meio do comércio mundial de sêmem, embriões e animais.

Algumas características dos animais relacionadas à produção leiteira são alvos de melhoramento e, são, geralmente, obtidas com base na produção de leite de animais participantes do Serviço de Controle Leiteiro das Associações de raças.

Cada país e associação de raça definem um método para avaliar fenotípica e geneticamente as características de interesse econômico que, geralmente, são selecionadas simultaneamente, porém com diferentes pesos, dentro de índices de seleção. Apesar das particularidades adotadas para a avaliação genética dos animais em cada país, o foco comum de todos eles é o melhoramento da produção e da qualidade do leite, isto é, estes são mais valorizados nos índices de seleção.

Para incrementar a produção de leite nos programas de melhoramento, é importante o conhecimento da dinâmica da produção no decorrer da lactação, cuja representação gráfica é conhecida como curva de lactação, estudada mediante o ajuste de funções matemático-estatísticas. Essas funções, concebidas para análise das características longitudinais, utilizam os sucessivos dados de produção no controle leiteiro para gerar o conhecimento sobre as mudanças da produção ao longo do tempo. As mudanças são descritas como regressão, em função do tempo, revelando as causas de variação que influenciam essa mudança, que podem ser genéticas ou ambientais.

A escolha de metodologias adequadas para estudar a produção de leite, durante a lactação, torna a predição dos valores genéticos dos animais mais acurada, permitindo a seleção de genótipos superiores que contribuem com maiores ganhos genéticos nas características selecionadas. Dentre as diferentes metodologias de análise da produção de leite ao longo da lactação, os Modelos de Regressão Aleatória (MRA) têm inúmeras vantagens nas avaliações genéticas de bovinos leiteiros.

Esses Modelos de Regressão Aleatória diferem entre si por meio da função utilizada para descrever a forma da lactação dos animais. Inúmeras funções foram propostas com o intuito de modelar biologicamente a produção de leite ao longo da lactação, dentre elas, citam-se as funções de Brody, Ragsdale e Turner (1923), Wood (1967), Ali e Schaeffer (1987), Wilmink (1987), Polinômios de Legendre (KIRKPATRICK; LOFSVOLD; BULMER, 1990) e a função de Michaelis-Menten reparametrizada (REBOUÇAS et al., 2008).

As acurácias para os valores genéticos preditos com MRA podem ser superiores àquelas obtidas com modelos de características múltiplas (MEYER, 2001). As variâncias genéticas e residuais, estimadas em análises de características múltiplas, são obtidas para cada característica. Nos MRA são utilizadas as funções de covariância (FC) para estimá-las.

Nos MRAs, por meio da utilização de funções que definem a produção no dia “ t ” como uma função linear do tempo ou de uma função exponencial ou logarítmica do tempo, procura-se ajustar uma curva média global, paramétrica ou não paramétrica para a população. Curvas específicas de cada animal coincidem, afastam-se ora mais ora menos dessa curva global, à medida que os parâmetros das curvas individuais apresentam-se, distributivamente, em torno dos parâmetros da curva global. Assim, por meio dos MRA, o mérito genético dos indivíduos pode ser obtido em qualquer ponto da lactação.

A utilização de metodologias que permitem a estimação de parâmetros genéticos de forma mais acurada pode contribuir para o aumento dos ganhos genéticos obtidos com a seleção. Nesse contexto, os MRA têm sido reconhecidos como mais apropriados para a análise de dados longitudinais na área de melhoramento genético. Portanto, é fundamental considerar a função que proporciona o melhor ajuste da curva de lactação. Embora muitas funções e métodos estatísticos se mostrem adequados para algumas situações, ainda há dificuldade no convencimento da comunidade produtora e científica a respeito da adoção dos mesmos nos programas de melhoramento genético dos animais.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Comparar Modelos de Regressão Aleatória que diferem entre si por meio da função utilizada para descrever a curva de lactação de animais de rebanhos da raça Holandesa no Estado de Minas Gerais.

2.2 Objetivos Específicos

Estimar a herdabilidade da produção de leite nos diferentes dias de controle leiteiro ao longo da lactação.

Estimar as correlações genéticas e de ambiente permanente entre os diferentes dias de controle leiteiro ao longo da lactação.

3 REVISÃO DA LITERATURA

3.1 A produção de leite no cenário mundial

A demanda por produtos lácteos tem acompanhado o crescimento da população mundial. Alguns países têm buscado a autossuficiência na produção de leite e seus derivados, diminuindo a importação desses produtos para o abastecimento da população interna. Os Estados Unidos despontam como o país com maior produção mundial de leite, contribuindo com, aproximadamente, 15% do total produzido (Tabela 1). Os programas de melhoramento genético dos reprodutores, o número de animais em lactação, o manejo adequado e o controle zootécnico intensivo das propriedades e das condições ambientais favoráveis à produção são alguns dos fatores que contribuem para o bom desempenho norte-americano na atividade leiteira.

No Brasil, tais fatores, também, são responsáveis pelo desenvolvimento da atividade. Se forem considerados os volumes de produção divulgados pelo Serviço Exterior de Agricultura do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), em relatório de dezembro de 2012 (Tabela 1), nos dias de hoje, o Brasil já ocupa a terceira colocação mundial, ficando atrás, apenas, dos Estados Unidos e da Índia. Por tal previsão, o Brasil já teria ultrapassado, inclusive, a China e a Rússia (POLL, 2013).

Na avaliação do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), segundo projeções feitas para os próximos dez anos, o leite é considerado um dos produtos que apresentam elevada possibilidade de crescimento; tanto a produção quanto o consumo deverão crescer nos próximos anos, conforme registros do Anuário Brasileiro da Pecuária de 2013.

Tabela 1 Principais produtores de leite de vaca no mundo (mil toneladas)

	2012	2013*	2014**
UE28	139.000	140.100	144.000
EUA	90.962	91.271	93.375
Índia	55.500	57.500	60.125
Brasil	33.338	34.504	36.057
China	32.600	34.300	36.000

Fonte: POLL, 2013

2013 – Estimativa de crescimento: 3,5%.

2014 – Previsão de crescimento: 4,5%. Elaboração: Anuário Brasileiro da Pecuária (2014).

Minas Gerais é o Estado brasileiro com maior produção de leite anual, contribuindo com mais de 27% do total produzido em todo país (Tabela 2), seguido pelos Estados do Rio Grande do Sul, Paraná e Goiás. Juntos, os quatro estados produzem mais de 60% da produção total brasileira; lembrando que totalizam o território do Brasil 26 estados, além do Distrito Federal.

Nas áreas mineiras, as principais regiões produtoras concentram-se no Triângulo - Alto Paranaíba, no Sul/Sudoeste e na Zona da Mata. A atividade, contudo, está presente em 845 municípios, abrangendo cerca de 220 mil propriedades, que representam em torno de 55% dos estabelecimentos agropecuários de Minas Gerais. O Estado contabiliza mais de 2 mil unidades de processamento de leite e, desde 2007, conta com o Pólo de Excelência do Leite e Derivados, que promove inovações no sistema agroindustrial, focado em qualidade e segurança, exportação e consolidação da liderança (POLL, 2013).

Tabela 2 Ranking da produção de leite inspecionado por Estado brasileiro no ano de 2013

Estados	Mil Litros
Minas Gerais	6.171.001
Rio Grande do Sul	3.459.966
Paraná	2.818.337
São Paulo	2.531.510
Goiás	2.445.863
Santa Catarina	2.117.666

Fonte: POLL (2013).

3.2 Melhoramento genético de bovinos leiteiros

No aspecto histórico, o desenvolvimento dos procedimentos de avaliações genéticas é descrito por Norman (1986) desde 1930. Ressaltam-se grandes avanços genéticos, alcançados com programas de melhoramento quando, em 1989, um modelo animal foi implementado, permitindo a avaliação simultânea de vacas e touros (WIGGANS; VANRADEN, 1989; WIGGANS, 1991).

O modelo animal é, atualmente, a metodologia padrão de avaliação genética em praticamente todas as espécies animais. A sua grande flexibilidade, o fato de permitir a inclusão de diversos tipos de efeitos fixos, de considerar a informação de todos os parentes, dentre outros, justificam a grande dimensão de aplicação dessa metodologia, garantindo sua acurácia e consequentes incrementos voltados ao ganho genético sobre as características avaliadas.

Assim, os ganhos com o melhoramento genético para produção de leite têm aumentado nos últimos anos. Mundialmente e a cada ano, milhões de vacas fornecem novos dados para o controle leiteiro, com base em avaliações genéticas voltadas para as características de produção. Aliás, o controle leiteiro,

geralmente realizado em intervalos de 30 dias, é uma prova zootécnica que consiste na mensuração e registro da produção individual da vaca em um período de 24 horas. Os registros do controle leiteiro se constituem como a principal fonte de informação utilizada nas avaliações genéticas de bovinos, para a produção de leite (PEREIRA et al., 2010) e devem ser realizados por profissionais/instituições regulamentadas para tal função.

As empresas de genética bovina e inseminação artificial têm sido extremamente importantes para o aumento da taxa de progresso genético. Essa contribuição das empresas é em razão do número crescente de touros jovens avaliados; ao aumento da intensidade de seleção de fêmeas reprodutoras por meio de técnicas reprodutivas, como a ovulação múltipla e transferência de embriões e ao encurtamento do intervalo de gerações, por meio do uso de vacas mais jovens e de algumas novilhas nulíparas como fêmeas reprodutoras (WIGGANS, 1991).

Comparados a outras espécies, em nível mundial, a criação de bovinos leiteiros contam com uma metodologia de seleção relativamente uniforme. Em geral, os objetivos a serem alcançados focam, essencialmente, na melhoria de características produtivas, morfológicas e de resistência a doenças, sendo este controle de zoonoses imprescindível ao controle leiteiro dos animais avaliados.

As avaliações genéticas, para a característica de produção de leite de bovinos da raça Holandesa no Brasil, são baseadas em um modelo animal que utiliza estimativas da produção acumulada em até 305 dias da primeira lactação (COSTA et al., 2006). Existe um esforço conjunto da Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa-ABCBRH e da Embrapa Gado de Leite, para a execução da avaliação genética dos animais e para a estruturação de processos gerenciais e tecnológicos, orientados para a melhoria dos padrões de produtividade, qualidade e eficiência técnico-econômica da produção de leite no País (COSTA et al., 2013). A Embrapa Gado de Leite tem uma atuação

colaboradora na orientação e apoio técnico ao Programa de Seleção da Raça Holandesa. Nesse contexto, inserem-se as avaliações genéticas, orientadas para a disponibilização de indicadores de mérito genético dos animais; informação essencial para os criadores da raça e produtores de leite decidirem sobre as estratégias de seleção e de acasalamento dos animais dos seus rebanhos. Anualmente, a Embrapa Gado de Leite publica o Sumário de Touros, onde os resultados das avaliações genéticas de animais da raça Holandesa no Brasil são apresentados à comunidade.

Internacionalmente, é importante destacar o papel desempenhado pelo *International Committee for Animal Recording* – ICAR, na padronização de procedimentos Serviço de Controle Leiteiro das Associações de Raças, bem como da avaliação genética dos animais em âmbito mundial (INTERNATIONAL COMMITTEE FOR ANIMAL RECORDING, 2012). As normas do ICAR são referenciadas na prática e na legislação em todo o mundo e formam a base de todos os principais programas de mensuração animal e de avaliação dos países desenvolvidos.

O Serviço de Avaliação Genética dos Animais é realizado por um subcomitê permanente do ICAR, o *International Bull Genetic Evaluation Service* – INTERBULL, criado no ano de 1983, mas integrado ao ICAR em 1988. São avaliadas as raças Holandesa (“Holstein”), Pardo Suíça (“Brown Swiss”), Simental, Guernsey, Jersey e “Red Dairy Cattle”. O programa de avaliação, realizado pelo INTERBULL, já totaliza quarenta características, que estão divididas em sete grupos, apresentados na Tabela 3.

Tabela 3 Grupo de características avaliadas pelo INTERBULL

Grupo de características	Número de características
Produção	3
Morfologia	23
Saúde do úbere	2
Longevidade	1
Facilidade de parto	4
Fertilidade	5
Funcionalidade	2
TOTAL	40

Entretanto, cada país e a associação de raça definem um método para avaliar fenotípica e geneticamente características de interesse econômico, para só então selecionar os melhores animais para a reprodução. Dessa forma, um mesmo animal, cujo material genético foi comercializado entre diferentes países de diferentes continentes, pode ter seu valor reprodutivo predito em diferentes magnitudes entre as localidades, resultando em diferentes ranqueamentos. O INTERBULL reúne as avaliações genéticas de todos os países participantes e calcula valores genéticos sobre as diferentes escalas de cada país. Os países membros são responsáveis pela classificação dos touros usando seus próprios objetivos de seleção e pela publicação dos resultados.

Recentemente, na América do Sul, a Argentina, já país-membro do ICAR, tornou-se membro do INTERBULL, e o Brasil membro do ICAR. Espera-se que, em futuro próximo, o Brasil passe a integrar a rede de avaliação genética internacional realizada pelo INTERBULL, e os animais aqui nascidos e avaliados possam ter sua genética difundida pelo mundo afora.

3.3 Curvas de lactação

A curva de lactação é uma representação gráfica da variação da produção diária de uma fêmea leiteira, em função da duração da lactação e pode ser utilizada para estimar a produção de leite em qualquer período ou no transcorrer da lactação (CHEEMA; BASU, 1983; DURÃES; TEIXEIRA; FREITAS, 1991).

O conhecimento das curvas de lactação de um rebanho auxilia na adequação de técnicas de alimentação e manejo, no descarte e na seleção de animais, de acordo com um padrão desejável, pré-estabelecido conforme a capacidade de produção (GONÇALVES, 1994). Dessa maneira, a comparação da forma da curva entre grupos distintos de animais: diferentes composições raciais, idades ao parto, rebanhos e outros dados de interesse podem fornecer informações sobre a eficiência dos grupos, propiciando um melhor controle zootécnico da produção em cada fase da lactação (GROENEWALD; VILJOEN, 2003).

A elevada variabilidade da produção de leite diária é um reflexo da biologia da curva de lactação (OLORI et al., 1999). Isto justifica o estudo do formato das diferentes curvas e dos parâmetros biológicos que expliquem a variabilidade existente entre curvas de lactação de animais ou grupos de animais, ao longo da trajetória da produção de leite.

Observando-se que, biologicamente, a lactação não é um fenômeno retilíneo e que, do ponto de vista econômico, seria inviável a implementação de um sistema de controle leiteiro com periodicidade inferior à mensal, Silvestre (2003) aponta como recurso a utilização de modelos matemático-estatísticos, como ferramenta que permite estabelecer a ponte entre a vaca e a sua avaliação. A modulação matemático-estatística e a representação gráfica constituem, pois, abordagens comuns nos estudos que incidem sobre a biometria da lactação.

Estas metodologias permitem a caracterização da variação global, mas não consideram a variação local (Figura 1) (SILVESTRE, 2003). No entanto, a variação local é capaz de influenciar a estimativa da curva de lactação, sendo esta questão tanto mais pertinente quanto menor for o número de observações por lactação (SILVESTRE, 2003).

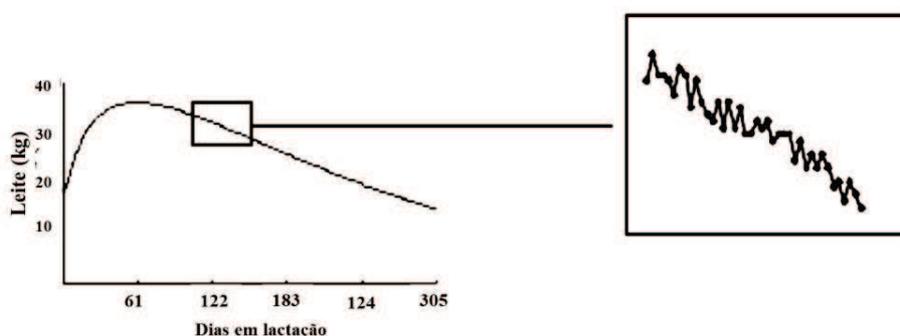


Figura 1 Biometria global e local da lactação

Fonte: (SILVESTRE, 2003).

Uma curva de lactação típica apresenta uma fase crescente, que se estende até uma fase de pico, representada pela produção máxima observada, seguida de uma fase de declínio continuado até o final da lactação (ALI; SCHAEFFER, 1987).

A persistência da lactação, tempo de ocorrência do pico de lactação, produção no pico são características que determinam a forma da curva de lactação e precisam ser bem conhecidas. Essas características podem ser estimadas enquanto parâmetros das funções matemático-estatísticas ou como funções dos parâmetros utilizados na modelagem das curvas de lactação.

A presença de curvas atípicas pode ser explicada pela incapacidade da função de ajuste dos dados ao estimar o pico de lactação ou pela ineficiência do sistema de controle leiteiro, quando o período entre o parto e primeiro controle é

longo (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2002). Além disso, caso o pico de produção ocorra poucas semanas após o parto, tendo-se pouca informação nesse período, a estimativa dos parâmetros que se relacionam com o pico é prejudicada (COOBY; LÊ DU, 1978), o que pode resultar em curvas atípicas.

3.4 Funções para descrever a curva de lactação de bovinos leiteiros

As curvas de lactação são estudadas mediante uso de funções e são importantes para o estabelecimento de estratégias capazes de otimizar a seleção e a busca de genótipos mais eficientes e rentáveis para o produtor.

São conhecidos três tipos de funções matemáticas, as lineares, intrinsecamente lineares e não lineares. Uma função é linear em seus parâmetros quando a variável dependente é uma combinação linear dos parâmetros. As intrinsecamente lineares são aquelas que, apesar de não lineares, podem se tornar lineares com transformações apropriadas das variáveis, ou seja, são linearizáveis. E, por último, as não lineares em que não é possível ser transformada para produzir uma função linear dos parâmetros (AFIFI; CLARK, 1984).

Funções usadas para descrever a curva de lactação geralmente se encaixam na segunda definição, sendo, portanto, linearizáveis. As funções linearizáveis são preferíveis em relação a funções lineares, pois estas últimas, não projetam curvas com o formato esperado ao menos que envolva um grande número de parâmetros. O aumento no número de parâmetros pode tornar a estrutura da função instável, produzindo curvas com formatos muito diferentes do desejado, além de exigir mais tempo e recursos computacionais durante a análise (GIRON-PINEDA, 1987). Além disso, as funções linearizáveis, também, são preferíveis em relação a funções não lineares, uma vez que não exige a utilização de processos iterativos, para a estimação dos parâmetros, o que requer

estimativas preliminares dos parâmetros, nem sempre de fácil obtenção (GIRON-PINEDA, 1987).

Historicamente, a utilização de funções matemáticas com interpretação biológica teve início quando Brody, Ragsdale e Turner (1923) propuseram o modelo monomolecular, baseado em uma equação que descrevia o comportamento exponencial de reações químicas monomoleculares, para descrever a produção de leite com o avanço do tempo. O modelo proposto por Brody explicava biologicamente o fenômeno estudado, porém explicava somente a fase de declínio da produção, tornando o modelo inadequado para prever a produção de leite no início da lactação, em função do comportamento ascendente do fenômeno biológico. Em sequência, propuseram um novo modelo, reunindo dois modelos monomoleculares, que associavam a fase ascendente da curva de lactação ao mecanismo de síntese e secreção do leite que dependiam dos processos de diferenciação e morte celular na glândula mamária. Com base nesse estudo, funções matemáticas passaram a compor submodelos para prever e explicar biologicamente a curva de lactação dos animais.

Nas últimas décadas foram desenvolvidas muitas pesquisas baseadas nas metodologias Bayesiana e REML (VARONA et al., 1998; STRABEL; MISZTAL, 1999; JAMROZIK; GIANOLA; SCHAEFFER, 2001; GUO; SCHAEFFER, 2002) que buscaram usar diretamente a produção de leite no dia do controle leiteiro na avaliação genética e considerar a variação existente em cada dia de controle leiteiro (SILVESTRE, 2003). Isto implicou a inclusão de submodelos de curva de lactação no Modelo Misto (GUO; SWALVE, 1995; SILVESTRE, 2003). Entretanto, o aumento da complexidade dos submodelos de curva de lactação pode conduzir a uma situação de superparametrização e, também, a estimativas elevadas da variância genética aditiva nos extremos da lactação, segundo Olori et al. (1999). Assim, um modelo desejável seria o que se

ajustasse de forma adequada aos dados e que apresentasse poucos parâmetros (VEERKAMP; GODDARD, 1998).

Neste trabalho, foram abordadas as funções de Wilmink (1987), Ali e Schaeffer (1987) e Polinômios de Legendre (KIRKPATRICK; LOFSVOLD; BULMER, 1990). Essas funções possuem parâmetros estimáveis relacionados à produção de leite no dia do controle, ao tempo de ocorrência e produção no pico de lactação, à persistência da lactação e à produção acumulada, nos 305 dias de lactação, que são características priorizadas em programas de melhoramento dos bovinos leiteiros. Cada função define a produção no dia “ t ” como uma função linear do tempo ou de uma função do mesmo (exponencial ou logaritmo), o que apresenta claras vantagens em termos de estimação e interpretação biológica. Geralmente possuem três ou quatro parâmetros, em função dos dias em lactação, capazes de produzir curvas com o formato típico de uma curva de lactação para a maioria das espécies animais.

3.4.1 Função de Ali & Schaeffer

O modelo proposto por Ali e Schaeffer (1987) apresenta cinco parâmetros:

$$y_t = a + b\gamma_t + c\gamma_t^2 + d\omega_t + e\omega_t^2$$

Em que $\gamma_t = t/305$, $\omega_t = \ln(305/t)$, Y_t é a produção de leite no dia t da lactação; a é a produção no pico de lactação; d e e relacionam-se à taxa de aumento da produção de leite antes do pico de lactação, enquanto b e c ao declínio da produção considerando o pico de lactação. Quando d e e possuem estimativas de elevada magnitude, a produção de leite pode alcançar seu nível

máximo (pico de lactação) em poucas semanas após o parto. A taxa de decréscimo da produção, descrita pelos parâmetros **b** e **c**, pode fornecer informações sobre a capacidade do animal em manter mais ou menos constante a produção de leite (persistência da lactação) após o pico.

O modelo Ali e Schaeffer tem sido utilizado em vários estudos que incidem em modelos para a análise da produção de leite no dia do controle leiteiro (JAMROZIK; SCHAEFFER, 1997; KETTUNEN; MANTYSAARI; POSO, 2000).

3.4.2 Função de Wilmink

Wilmink (1987) propôs o seguinte modelo para o estudo da produção de leite:

$$Y_t = a + bt + ce^{-kt}$$

na qual os parâmetros: Y_t corresponde à produção de leite no dia t da lactação; a está associado à produção de leite no início da lactação; b ao aumento da produção até o pico de lactação, sendo quanto maior a magnitude desse parâmetro, maior a produção do animal antes de atingir o pico de lactação; c é relacionado ao declínio da produção após o pico de lactação, em que maiores valores desses parâmetros podem estar relacionados a maiores persistências, e k está relacionado ao tempo de ocorrência do pico de lactação. O parâmetro k está relacionado com o momento do pico e, usualmente, assume um valor fixo que pode ser obtido numa análise preliminar, o que implica que o modelo apresente apenas 3 parâmetros para estimar. Entretanto, Schaeffer et al. (2000) verificaram não haver diferenças significativas entre a produção real e a estimada quando o valor de k é estimado para cada situação de análise. Assim, neste trabalho foi

assumido $k=0.05$, associado a um pico com ocorrência próxima aos 50 dias de lactação de acordo com Wilmink (1987) e Schaeffer et al. (2000).

O modelo de Wilmink foi desenvolvido na Holanda, amplamente estudado e, até o ano de 2003 foi a função adotada para descrever a forma da curva de lactação no programa oficial de avaliação genética no Canadá (SCHAEFFER et al., 2000; NICOLAZZI; FORABOSCO; FIKSE, 2011).

3.4.3 Função Polinomial de Legendre

As funções anteriormente apresentadas possuem em comum o fato de serem desenvolvidas com o propósito de estudar a curva de lactação dos animais. Após a publicação dessas funções, Wood, Wilmink, Ali e Schaeffer, novas abordagens matemáticas com ampla aplicabilidade foram propostas, como, por exemplo, os Polinômios de Legendre, para o estudo de curvas de lactação de animais com aptidão leiteira (WHITE; THOMPSON; BROTHERSTONE, 1999; BROTHERSTONE; WHITE; MEYER, 2000).

A metodologia publicada por Spiegel (1971) se trata de funções polinomiais de grau “ n ” e domínio “ $n+1$ ”, onde uma única observação pode ser

escrita como: $y_t = \sum_{i=0}^n \alpha_i \phi_i(\omega)$, em que “ w ” é uma unidade de tempo padronizado

que varia de -1 a +1, sendo obtido por: $\omega = 2 \left(\frac{t - t_{\min}}{t_{\max} - t_{\min}} \right) - 1$. Nesse caso, assume-se $t_{\min} = 5$ dias e $t_{\max} = 305$ dias, que correspondem ao primeiro e último dia de controle leiteiro após o parto, respectivamente.

Em continuação, temos: $\phi_n(\omega) = \sqrt{\frac{2n+1}{2}} P_n(\omega)$, onde $P_n(\omega)$ é o polinômio de grau “ n ” não normalizado e $\phi_n(\omega)$ é o polinômio normalizado. Se

considerarmos até o quarto grau, teríamos as cinco funções polinomiais não normalizadas:

$$\begin{aligned}
 P_0(w) &= 1 \\
 P_1(w) &= w \\
 P_2(w) &= \frac{1}{2}(3w^2 - 1) \\
 P_3(w) &= \frac{1}{2}(5w^3 - 3w) \\
 P_4(w) &= \frac{1}{8}(35w^4 - 30w^2 + 3) \\
 P_5(w) &= \frac{1}{8}(63w^5 - 70w^3 + 15w)
 \end{aligned}$$

E, por fim, os polinômios normalizados até o quinto grau, ou até a sexta ordem, seriam:

$$\begin{aligned}
 \phi_0(w) &= 0,7071 \\
 \phi_1(w) &= \sqrt{\frac{3}{2}} \cdot P_1(w) \\
 \phi_2(w) &= \sqrt{\frac{5}{2}} \cdot P_2(w) \\
 \phi_3(w) &= \sqrt{\frac{7}{2}} \cdot P_3(w) \\
 \phi_4(w) &= \sqrt{\frac{9}{2}} \cdot P_4(w) \\
 \phi_5(w) &= \sqrt{\frac{11}{2}} \cdot P_5(w)
 \end{aligned}$$

Kirkpatrick, Lofsvold e Bulmer (1990) propuseram o uso de funções de covariância para dados longitudinais e a utilização de Polinômios Ortogonais de unidades padronizadas de tempo como covariáveis. Polinômios Ortogonais têm vantagens computacionais e, geralmente, tendem a reduzir as correlações entre os coeficientes de regressão estimados. Vários tipos de Polinômios Ortogonais estão disponíveis, mas os polinômios de Legendre têm sido amplamente

utilizados (KIRKPATRICK; LOFSVOLD; BULMER, 1990) e aplicados na modelagem tanto de efeitos fixos como de efeitos aleatórios de animal e ambiente permanente (MEYER, 2000; POOL; MEUWISSEN, 2000; COBUCI et al., 2000).

Estes modelos não requerem qualquer pressuposição sobre a forma da curva ou trajetória da característica com o tempo (ALBUQUERQUE, 2004). Entretanto, em geral, requerem o ajuste de polinômios de alto grau, especialmente para modelar os efeitos de ambiente permanente de animal (BROTHERSTONE; WHITE; MEYER, 2000; MEYER, 2001) e, em consequência, apresentam um grande número de parâmetros a serem estimados. Polinômios de alto grau são associados a problemas numéricos (KIRKPATRICK; LOFSVOLD; BULMER, 1990) e a grandes exigências computacionais.

As pesquisas, ainda, continuam a determinar a ordem de ajuste para as regressões aleatórias do efeito genético aditivo e de ambiente permanente que explicam a maioria das variações nas observações. Pool e Meuwissen (2000) concluíram que os efeitos genéticos aditivos requerem uma ordem inferior de polinômios de Legendre, ao contrário dos efeitos de ambiente permanente. Ajustando-se polinômios da menor ordem possível, evita-se a superparametrização, que pode minimizar a variância do erro e reduzir problemas de correlações amostrais negativas (MEYER; HILL, 1997).

3.5 Metodologias para análise de dados longitudinais de produção de leite

Quando se estudam registros recolhidos ao longo do tempo, é desejável considerar a sua estrutura, já que as medições sucessivas em um animal podem não ser independentes, e um modelo adequado pode utilizar o próprio animal como “controle” de si próprio (GAMA; MATOS; CAROLINO, 2004). O

modelo deverá considerar que as várias observações das vacas estão correlacionadas e que essa correlação é tanto maior quanto mais próximas no tempo estiverem as observações, diminuindo a medida que as observações se afastam. Nestas condições, torna-se possível estudar até que ponto a variação ao longo do tempo difere de um animal para outro (GAMA; MATOS; CAROLINO, 2004).

Assim, em qualquer situação com vários registros para o mesmo animal, é notório considerar se estas medições são registros repetidos ou se são observações de diferentes características, possivelmente, correlacionadas. Neste último caso, se as correlações genéticas entre todas as características consideradas são próximas à unidade, um modelo de repetibilidade deve ser aplicado. Para registros de controles leiteiros, esta é a abordagem da metodologia de Modelos de Regressão Fixa (MRF) (SWALVE, 2000). Assim, o padrão curvilíneo da produção, no decurso da lactação, deve ser explicado por regressões fixas (SWALVE, 2000).

Modelos de Regressão Aleatória (MRA) têm sido comumente utilizados em avaliações genéticas de características de produção em bovinos leiteiros. O conceito geral de regressões aleatórias foi proposto, inicialmente, por Henderson Júnior (1982). Schaeffer e Dekkers (1994) propuseram o uso de regressões aleatórias (MRA), para avaliar o efeito genético do animal, permitindo uma estrutura de covariâncias entre os coeficientes de regressão. Tal modelo foi estendido para um modelo em que regressões fixas são usadas para explicar as semelhanças de curvas de lactação dentro dos grupos de animais (por exemplo, regiões e classes de idade) e regressões aleatórias são adicionadas para explicar a variação individual de efeitos genéticos animais e efeitos ambientais permanentes (JAMROZIK; SCHAEFFER; DEKKERS, 1996; JAMROZIK; SCHAEFFER, 1997).

Modelos de Regressão Aleatória oferecem a oportunidade de expressar o valor genético estimado (VGE) como curvas de mérito genético que varia em relação ao rebanho ao longo da lactação (SWALVE, 2000).

De acordo com Jaffrezic et al. (2002), a ideia destes modelos é ajustar uma curva média (fixa), paramétrica ou não paramétrica, para a população e modelar os desvios (genéticos e ambientais) dos indivíduos dessa população em relação à curva média. Portanto, quando tratamos de curvas de lactação, projetadas sob Modelos de Regressão Aleatória, cada animal terá sua curva individual e as curvas individuais se distribuirão ao redor de uma curva média global.

Em comparação com os modelos multicaracterísticos, que só permitem predições pontuais, os MRA predizem valores genéticos para a produção de leite diária ou acumulada ao longo da lactação e fornecem funções da curva de lactação para diferentes pontos da trajetória de produção. Além disso, os MRA permitem o uso de dados de produção de lactações incompletas e a consequente inclusão de um maior número de dados de um mesmo animal, em avaliações genéticas.

Contudo, diferentes submodelos, baseados na utilização de diferentes funções matemático-estatísticas, podem ser propostos para avaliar dados de controle leiteiro por Modelos de Regressão Aleatória (JENSEN, 2001). Aliás, não existe consenso geral sobre o melhor modelo para ajustar os dados de produção de leite. As estimativas dos parâmetros genéticos, obtidos com MRA, geralmente, dependem das funções de regressão utilizadas e da estrutura de covariância para efeitos genéticos aditivos, ambientais permanentes e residuais.

Cabe destacar, também, que, utilizando-se modelos multicaracterísticos, os efeitos de ambiente permanente não são separados do resíduo (ALBUQUERQUE, 2004). Os primeiros estudos utilizando RRM, em que os efeitos residuais foram modelados, considerando uma estrutura com variâncias

homogêneas, identificaram problemas na partição dos componentes de variância restantes, como a superestimação da variância genética aditiva (JAMROZIK; SCHAEFFER, 1997; JAMROZIK; SCHAEFFER; DEKKERS, 1997). Portanto, o efeito residual pode ser considerado heterogêneo e modelado, agrupado por classes com variações semelhantes ou por funções de variância, com a utilização de Polinômios Ortogonais ou ordinários (OLORI et al., 1999b; BROTHERSTONE; WHITE; MEYER, 2000; EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003). Aliás, Gama, Matos e Carolino (2004), resumidamente, relatam algumas vantagens e desvantagens acerca dos MRA, que são listados na Tabela 4.

Tabela 4 Características relacionadas aos Modelos de Regressão Aleatória (MRA)

Vantagens	Desvantagens
<ul style="list-style-type: none"> • Permite um melhor ajustamento para efeitos temporários no dia do controle leiteiro. • Torna-se desnecessário estender controles leiteiros de vacas em lactação, vacas secas ou descartadas. • Oportuniza a seleção de animais, não só pelo seu mérito para a produção de leite, mas também para as funções da curva (pico, persistência). • Possibilita que, além de um valor global, cada animal tem um valor genético estimado para o seu mérito ao longo da lactação. • Faculta avaliações com 4% a 8% a mais de acurácia para fêmeas e de 3% a mais para machos, quando comparado ao método tradicional de avaliação genética. 	<ul style="list-style-type: none"> • Aumenta o volume de dados analisados numa proporção de, aproximadamente, 10 (número médio de controles leiteiros por animal). • Torna bastante superior o número de parâmetros genéticos e ambientais a estimar, que pode comprometer, inclusive, a confiabilidade das estimativas. • Torna complexos os modelos utilizados, que pode limitar o processamento dos dados.

Fonte: Gama, Matos e Carolino (2004)

Quando à definição do modelo inicial, é um modelo multicaracterístico, são usadas funções de covariância (FC), para reduzir o *rank* das matrizes de covariância e, então, uma função pode ser escolhida, para modelar a curva de lactação, caracterizando, assim, um Modelo de Funções de Covariância-MFC (SWALVE, 2000).

As chamadas funções de covariância assentam-se em modelos que assumem que, entre controles leiteiros, as covariâncias se alteram com o tempo, sendo a regressão aleatória uma forma possível dessas funções (GAMA; MATOS; CAROLINO, 2004). A função de covariância é uma função que descreve a covariância entre os registros de produção medidos em dias diferentes de lactação (JENSEN, 2001). Já Van Der Werf, Goddard e Meyer (1998) definem uma função de covariância como uma função contínua, que descreve as covariâncias entre as medidas tomadas em determinadas idades (dias em lactação) como função dessas idades. A estrutura de covariância é, então, obtida com base no modelo de regressão escolhido.

Neste sentido, Meyer e Hill (1997) demonstraram que os coeficientes da função de covariância podem ser estimados com base nos MRA, em que diferentes funções podem ser empregadas para ajustar a trajetória ao longo do tempo. Entre as funções citadas, destacam-se a função exponencial de Wilmink (1987) e a função logarítmica de Ali e Schaeffer (1987). Além dessas funções, os Polinômios Ortogonais são uma família de funções com propriedades adequadas para serem considerados funções de covariância (SWALVE, 2000; JAFFREZIC et al., 2002). A descrição do processo de estimação da matriz de coeficientes da função de covariância é demonstrada por Kirkpatrick, Lofsvold e Bulmer (1990).

Os Modelos de Funções de Covariância (MFC) podem ser equivalentes aos MRA, se as mesmas funções matemáticas forem utilizadas (MEYER; HILL, 1997; VAN DER WERF; GODDARD; MEYER, 1998). E, quando o ponto de

partida é um modelo de repetibilidade e algum submodelo de curva de lactação tradicional é usado para modelar a forma da curva, por exemplo, a função de Ali e Schaeffer (1997), este tipo de modelo é, normalmente, considerado um MRA (JAMROZIK; SCHAEFFER, 1997).

Com relação às avaliações nacionais para as características de produção, a Itália, em 2004, passou a utilizar os MRA como modelo de avaliação genética de seus animais. Em 2003, o Canadá introduziu os polinômios de Legendre para modelar as curvas de lactação dos animais em avaliação genética. A Holanda introduziu o MRA em 2002 e, finalmente, os Estados Unidos introduziram novos ajustes ao seu modelo em 2005 e 2007 (NICOLAZZI; FORABOSCO; FIKSE, 2011).

Com o crescimento da adoção dos MRA, inúmeros estudos têm sido realizados no intuito de se estimar componentes de variância, de covariância e parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle leiteiro para as populações de animais. Autores relatam maiores valores para a variância de ambiente permanente em relação à variância genética aditiva ao longo de toda a lactação e que as maiores variâncias são observadas VGA no início e no fim da lactação (OLORI et al., 1999; HAHAMMI et al., 2008).

Considerando a raça Holandesa no Brasil, estimativas de herdabilidade para a produção no dia do controle, ajustadas com as funções polinomiais de Legendre, Wilmink, Ali e Schaeffer sob MRA têm variado entre 0,11 a 0,31 (COBUCI et al., 2004; COBUCI et al., 2006; ARAÚJO et al., 2006; COSTA et al., 2008 e BIASSUS; COBUCI; COSTA, 2011). Estes resultados estão de acordo com herdabilidades que variam entre 0,08 e 0,23, verificadas em estudos com populações de outros países (HAHAMMI et al., 2008; SILVESTRE; PETIM-BATISTA; COLAÇO, 2006; STRABEL; MISZTAL, 1999)

Hahammi et al. (2008) descrevem que uma curva de herdabilidades caracterizada por valores mais elevados no meio da lactação e valores mais

baixos no início e no fim da lactação é mais realista, uma vez que é semelhante aos resultados obtidos com modelos multicaracterísticos.

Embora muitas funções e métodos estatísticos se mostrem adequados para algumas situações, ainda há dificuldade no convencimento da comunidade produtora e científica a respeito da adoção dos mesmos nos sistemas de avaliação e de melhoramento genético de animais. A carência de informações precisas; a dificuldade na obtenção e armazenamento de dados de controles diários de produção; a escolha e definição do número de parâmetros analisados em cada metodologia e a inexistência de pacotes computacionais tecnológicos de fácil acesso e, comprovadamente, acurados para a avaliação dos animais são alguns dos obstáculos enfrentados por aqueles empenhados na produção de conhecimento dentro dessa linha de pesquisa.

Assim, como em outros países, no Brasil, também, existem diferentes metodologias adotadas para avaliar, geneticamente, as populações de animais. Torna-se necessária a padronização de métodos de coleta da informação do Serviço de Controle Leiteiro das associações de raça no Brasil, bem como a definição da metodologia estatística de avaliação, que deve ser adotada mediante as condições brasileiras.

Dessa forma, é imperioso que o foco das investigações científicas nacionais, também, esteja voltado para a escolha das metodologias que melhor ajustem os dados das diversas regiões de produção leiteira num país continental como o Brasil, de tal forma que possa resultar em uma maior precisão das avaliações genéticas. O ganho final em produtividade, obtido com a acurácia das estimativas dos valores genéticos dos animais, justifica novas pesquisas científicas e o desenvolvimento de novas tecnologias.

3.6 Critérios para escolha de modelos

É observado que metodologias e modelos de análise de dados adequados podem aumentar a acurácia das avaliações genéticas. Do ponto de vista estatístico, a escolha do melhor modelo é extremamente importante para a análise de dados (BOZDONGAN, 1987). Entretanto, é comum se deparar com situações em que o pesquisador tem mais de uma opção de modelos para analisar um conjunto de dados. Os modelos podem ter diferentes números de parâmetros ou covariáveis a serem estimados e um maior número de parâmetros pode fazer com que o modelo capte todas as características dos dados a serem modelados (SOBRAL; BARRETO, 2011), porém aumentando a exigência computacional requerida para o ajuste caso o número de dados seja elevado. Modelos mais simples são menos exigentes, computacionalmente, porém podem não modelar corretamente o conjunto de dados. Dessa forma, um bom modelo deve conseguir equilibrar a qualidade do ajuste e a complexidade, esta última que está relacionada ao número de parâmetros envolvidos.

Em bovinos leiteiros, a implementação da metodologia dos modelos de regressão aleatória (MRA) tem sido adotada em programas de avaliação genética. Com essa metodologia, diferentes funções matemático-estatísticas são adotadas para modelar os efeitos fixos e aleatórios que afetam a produção de leite dos animais ao longo da lactação. Assim, a diferença entre os MRA utilizados é baseada na função adotada para a modelagem dos efeitos fixos e aleatórios. Essas funções podem conter em sua fórmula mais ou menos parâmetros a serem estimados, cabendo ao pesquisador a tomada de decisão sobre qual modelo e respectiva função é mais apropriada para modelar a produção de leite dos animais no decorrer da lactação.

Para a escolha de modelos mais parcimoniosos, Burnham e Anderson (2004) enfatizam a importância de selecionar modelos baseando-se em

princípios científicos. De acordo com Mazerolle (2004), a qualidade do ajuste é, geralmente, determinada usando-se razão de verossimilhanças ou uma aproximação dela, conduzindo a um teste qui-quadrado. A complexidade é geralmente medida contando o número de parâmetros inclusos no modelo. Entretanto, antes de se construir modelos, deve-se ter em mente que não existem modelos verdadeiros. Há apenas modelos aproximados da realidade. Que se faz, então, é minimizar a perda de informações (Emiliano *et al*, 2014).

Diversos critérios, para seleção de modelos, são apresentados na literatura (BOZDOGAN, 1987; LITTEL *et al.*, 2002). Dentre os critérios para seleção de um modelo, dentre todos os ajustados, aqueles baseados no máximo da função de verossimilhança (MFV) são os mais utilizados, com maior ênfase ao Teste da Razão de Verossimilhança (TRV), ao Critério de Informação de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1973) e ao Critério Bayesiano de Schwarz (BIC) (SCHWARZ, 1978).

Em estatística, a noção de verossimilhança é uma função da probabilidade condicional que avalia a compatibilidade do modelo com os dados observados. Trata-se de uma técnica de estimação com propriedades estatísticas ótimas, ou seja, quanto maior o tamanho da amostra, mais próximas as estimativas estarão dos verdadeiros valores; sua esperança matemática é igual ao valor estimado (não viesado), uma vez que quanto maior a amostra, maior é a precisão das estimativas (AZZALINI, 1996). Além disso, esse método possibilita a comparação efetiva de modelos e a construção de testes de hipóteses, que torna a escolha dos modelos mais objetiva (NESI *et al.*, 2013).

O teste da razão de verossimilhança é apropriado para testar dois modelos, desde que um dos modelos seja um caso especial do outro (modelos aninhados). O TRV usa a estatística LR dada por: $LR=2[L_2-L_1]$ sendo L_2 o máximo do logaritmo natural da função de verossimilhança (MLFV) para o modelo mais parametrizado (M_2) e L_1 o MLFV para modelo mais simples

(M1). A hipótese de que um modelo é melhor ou mais adequado que o outro é testada pelo teste de chi-quadrado, em que se considera ν como a diferença entre o número de parâmetros dos modelos. O TRV, portanto, deve comparar modelos que estejam aninhados, e a utilização desse teste no estudo da produção de leite se aplica, por exemplo, quando se ajusta a função Polinomial de Legendre sob diferentes ordens de ajuste. Assim, o TRV pode ser utilizado para verificar o modelo cuja ordem do polinômio é mais parcimoniosa no ajuste dos dados de controles leiteiros. Ao se comparar diferentes funções, por exemplo, os Polinômios Ortogonais de Legendre e a função de Wilmink, o TRV não pode ser aplicado, pois as funções comparadas possuem parâmetros e número de parâmetros diferentes, não sendo, portanto, aninhados.

O Critério de Informação de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1973) é uma medida de qualidade de um modelo estatístico, que considera o balanceamento esperado entre complexidade e qualidade do ajuste do modelo aos dados. A estimativa do AIC, para um determinado modelo, é dada por: $AIC = -2\log(L) + 2k$ em que L é a função de verossimilhança do modelo, $-2\log(L)$ o máximo do logaritmo da função de verossimilhança do modelo e k o número de parâmetros. O primeiro termo é uma bonificação por uma melhor adequação aos dados, em que L é a função verossimilhança do modelo e o segundo termo é uma penalização, que é maior à medida que se aumenta a ordem ou o número de parâmetros k do modelo. O modelo com menor valor de AIC é considerado o modelo de melhor ajuste.

O AIC, embora largamente aceito e utilizado, tem limitações. Ele foi desenvolvido sob o conceito de que, assintoticamente (quando o tamanho da amostra tende a infinito), ele converge para o valor exato da divergência de Kullback-Leibler, que é uma medida de quanta informação é “perdida”, ao tentar representar um conjunto T de medidas, utilizando uma base conhecida L . Mas, quando temos um número finito de amostras, este estimador se torna

tendencioso. Com isto, por vezes o AIC não só falha em escolher um modelo mais parcimonioso, como por vezes escolhe o modelo de maior ordem entre todos os modelos comparados (SOBRAL; BARRETO, 2011).

O Critério Bayesiano de Schwarz (BIC), também, é chamado de Critério de Informação Bayesiano, pois Schwarz deu um argumento bayesiano, baseado em termos da probabilidade *a posteriori*, para prová-lo (SCHWARZ, 1978). Esse critério tem como pressuposto a existência de um “modelo verdadeiro” entre os diversos modelos sob seleção, que descreve a relação entre a variável dependente e as diversas variáveis explanatórias. Assim, o critério é definido como a estatística que maximiza a probabilidade de se identificar o verdadeiro modelo dentre os avaliados. O valor do critério BIC, para um determinado modelo, é dado por: $BIC = -2\log(L) + k\log(n)$, com **k** parâmetros e **n** correspondendo ao número de observações. Nota-se, então, que o valor do BIC depende do número de observações analisadas, sendo considerado um método consistente à medida que o número de amostras tende ao infinito e que o modelo correto esteja no conjunto de modelos a ser testado (SOBRAL; BARRETO, 2011). O modelo com menor BIC é considerado o de melhor ajuste.

Contudo, a maioria dos estudos que comparam submodelos de regressão alternativos utiliza os valores de máxima verossimilhança e o teste da razão de verossimilhança para modelos aninhados como critérios para a seleção dos modelos mais adequados. Além desses critérios, a variância residual, associada aos modelos alternativos e a curva das estimativas de variâncias, obtidas para cada controle ao longo da lactação e as correlações entre as diferentes partes da lactação, também, têm sido considerados (LÓPEZ-ROMERO; CARABAÑO, 2003). Outros critérios da qualidade de ajuste ou a capacidade de previsão dos modelos, também, têm sido explorados, porém em menor frequência (JAMROZIK; SCHAEFFER; DEKKERS, 1997; MRODE; SWANSON, 1999; POOL; MEUWISSEN, 2000).

4 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo foram cedidos pela empresa Ideagri, especializada em soluções informatizadas para a gestão agropecuária, situada na cidade de Belo Horizonte - MG - Brasil. As informações disponibilizadas pertencem a animais da raça Holandesa, provenientes de cinco rebanhos monitorados pela empresa, situados no Estado de Minas Gerais.

Foram considerados dados de produção de leite, no dia do controle leiteiro mensal, de animais em primeira lactação, controlados entre o 5º e 305º dia de lactação, contados a partir da data do parto, cujo somatório da produção diária nas diferentes ordenhas estivesse entre 3 kg, no mínimo e 99,9 kg, no máximo (INTERNATIONAL COMMITTEE FOR ANIMAL RECORDING, 2012).

A idade ao parto mínima para a primeira ordem de lactação foi de 18 meses. Foram eliminados os dados referentes aos controles leiteiros sem identificação da data na qual foi realizado, da data de parto ou do nascimento do animal lactante. Para lactações com mais de um controle leiteiro mensal, foi considerado, apenas, o primeiro controle no mês corrente.

Para a estruturação do arquivo de pedigree e construção da matriz de parentesco, não foram feitas restrições para animais com pais desconhecidos na base de dados.

Os dados iniciais das variáveis idade ao parto (IP) e produção de leite no dia do controle (PLDC) foram submetidos a testes para verificar a normalidade da distribuição dessas observações.

Procedeu-se à realização de uma análise de detecção de *outliers* para as variáveis idade ao parto e produção de leite no dia do controle leiteiro. Classes de animais foram criadas, dentro das quais se buscou detectar possíveis *outliers*: para a variável idade ao parto, animais pertencentes ao mesmo rebanho; para a

variável produção de leite, além de animais de mesmo rebanho de origem, o dia de controle leiteiro mensal também foi considerado. O Método do Desvio Padrão, baseado nas propriedades da distribuição normal, foi adotado. Dessa forma, obteve--se a média (μ) e desvio padrão da característica em estudo. As observações contidas no intervalo de $\mu \pm 3$ desvios padrão contabilizam 99,73% das observações. Observações contidas fora desse intervalo foram consideradas *outliers* (LETHEN, 1996).

A eliminação de *outliers* foi realizada, inicialmente, para a variável idade ao parto e, posteriormente, eliminados os *outliers* para a produção de leite no dia do controle leiteiro mensal.

Após a eliminação dos *outliers*, foram consideradas apenas as lactações que tivessem no mínimo três controles leiteiros durante a lactação. Um total de 28.118 observações de produção de leite tomadas no dia do controle leiteiro, de 4.230 animais, foi considerado.

O modelo de regressão aleatória utilizado para obtenção das soluções fixas e aleatórias foi:

$$y = RAM + RAGE + \sum bz + \sum az + \sum pz + e$$

Sendo y a produção de leite no dia do controle leiteiro; **RAM** o efeito fixo das 401 classes compostas pelos efeitos de rebanho e data (ano e mês) do controle leiteiro; **RAGE** o efeito fixo das 39 classes compostas pelos efeitos de rebanho e idade ao parto; **b** os coeficientes de regressão fixos, obtidos para cada rebanho; **a** os coeficientes de regressão aleatórios genéticos para cada animal; **p** os coeficientes de regressão aleatórios para o efeito ambiental permanente para cada animal e **e** o efeito residual aleatório de cada observação. A variância residual foi considerada constante ao longo da lactação e independente entre os controles leiteiros (COSTA et al., 2008; BIASSUS; COBUCI; COSTA, 2011).

As diferentes funções adotadas, que caracterizam os diferentes submodelos de Regressão Aleatória, foram ajustadas em $\sum bz$, $\sum az$ e em $\sum pz$ a fim de modelar os efeitos fixos e aleatórios de animal e ambiente permanente de animal, respectivamente.

As funções de Wilmink (WIL), Ali & Schaeffer (ALI) e os Polinômios Ortogonais de Legendre de ordens 4 a 6 (indicadas pelo grau do polinômio, sendo LEG3, LEG4 e LEG5, respectivamente) foram ajustadas com a utilização do programa AIREMLF90 (MISZTAL et al., 2002). Os arquivos de parâmetros e valores iniciais utilizados na análise de cada submodelo no referido programa estão apresentados nos Anexos (A, B, C, D, E).

A função de Wilmink (1987) é representada por:

$$Y_t = a + bt + ce^{-kt}$$

Na qual os parâmetros: Y_t corresponde à produção de leite no dia t da lactação; a está associado à produção de leite no início da lactação; b ao aumento da produção até o pico de lactação, sendo quanto maior a magnitude desse parâmetro, maior a produção do animal antes de atingir o pico de lactação; c é relacionado ao declínio da produção após o pico de lactação, em que maiores valores desse parâmetros podem estar relacionados a maiores persistências, e k está relacionado ao tempo de ocorrência do pico de lactação. O parâmetro k está relacionado com o momento do pico e, usualmente, assume um valor fixo que pode ser obtido numa análise preliminar, o que implica que o modelo apresente apenas 3 parâmetros para estimar. Entretanto, Schaeffer et al. (2000) verificaram não haver diferenças significativas entre a produção real e a estimada quando o valor de k é estimado para cada situação de análise. Assim, neste trabalho, foi assumido $k=0.05$, associado a um pico com ocorrência próxima aos 50 dias de lactação de acordo com Wilmink (1987) e Schaeffer et al. (2000).

A função de Ali e Schaeffer (1987) é representada por:

$$Y_t = a + by_t + cy_t^2 + d\omega_t + e\omega_t^2$$

Em que: $\gamma_t = \frac{t}{305}$, $\omega_t = \ln\left(\frac{305}{t}\right)$, Y_t é a produção de leite no dia t da lactação; a é a produção no pico de lactação; d e e relacionam-se à taxa de aumento da produção de leite antes do pico de lactação, enquanto b e c ao declínio da produção com base no pico de lactação. Quando d e e possuem estimativas de elevada magnitude, a produção de leite pode alcançar seu nível máximo (pico de lactação) em poucas semanas após o parto. A taxa de decréscimo da produção, descrita pelos parâmetros b e c , pode fornecer informações sobre a capacidade do animal em manter mais ou menos constante a produção de leite (persistência da lactação) após o pico.

Os Polinômios Ortogonais de Legendre, metodologia publicada por Spiegel (1971) e modificada por Kirkpatrick, Lofsvold e Bulmer (1990), são funções polinomiais de grau n e domínio $n+1$, implicando na existência de um parâmetro a mais que o grau do polinômio para ser estimado. Nestas funções, uma única observação pode ser escrita como:

$$y_t = \sum_{i=0}^n \alpha_i \varphi_i(\omega)$$

Em que ω é uma unidade de tempo padronizado que varia de -1 a +1 (KIRKPATRICK; LOFSVOLD; BULMER, 1990), sendo obtido por:

$$\omega = 2 \left(\frac{t - t_{\min}}{t_{\max} - t_{\min}} \right) - 1$$

Nesse caso, assume-se $t_{\min}=5$ dias e $t_{\max}=305$ dias, que correspondem ao primeiro e ao último dia de controle leiteiro após o parto, respectivamente.

Em continuação, temos:

$$\varphi_n(\omega) = \sqrt{\frac{2n+1}{2}} P_n(\omega)$$

Onde $P_n(\omega)$ é o polinômio de grau n não normalizado e $\varphi_n(\omega)$ é o polinômio normalizado. Se considerarmos até o quinto grau, teríamos as seis funções polinomiais não normalizadas:

$$P_0(\omega) = 1$$

$$P_1(\omega) = \omega$$

$$P_2(\omega) = \frac{1}{2}(3\omega^2 - 1)$$

$$P_3(\omega) = \frac{1}{2}(5\omega^3 - 3\omega)$$

$$P_4(\omega) = \frac{1}{8}(35\omega^4 - 30\omega^2 + 3)$$

$$P_5(\omega) = \frac{1}{8}(63\omega^5 - 70\omega^3 + 15\omega)$$

E, por fim, os polinômios normalizados até o quinto grau, ou até a sexta ordem, são:

$$\varphi_0(\omega) = 0,7071$$

$$\varphi_1(\omega) = \sqrt{\frac{3}{2}} \cdot P_1(\omega)$$

$$\varphi_2(\omega) = \sqrt{\frac{5}{2}} \cdot P_2(\omega)$$

$$\varphi_3(\omega) = \sqrt{\frac{7}{2}} \cdot P_3(\omega)$$

$$\varphi_4(\omega) = \sqrt{\frac{9}{2}} \cdot P_4(\omega)$$

$$\varphi_5(\omega) = \sqrt{\frac{11}{2}} \cdot P_5(\omega)$$

A estimação dos componentes de variância e covariância entre os dias de controles leiteiros pré-determinados: 5°, 35°, 65°, 95°, 125°, 155°, 185°, 215°, 245°, 275° e 305° foram obtidos pela multiplicação dos componentes de variâncias e covariâncias entre os diferentes parâmetros das funções, para os efeitos genéticos de animal e de ambiente permanente de animal, e as covariáveis relacionadas ao determinado dia *t* de controle leiteiro da lactação, conforme relata Cobuci et al. (2006).

Uma vez definidas as matrizes dos componentes de variâncias e covariâncias entre os dias de controle leiteiro, essas (co)variâncias foram utilizadas para a obtenção das estimativas de herdabilidade e correlações (genéticas e de ambiente permanente) (COBUCI et al., 2006). As herdabilidades, para um dia de controle leiteiro em particular, foram calculadas com a divisão da variância genética pelo somatório das variâncias genéticas, de ambiente permanente e residual, estimadas em cada função, para cada dia de controle leiteiro. Essas estimativas foram obtidas com o auxílio do programa R Core Team (2013). As rotinas de comando e matrizes utilizadas estão apresentadas no Anexo F.

O critério de convergência adotado quando da utilização do programa AIREMLF90 foi de 10^{-10} . O número de *rounds* ou ciclos iterativos adotado para todo o estudo foi de 50.000 ciclos e, quando não suficiente, foi aumentado para até 200.000 ciclos. Os valores iniciais da matriz de variâncias e covariâncias, entre os parâmetros de cada submodelo, para os efeitos genéticos e de ambiente permanente, foram obtidos a partir dos 10 primeiros ciclos iterativos de análise (OPTION EM-REML, do programa AIREMLF90).

Para a seleção do modelo mais adequado, dentre os avaliados, utilizaram-se critérios baseados no máximo da função de verossimilhança (MFV), incluindo a sua própria estimativa ($-2\log(L)$), que corresponde ao máximo do logaritmo da função de verossimilhança, além do Critério de Informação de Akaike (AIC) e o Critério Bayesiano de Schwarz (BIC).

A estimativa do AIC, para um determinado modelo, é dada por: $AIC = -2\log(L) + 2k$ em que L é o máximo do logaritmo da função de verossimilhança do modelo e k o número de parâmetros de cada modelo. O modelo com menor valor de AIC é considerado o de melhor ajuste aos dados de produção.

Já, o valor do critério BIC, para um determinado modelo, é dado por: $BIC = -2\log(L) + k\log(n)$, com n correspondendo ao número de observações. O modelo com menor BIC é considerado o de melhor ajuste.

A variância residual (σ_e^2), obtida com o ajuste de cada modelo, também foi considerada para a seleção do modelo que melhor ajusta aos dados de produção considerados.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Uma descrição geral da estrutura da matriz de parentesco está apresentada na Tabela 5. Os nascimentos dos animais ocorreram entre os anos de 1992 e 2009.

Tabela 5 Descrição populacional de cinco rebanhos de bovinos da raça Holandesa criados em Minas Gerais

Informação	Frequência
Número de animais	8.652
Número de fêmeas	8.202
Número de machos	450
Número de indivíduos não aparentados	5.189

O elevado número de indivíduos não aparentados constitui 59,97% do total de animais (Tabela 5) e foi em virtude da não identificação da genealogia dos animais. Em que 4.645 ou 53,69 % tinham pai e mãe desconhecidos; 194 ou 2,24 % apenas o pai era conhecido; 247 ou 2,85 % tinham apenas a mãe conhecida e 3.566 ou 41,22 % tinham ambos, pai e mãe, conhecidos.

Constatou-se que apenas três indivíduos eram endogâmicos. O maior coeficiente de endogamia (F) verificado foi de 25% e a média do coeficiente de endogamia dos três animais endogâmicos foi de 20,83%. Possivelmente, o baixo número de animais endogâmicos detectados foi em razão da genealogia não informada de grande parte dos animais.

No rebanho 2 foi observado maior número de lactações (Tabela 6). Apesar disso, em todos os rebanhos, notam-se controles leiteiros (CL) realizados no transcorrer de toda a lactação. Este fato permite um melhor ajuste das funções aos dados de controles leiteiros, pois estão presentes informações de todas as diferentes fases da lactação (fase ascendente, pico e fase decrescente de produção).

Em cada animal, em média, 6,64 controles leiteiros foram avaliados por lactação. Considerando o modelo com a função mais parametrizada (LEG5), o número de controles leiteiros registrados por lactação pode ser considerado suficiente para o ajuste das funções avaliadas.

Tabela 6 Números de controles leiteiros mensais (CL) e números de lactações de bovinos da raça Holandesa pertencentes a cinco rebanhos no Estado de Minas Gerais avaliados em primeira lactação

	Rebanho 1	Rebanho 2	Rebanho 3	Rebanho 4	Rebanho 5
CL 1	84	1684	353	254	83
CL 2	91	1883	383	270	94
CL 3	92	1953	397	289	100
CL 4	103	1968	383	283	97
CL 5	88	2017	385	276	92
CL 6	105	2095	370	289	108
CL 7	100	2077	361	278	94
CL 8	99	2159	353	283	90
CL 9	96	2136	340	266	88
CL 10	77	1966	283	228	75
<i>Total CL</i>	<i>935</i>	<i>19.938</i>	<i>3.608</i>	<i>2.716</i>	<i>921</i>
<i>Lactações</i>	<i>147</i>	<i>2.999</i>	<i>508</i>	<i>436</i>	<i>140</i>

Observa-se, na Tabela 7, que as médias e desvios padrão dos dias em lactação na data do controle leiteiro, entre todos os rebanhos, são numericamente semelhantes. Também, dentro de cada rebanho, nota-se regularidade nos intervalos de tempo entre as datas de controles leiteiros mensais. Estes fatos são importantes, pois propiciam condições semelhantes de ajuste dos modelos aos dados de produção de animais dos diferentes rebanhos. Assim, comparações mais precisas do formato da curva de produção de leite dos animais dos rebanhos são possíveis. Além disso, as variações decorrentes de efeitos genéticos e ambientais que ocorrem em momentos específicos no decurso da lactação podem ser quantificadas igualmente entre os rebanhos.

Tabela 7 Número de dias em lactação na data do controle leiteiro (CL) e respectivos desvios padrão de bovinos da raça Holandesa em primeira lactação pertencentes a cinco rebanhos no Estado de Minas Gerais

	Rebanho 1	Rebanho 2	Rebanho 3	Rebanho 4	Rebanho 5
CL 1	13 (5)	8 (6)	9 (4)	10 (5)	16 (7)
CL 2	38 (7)	35 (5)	35 (5)	35 (5)	43 (8)
CL 3	70 (7)	70 (7)	66 (5)	66 (5)	72 (8)
CL 4	99 (7)	100 (7)	96 (4)	96 (5)	102 (9)
CL 5	133 (8)	131 (6)	127 (4)	128 (5)	134 (8)
CL 6	161 (6)	161 (6)	157 (4)	157 (5)	164 (9)
CL 7	193 (7)	192 (6)	188 (4)	189 (6)	196 (8)
CL 8	224 (7)	222 (6)	218 (3)	219 (6)	226 (9)
CL 9	254 (7)	253 (5)	248 (3)	250 (6)	256 (8)
CL 10	284 (8)	282 (5)	279 (3)	279 (6)	286 (9)

Observa-se, por meio de produções médias de leite e desvio padrão, apresentada na Tabela 8 e Figura 2, aparentes diferenças de produtividade entre rebanhos e entre datas de controle leiteiro. Estes são registros de produções das lactações de 4.230 animais com idade média ao parto de 26,99 meses, idade mínima de 18,85 meses e animais com idade máxima de 47,78 meses ao primeiro parto.

Tabela 8 Produções médias e respectivos desvios padrão, obtidas no dia dos diferentes controles leiteiros (CL) de bovinos da raça Holandesa em primeira lactação pertencentes a cinco rebanhos no Estado de Minas Gerais

	Rebanho 1	Rebanho 2	Rebanho 3	Rebanho 4	Rebanho 5
CL 1	14,79 (5,71)	17,50 (6,35)	20,86 (6,61)	20,02 (6,40)	21,04 (5,64)
CL 2	17,89 (5,02)	25,03 (6,66)	28,54 (7,07)	27,45 (6,46)	26,84 (6,47)
CL 3	19,29 (6,00)	27,67 (6,67)	29,82 (6,85)	29,59 (6,29)	28,38 (6,46)
CL 4	18,84 (5,32)	28,81 (6,62)	31,67 (6,64)	29,94 (6,40)	29,51 (6,94)
CL 5	18,49 (6,15)	29,20 (6,85)	32,07 (6,80)	29,65 (6,56)	29,31 (7,01)
CL 6	17,80 (5,93)	28,70 (6,94)	30,60 (6,58)	28,79 (5,83)	28,33 (6,69)
CL 7	16,39 (5,50)	27,62 (7,39)	29,16 (6,82)	27,41 (5,85)	27,93 (6,75)
CL 8	15,15 (4,98)	26,44 (7,48)	28,26 (6,76)	26,17 (5,59)	25,28 (6,65)
CL 9	14,15 (4,86)	25,23 (7,60)	26,76 (6,78)	24,79 (6,01)	25,06 (6,75)
CL 10	13,04 (4,23)	23,62 (7,83)	24,99 (6,99)	23,20 (5,62)	23,29 (6,67)

A produção leite em cada controle leiteiro do rebanho 1, é numericamente inferior aos demais e teve a máxima produção média ocorrendo no CL3 (Tabela 8 e Figura 2), próximo aos 70 dias da lactação (Tabela 7).

Nos rebanhos 2, 3, 4 e 5, as produções são mais próximas entre si (Tabela 8 e Figura 2). As máximas produções médias ocorreram entre os CLs 4 e 5 (Tabela 8), próximos ao 96º dia e o 131º dia da lactação, respectivamente (Tabela 7). Apesar das aparentes diferenças de produção nos CLs entre o rebanho 1 e os demais, verificam-se produções em todos os rebanhos ao longo da lactação, com as diferentes fases da lactação caracterizadas. As diferenças entre rebanhos podem estar relacionadas a diferenças na qualidade de manejo, alimentação ou genéticas.

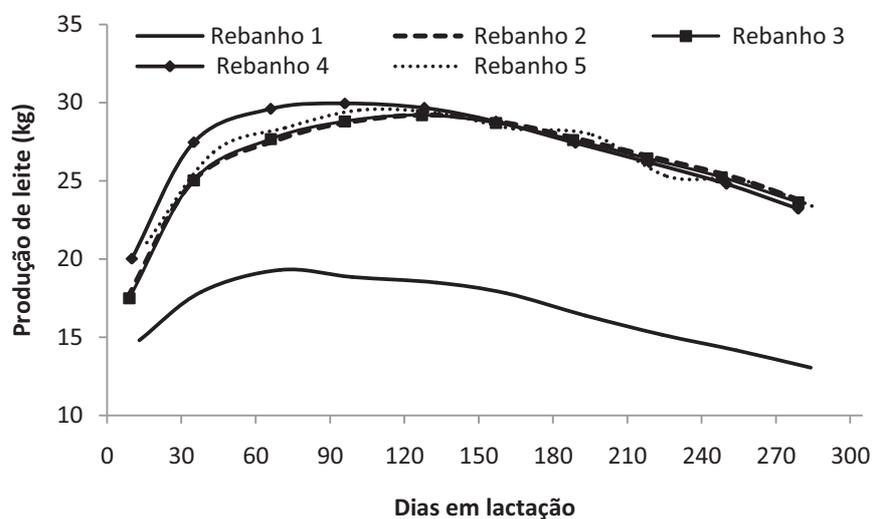


Figura 2 Produções médias de leite, obtidas no dia dos diferentes controles leiteiros (CL) de bovinos da raça Holandesa em primeira lactação, pertencentes a cinco rebanhos no Estado de Minas Gerais

Ocorreu a convergência no ajuste de todos os modelos estudados, exceto o modelo ajustado com a função LEG4, mesmo estendendo o número de iterações até 200.000 ciclos para esta função.

As variâncias residuais estimadas neste estudo variaram de 14,11 para o modelo com ajuste da função LEG5 a 17,56 para o modelo ajustado com a função de WIL (Tabela 9). Os menores valores obtidos para a variância residual estão associados a modelos com um maior número de parâmetros a serem estimados, como é observado ao ser ajustado o modelo com a função LEG5 (Tabela 9).

Tabela 9 Critérios para escolha de modelos ajustados com diferentes funções a dados de produção de leite, no dia do controle leiteiro de bovinos da raça Holandesa em primeira lactação, pertencentes a cinco rebanhos no Estado de Minas Gerais

Função	p	-2 log L	AIC	BIC	σ_e^2
WIL	13	180.259,80	180.285,80	180.317,64	17,56
LEG3	21	182.383,32	182.425,32	182.476,75	15,88
ALI	31	183.970,81	184.032,81	184.108,73	14,62
LEG4 (NC)	31	184.292,42	184.354,42	184.430,34	14,85
LEG5	43	186.636,05	186.722,05	186.827,36	14,11

ALI= Ali & Schaeffer; WIL= Wilmink; LEG3= Polinômios de Legendre grau 3, ordem 4; LEG4= Polinômios de Legendre grau 4, ordem 5; LEG5= Polinômios de Legendre grau 5, ordem 6; p= Número de parâmetros do modelo; (NC) = Não atingiu convergência; AIC= Critério de Informação de Akaike; BIC= Critério Bayesiano de Schwarz; σ_e^2 = variância residual.

Observaram - se maiores valores dos critérios de informação (-2log(L), AIC e BIC) para os modelos mais parametrizados, sobretudo o critério BIC, que está diretamente relacionado com o número de parâmetros a ser ajustado no modelo (Tabela 9). Os critérios de informação, baseados na função de verossimilhança, auxiliam na escolha de modelos com melhor qualidade de ajuste aos dados. Maiores valores observados dos critérios de informação podem estar ligados à dificuldade de ajuste dos modelos mais parametrizados.

Ao observar a Tabela 9, para a função de Wilmink, apesar da maior variância residual estimada, verificam-se menores estimativas para os critérios - 2log(L), AIC e BIC. Assim, a função de Wilmink, além de ser de mais fácil ajustamento dado ao menor número de parâmetros, é aquela com melhor qualidade do ajuste aos dados de produção de leite nos rebanhos avaliados.

Resultados semelhantes aos verificados neste estudo, relacionados à qualidade de ajuste aos dados de controle leiteiro e à simplicidade para o ajuste computacional da função de Wilmink, foram, também, relatados por Olori et al.

(1999), Macciotta, Vicario e Cappio-Borlino (2005), Silvestre, Petim-Batista e Colaço (2006) e Strucken et al. (2011).

Observa-se que os valores das estimativas dos componentes de variância para os efeitos genéticos aditivos (VGA), de efeito de ambiente permanente de animal (VEP) e fenotípico (VP) são semelhantes entre as funções ajustadas e tenderam a aumentar no decorrer da lactação (Tabela 10 e Figura 3). Observam-se que as maiores estimativas de VGA e VPE no terço final da lactação (Tabela 10 e Figura 3).

A variância para o efeito de ambiente permanente foi a causa de variação mais importante desde o início da lactação (Tabela 10 e Figura 3).. Este efeito, em se tratando de animais primíparas, pode estar associado a problemas que ocorreram na fase de desenvolvimento do animal ou na fase pré-pubere das vacas.

Em um estudo realizado por Schaeffer (2011), foi observado que os efeitos ambientais permanentes podem ser cumulativos no transcorrer da vida produtiva do animal. Segundo o autor, animais pode sofrer novas influências ambientais todos os dias de suas vidas. Assim, poderiam ter efeitos ambientais permanentes que influenciariam a produção de leite no primeiro controle leiteiro de uma vaca e, durante aquela lactação, a vaca seria influenciada por novos efeitos que são adicionados aos já presentes. Isso pode explicar os maiores valores das variâncias do efeito permanente verificadas no final da lactação (Tabela 10 e Figura 3).

Nota-se que, ao ajustar o modelo LEG5, foi observada uma diminuição das variâncias genéticas e de ambiente permanente no último mês de lactação, que não foi verificado ao ajustar as demais funções (Tabela 10 e Figura 3). Isto pode estar associado ao número de parâmetros do modelo (LEG5) a serem ajustados (Tabela 9) e ao menor número de observações de produção de leite no último controle leiteiro (Tabela 7). Em estudo realizado por Costa et al. (2008),

também foram observados problemas com o ajuste de regressões aleatórias aos dados extremos da lactação.

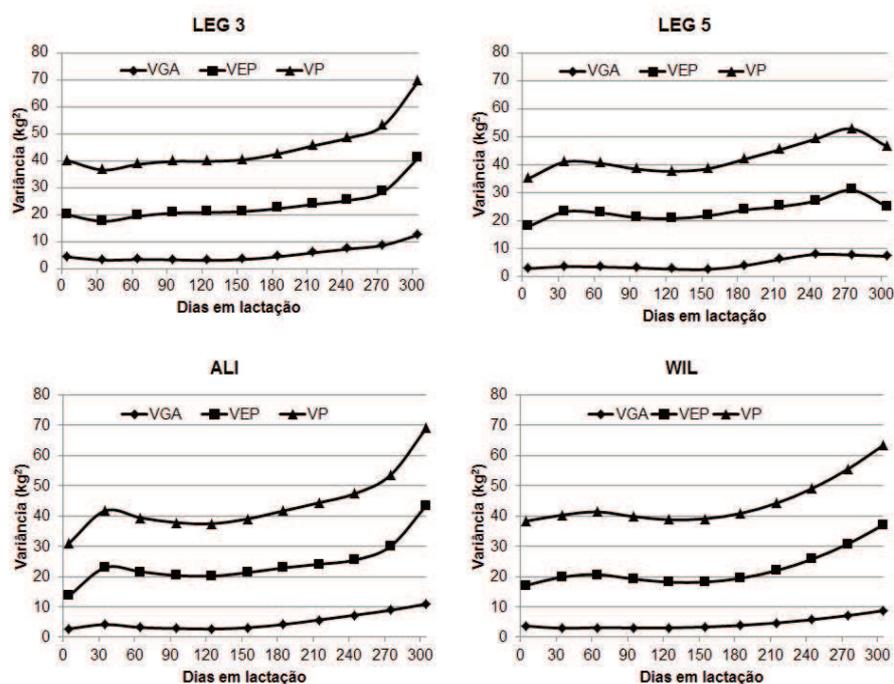


Figura 3 Estimativas dos componentes de variância para os efeitos genéticos aditivos (VGA), de ambiente permanente de animal (VEP) e fenotípica (VP) para a produção no dia do controle leiteiro de cinco rebanhos de bovinos da raça Holandesa, no estado de Minas Gerais, em primeira lactação estimadas com o ajuste das funções de Ali & Schaeffer (ALI); Wilmink (WIL); Polinômios de Legendre grau 3, ordem 4 (LEG3) e Polinômios de Legendre grau 5, ordem 6 (LEG5)

Nos modelos ajustados com as funções de WIL e ALI, o formato das curvas das variâncias estudadas no decorrer da lactação foi semelhante (Tabela 10 e Figura 3). As estimativas de VGA, VEP e VP aumentaram do início até o fim da lactação. Ao contrário do que foi observado quando ajustadas as funções polinomiais, no ajuste das funções de WIL e ALI não foram observadas

alterações nas tendências das estimativas de variâncias no início e final da lactação.

Tabela 10 Estimativas dos componentes de variância para os efeitos genéticos aditivos (VGA), de ambiente permanente de animal (VEP) e fenotípica (VP) para a produção no dia do controle leiteiro de cinco rebanhos de bovinos da raça Holandesa, no estado de Minas Gerais, em primeira lactação, estimadas com o ajuste das funções de Ali & Schaeffer (ALI); Wilmink (WIL); Polinômios de Legendre grau 3, ordem 4 (LEG3) e Polinômios de Legendre grau 5, ordem 6 (LEG5)

DIM	LEG3			LEG5			ALI			WIL		
	VGA	VEP	VP	VGA	VEP	VP	VGA	VEP	VP	VGA	VEP	VP
5	4,30	19,92	40,10	3,00	17,97	35,08	2,75	13,67	31,04	3,66	17,12	38,34
35	3,16	17,55	36,59	3,67	23,22	41,00	4,17	22,92	41,71	2,93	19,82	40,31
65	3,38	19,45	38,70	3,56	22,90	40,57	3,18	21,60	39,40	3,16	20,64	41,37
95	3,29	20,63	39,80	3,23	21,21	38,55	2,85	20,35	37,81	3,05	19,19	39,80
125	3,07	20,82	39,77	2,76	20,83	37,70	2,68	20,16	37,46	3,07	18,14	38,77
155	3,35	21,16	40,39	2,70	21,83	38,64	3,11	21,31	39,04	3,33	18,18	39,07
185	4,40	22,27	42,55	3,97	23,87	41,94	4,19	22,88	41,70	3,87	19,44	40,87
215	5,89	23,81	45,58	6,24	25,07	45,42	5,68	24,08	44,38	4,68	21,96	44,20
245	7,26	25,31	48,45	8,05	27,11	49,27	7,27	25,49	47,38	5,76	25,75	49,08
275	8,66	28,53	53,07	7,80	31,01	52,93	8,90	30,01	53,53	7,13	30,79	55,49
305	12,49	41,03	69,40	7,35	25,02	46,48	10,94	43,50	69,06	8,77	37,10	63,44

Verificam-se herdabilidades baixas, considerando um mesmo dia de controle leiteiro, no ajuste das diferentes funções. Ao longo da lactação, os valores das estimativas de herdabilidade, para as diferentes funções, foram aparentemente semelhantes entre si (Tabela 11 e Figura 4).

Valores maiores de herdabilidades foram verificados no terço final da lactação, aparentemente a partir dos 215 dias (Tabela 11 e Figura 4). Isso indica que, no terço final da lactação, está mais evidenciado, comparativamente, ao início da lactação, que as diferenças dos valores genéticos dos indivíduos são mais importantes para explicar a variação na produção de leite no dia do

controle. Este parece ser o momento mais adequado para que a seleção de animais resulte em maiores ganhos genéticos para esta característica.

Tabela 11 Herdabilidades para a produção de leite no dia do controle leiteiro de cinco rebanhos de bovinos da raça Holandesa, no estado de Minas Gerais, em primeira lactação estimadas pelas funções de Ali & Schaeffer (ALI); Wilmink (WIL); Polinômios de Legendre grau 3, ordem 4 (LEG3) e Polinômios de Legendre grau 5, ordem 6 (LEG5)

DEL *	LEG3	LEG5	ALI	WIL
5	0,11	0,09	0,09	0,10
35	0,09	0,09	0,10	0,07
65	0,09	0,09	0,08	0,08
95	0,08	0,08	0,08	0,08
125	0,08	0,07	0,07	0,08
155	0,08	0,07	0,08	0,09
185	0,10	0,09	0,10	0,09
215	0,13	0,14	0,13	0,11
245	0,15	0,16	0,15	0,12
275	0,16	0,15	0,17	0,13
305	0,18	0,16	0,16	0,14

*DEL= Dias em lactação.

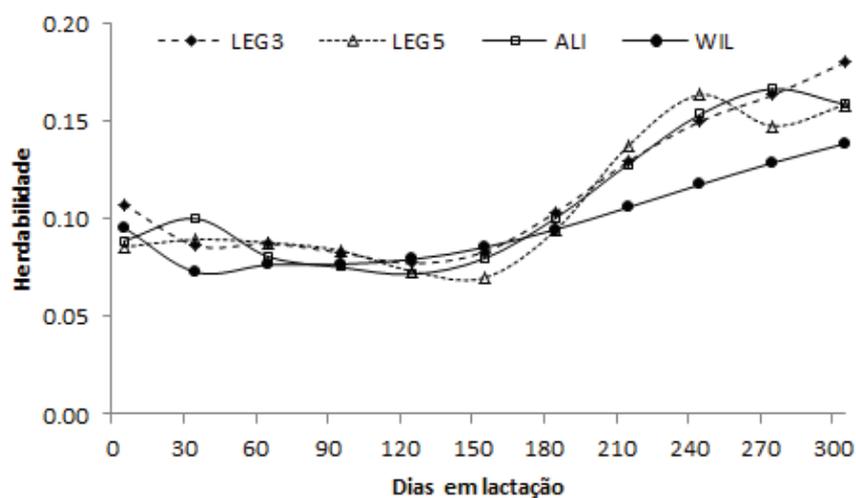


Figura 4 Herdabilidades para a produção de leite no dia do controle leiteiro de cinco rebanhos de bovinos da raça Holandesa, no estado de Minas Gerais, em primeira lactação estimadas pelas funções de Ali & Schaeffer (ALI); Wilmink (WIL); Polinômios de Legendre grau 3, ordem 4 (LEG3) e Polinômios de Legendre grau 5, ordem 6 (LEG5)

O uso de uma estrutura de covariância, como a do presente estudo, para descrever o efeito de ambiente permanente, proporciona melhor precisão em separar efeitos genéticos aditivos dos efeitos de ambiente permanente sobre a produção de leite, conforme também já relatado por Kettunen, Mantysaari e Poso (2000). Por isso, observa-se uma redução da variância genética aditiva, resultando, também, em reduções nas estimativas de herdabilidade (Tabela 11 e Figura 4).

Independente da função ajustada observa-se que as correlações genéticas e de ambiente permanente das produções de leite, entre dias de controle leiteiro, foram próximas à unidade em datas de controle leiteiro mais próximas entre si (Tabelas 12, 13, 14 e 15). Quanto mais distantes são os controles leiteiros, menor é a magnitude das correlações. Isso pode indicar que os efeitos genéticos

aditivos dos genes e de ambiente permanente que afetam dois controles leiteiros consecutivos são superiores aos efeitos responsáveis pelo desempenho entre dois controles leiteiros mais distantes entre si.

Ao ajustar as funções LEG5 (Tabela 13) e ALI (Tabela 14), algumas correlações genéticas negativas entre produções foram observadas, o que não foi verificado com a função LEG3 (Tabela 12) e WIL (Tabela 15). As correlações genéticas negativas foram observadas somente entre o 5º e 305º dia de lactação, ao ajustar a função LEG5 (Tabela 13), e entre o 5º e demais controles a partir do 185º dia de lactação com o ajuste da função ALI (Tabela 14). Apesar da baixa magnitude dessas correlações genéticas negativas, esse fato pode estar associado à dificuldade das respectivas funções em modelar as variações da produção de leite entre controles tomados no início e terço final da lactação. Essa dificuldade pode estar relacionada ao número de parâmetros a serem estimados pelas funções, pois nos modelos com funções menos parametrizadas, como as funções LEG3 e WIL, não foram observadas estimativas de correlações genéticas negativas (Tabelas 12 e 15). Estudos realizados por Brotherstone, White e Meyer (2000), Pereira et al. (2010) e Bignardi et al. (2011) também verificaram estimativas negativas de correlações genéticas entre produções tomadas no início e final da lactação.

Tabela 12 Correlações genéticas (triangular superior) e ambientais permanentes (triangular inferior) para a produção de leite no dia do controle, para a primeira lactação de bovinos da raça Holandesa, obtidas com o ajuste da função polinomial de Legendre de grau 3

DEL*	5	35	65	95	125	155	185	215	245	275	305
5		0,81	0,56	0,45	0,42	0,42	0,40	0,38	0,35	0,30	0,19
35	0,86		0,94	0,86	0,76	0,60	0,43	0,33	0,31	0,37	0,44
65	0,66	0,95		0,97	0,88	0,68	0,47	0,34	0,33	0,42	0,56
95	0,52	0,86	0,97		0,96	0,80	0,60	0,48	0,46	0,54	0,64
125	0,42	0,75	0,90	0,98		0,94	0,80	0,70	0,67	0,71	0,72
155	0,35	0,64	0,79	0,90	0,97		0,96	0,90	0,87	0,85	0,74
185	0,30	0,52	0,66	0,78	0,90	0,97		0,99	0,96	0,90	0,72
215	0,27	0,42	0,55	0,67	0,80	0,92	0,98		0,99	0,93	0,72
245	0,26	0,38	0,48	0,59	0,72	0,84	0,93	0,98		0,97	0,79
275	0,26	0,39	0,47	0,55	0,64	0,73	0,81	0,88	0,96		0,92
305	0,25	0,41	0,47	0,50	0,53	0,55	0,59	0,66	0,77	0,92	

*DEL= Dias em lactação

Também foi observado que, a partir do 155º dia de lactação, as correlações genéticas e de ambiente permanente com os controles leiteiros subsequentes foram de elevada magnitude, independentemente da função ajustada (Tabelas 12, 13, 14 e 15). Possivelmente, os genes que atuam sobre a produção de leite em controles tomados a partir dos 155 dias de lactação são os mesmos. Os valores genéticos para a produção de leite nesse controle leiteiro são altamente relacionados aos valores genéticos das produções nos controles subsequentes da lactação. Isso implica que animais podem ser selecionados a partir dessa fase da lactação e que as produções nos controles leiteiros ainda não realizados podem ser projetadas para a lactação corrente. Este resultado condiz com as discussões já realizadas neste estudo quanto às maiores herdabilidades verificadas ao final da lactação. Como consequência ocorrerá a diminuição do intervalo de gerações e aumentando o número de filhas avaliadas por touro. Ganhos econômicos para o produtor, também, podem ser observados, pois vacas

de menor produtividade podem ser descartadas ou substituídas antes que completem suas lactações. Correlações de alta magnitude entre controles leiteiros consecutivos tomados a partir do 6º controle leiteiro, próximo ao 183º dia de lactação, também foram verificadas por Melo et al. (2005).

Tabela 13 Correlações genéticas (triangular superior) e de ambiente permanente (triangular inferior) da produção de leite nos dias dos diferentes controles leiteiros de bovinos primíparos da raça Holandesa obtidas com o ajuste da função polinomial de Legendre de grau 5

DEL	5	35	65	95	125	155	185	215	245	275	305
5		0,73	0,56	0,43	0,34	0,29	0,23	0,20	0,16	0,08	-0,19
35	0,70		0,92	0,77	0,68	0,67	0,62	0,56	0,51	0,48	0,43
65	0,55	0,93		0,95	0,89	0,81	0,66	0,57	0,53	0,53	0,41
95	0,45	0,76	0,93		0,98	0,86	0,66	0,54	0,51	0,51	0,31
125	0,40	0,60	0,80	0,95		0,93	0,75	0,63	0,61	0,60	0,36
155	0,36	0,51	0,67	0,83	0,95		0,93	0,86	0,83	0,82	0,59
185	0,32	0,47	0,58	0,71	0,86	0,97		0,98	0,96	0,94	0,76
215	0,28	0,44	0,54	0,64	0,77	0,89	0,97		0,99	0,98	0,80
245	0,23	0,38	0,50	0,60	0,69	0,77	0,85	0,94		0,99	0,79
275	0,22	0,31	0,45	0,56	0,61	0,64	0,70	0,83	0,96		0,83
305	0,41	0,45	0,51	0,57	0,64	0,72	0,80	0,91	0,97	0,95	

*DEL= Dias em lactação

Tabela 14 Correlações genéticas (triangular superior) e de ambiente permanente (triangular inferior) da produção de leite nos dias dos diferentes controles leiteiros de bovinos primíparos da raça Holandesa obtidas com o ajuste da função de Ali & Schaeffer

DEL	5	35	65	95	125	155	185	215	245	275	305
5		0,44	0,46	0,36	0,22	0,05	-0,07	-0,15	-0,18	-0,19	-0,17
35	0,70		0,85	0,75	0,73	0,69	0,64	0,60	0,58	0,56	0,53
65	0,59	0,92		0,97	0,89	0,74	0,58	0,48	0,44	0,44	0,46
95	0,52	0,80	0,96		0,96	0,82	0,66	0,55	0,50	0,49	0,50
125	0,46	0,67	0,85	0,96		0,95	0,84	0,75	0,69	0,66	0,63
155	0,41	0,54	0,72	0,87	0,97		0,97	0,92	0,87	0,82	0,76
185	0,36	0,44	0,60	0,77	0,91	0,98		0,99	0,96	0,91	0,83
215	0,34	0,38	0,52	0,69	0,84	0,94	0,98		0,99	0,96	0,88
245	0,32	0,34	0,47	0,62	0,76	0,85	0,92	0,97		0,99	0,93
275	0,29	0,31	0,43	0,54	0,63	0,70	0,77	0,86	0,95		0,98
305	0,25	0,28	0,39	0,43	0,45	0,48	0,54	0,65	0,80	0,94	

*DEL= Dias em lactação

Tabela 15 Correlações genéticas (triangular superior) e de ambiente permanente (triangular inferior) da produção de leite nos dias dos diferentes controles leiteiros de bovinos primíparos da raça Holandesa obtidas com o ajuste da função de Wilmink

DEL	5	35	65	95	125	155	185	215	245	275	305
5		0,57	0,41	0,37	0,35	0,32	0,28	0,23	0,20	0,16	0,14
35	0,71		0,97	0,93	0,84	0,73	0,60	0,47	0,36	0,27	0,19
65	0,60	0,98		0,98	0,92	0,83	0,71	0,59	0,49	0,40	0,32
95	0,55	0,95	0,99		0,98	0,92	0,83	0,73	0,64	0,56	0,49
125	0,50	0,88	0,94	0,98		0,98	0,93	0,86	0,79	0,72	0,66
155	0,44	0,79	0,87	0,93	0,98		0,98	0,94	0,90	0,85	0,80
185	0,36	0,67	0,76	0,86	0,93	0,98		0,99	0,96	0,93	0,89
215	0,28	0,54	0,65	0,76	0,86	0,94	0,99		0,99	0,97	0,95
245	0,21	0,42	0,53	0,66	0,78	0,88	0,95	0,99		0,99	0,98
275	0,14	0,31	0,43	0,57	0,70	0,82	0,91	0,97	0,99		1,00
305	0,08	0,21	0,34	0,48	0,63	0,76	0,86	0,94	0,98	1,00	

*DEL= Dias em lactação

6 CONCLUSÕES

A função de Wilmink é a mais adequada para o estudo da produção de leite de animais de rebanho da raça Holandesa em primeira lactação no estado de Minas Gerais.

A partir dos 155 dias de lactação, a seleção de animais pode ser praticada. Produções posteriores aos 155 dias de lactação podem ser obtidas por meio de projeção da lactação.

Efeitos ambientais permanentes têm maior influência sobre a produção de leite de primíparas no dia do controle leiteiro, principalmente, no final da lactação. As causas desses efeitos sobre o desempenho produtivo dos animais devem ser levadas em consideração uma vez que os efeitos são importantes e podem ser cumulativos com tendência de aumento ao longo da lactação.

Efeitos de ambiente permanente devem ser considerados quando da estimação de parâmetros genéticos. Isso possibilitará a separação com maior precisão, dos componentes de variância.

REFERÊNCIAS

- AFIFI, A. A.; CLARK, V. **Computer-aided multivariate analysis**. Belmont: Lifetime Learning, 1984.
- AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON INFORMATION THEORY, 2., 1973, Budapest. **Proceedings...** Budapest: Akademiai Kiado, 1973. p. 267–281.
- ALBUQUERQUE, L. G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004.
- ALI, T. E.; SCHAEFFER, L.R. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v. 67, n. 3, p. 637-644, 1987.
- ARAÚJO, C. V. et al. Uso de modelos de regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 35, n. 3, p. 975-981, maio/jun. 2006.
- AZZALINI, A. **Statistical inference: based on the likelihood**. London: Chapman & Hall, 1996.
- BIASSUS, I. O.; COBUCI, J. A.; COSTA, C. N. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 40, n. 1, p. 85-94, jan. 2011.
- BIGNARDI, A. B. et al. Parâmetros genéticos de escore visual do umbigo em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 63, n. 4, p. 941-947, 2011.
- BOICHARD, D. Pedig: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier: Institut National de la Recherche Agronomique, 2002. p. 13- 28.

BOZDONGAN, H. Model selection and Akaike's Information Criterion (AIC): the general theory and its analytical extensions. **Psychometrika**, Williamsburg, v. 52, n. 3, p. 345-370, Sept. 1987.

BRODY, S.; RAGSDALE, A. C.; TURNER, C. W. The rate of decline of milk secretion with the advance of the period of lactation. **Journal of General Physiology**, New York, v. 5, n. 4, p. 441-444, Mar. 1923.

BROTHERSTONE, S., WHITE, I. M. S.; MEYER, K. Genetic modelling of daily milk yield using orthogonal polynomials and parametric curves. **Animal Science**, Penicuik, v. 70, n. 3, p. 407-415, June 2000.

BURNHAM, K. P.; ANDERSON, D. R. Multimodel inference: understanding AIC and BIC in model selection. **Sociological Methods and Research**, Beverly Hills, v. 33, n. 2, p. 261-304, Nov. 2004.

CHEEMA, J. S.; BASU, S. B. Relationship of part lactation yield in Kankrei cattle. **Indian Veterinary Journal**, Madras, v. 60, n. 8, p. 637-642, Aug. 1983.

COBUCI, J. A. et al. Análises da persistência na lactação de vacas da raça Holandesa, usando produção no dia do controle e função de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 33, n. 3, p. 546-554, maio/jun. 2004.

COBUCI, J. A. et al. Utilização dos polinômios de Legendre e da função de Wilkink em avaliações genéticas para persistência na lactação de animais da raça Holandesa. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 58, n. 4, p. 614-623, ago. 2006.

COBUCI, J. A. et al. Curva de lactação na raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, n. 5, p. 1332-1339, out. 2000.

COOBY, J. M.; LE DU, Y. L. P. An fitting curves to lactation data. **Animal Production**, Edinburgh, v. 26, n. 2, p. 127-133, July/Aug. 1978.

COSTA, C. N. et al. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 4, p. 602-608, Apr. 2008.

COSTA, C. N. et al. **Sumário nacional de touros da raça Holandesa**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2006.

DRUET, T. et al. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 86, n. 7, 2480-2490, July 2003.

DURÃES, M. C.; TEIXEIRA, N. M.; FREITAS, A. F. Curvas de lactação de vacas da raça Holandesas mantidas em confinamento total. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 43, n. 5, p. 447-58, nov./dez. 1991.

EL FARO, L. Persistência da lactação de bovinos leiteiros. **Pesquisa & Tecnologia**, Rio de Janeiro, v. 9, n. 2, p. 1104-1113, jul./dez. 2012.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. Comparação de algumas funções matemáticas para o ajuste às curvas de lactação individuais de vacas da raça Caracu. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 54, n. 3, p. 295-302, maio/jun. 2002.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de Modelos de Regressão Aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 5, p. 1104-1113, 2003.

EMILIANO, P. C.; VIVANCO, M. J. F.; MENEZES, F. S. Information criteria: how do they behave in different models? **Computational Statistics & Data Analysis**, Amsterdam, v. 69, p. 1

GAMA, L. T.; MATOS, C. P.; CAROLINO, N. **Modelos mistos em melhoramento animal**. Brasília: Arquivos Veterinários, 2004.

GIRON-PINEDA, A. M. **Mathematical functions applied to dairy cows lactation curves**. Florida: University of Florida, 1987.

GONÇALVES, T. M. **Estudo da curva de lactação de vacas da raça Gir**. 1994. 66 p. MG: Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1994.

GROENEWALD, P. C. N.; VILJOEN, C. S. A Bayesian model for analysis of lactation curves of dairy goats. **Journal of Agricultural Biological and Environmental Statistics**, Alexandria, v. 8, n. 1, p. 75-83, Jan./Mar. 2003.

GUO, Z.; SCHAEFFER, L. R. **Random regression submodel comparison**. 7th. Guelph: University of Guelph, 2002.

GUO, Z.; SWALVE, H.H. Modelling of the lactation curve as a sub-model in the evaluation of test day records. **Interbull Bulletin**, Prague, v. 11, p. 4-7, Sept. 1995.

HAMMAMI, H. et al. Genetic parameters for Tunisian Holsteins using a test-day random regression model. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 91, n. 5, p. 2118-2126, May 2008.

HENDERSON JÚNIOR, C. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, Washington, v. 38, n. 3, p. 623-640, Sept. 1982.

INTERNATIONAL COMMITTEE FOR ANIMAL RECORDING. International Agreement of Recording Practices. **Guidelines approved by the General Assembly held in Cork, Ireland on June 2012**. Cork: ICAR, 2012.

JAFFREZIC, F. et al. Contrasting models for lactation curve analysis. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 85, n. 4, p. 968-975, Apr. 2002.

JAMROZIK, J.; GIANOLA, D.; SCHAEFFER, L. R. Bayesian estimation of genetic parameters for test day records in dairy cattle using linear hierarchical models. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 71, n. 2, p. 223-240, Oct. 2001.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Random regression models for production traits in Canadian Holsteins. In: PROCEEDINGS OF THE OPEN SESSION OF THE INTERBULL ANNUAL MEETING, 14., 1996, The Netherlands. **Proceedings...** The Netherlands: Interbull Bull, 1996. p. 124-134.

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

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 80, n. 6, p. 1217-1226, June 1997.

JENSEN, J. Genetic evaluation of dairy cattle using test-day models. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 84, n. 12, p. 2803-2812, Dec. 2001.

KETTUNEN, A.; MANTYSAARI, E. A.; POSO, J. Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test-day models. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 66, n. 3, p. 251-261, Nov. 2000.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, Washington, v. 124, n. 4, p. 979-993, Apr. 1990.

LETHEN, J. **Chebyshev and empirical rules**. Texas: A&M University, 1996.

LITTELL, R. C. et al. **SAS system for mixed models**. Cary: Statistical Analysis System Institute, 2002.

LÓPEZ-ROMERO, P.; CARABAÑO, M. J. **Evaluación de modelos alternativos para el análisis de datos de producción de leche a lo largo de la lactación**. Madrid: Departamento de Mejora Domestica, 2003.

MACCIOTTA, N. P. P.; VICARIO, D.; CAPPIO-BORLINO, A. Detection of different shapes of lactation curve for milk yield in dairy cattle by empirical mathematical models. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 88, n. 3, p. 1178–1191, Mar. 2005.

MAZEROLLE, M. J. **Mouvements et reproduction des amphibiens en tourbières perturbées**. Québec: Université Laval, 2004.

MELO, C. M. R. de et al. Genetic parameters for test day milk yields of first lactation Holstein cows by random regression models. **Animal**, Oxford, v. 1, n. 3, p. 325-334, Mar. 2007.

MELO, C. M. R. et al. Parâmetros genéticos para as produções de leite no dia do controle e da primeira lactação de vacas da raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 3, p. 796-806, maio/jun. 2005.

MEYER, K.; HILL, W. G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 47, n. 3, p. 185-200, Mar. 1997.

MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 33, n. 5, p. 1-28, Sept./Oct. 2001.

MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 65, n. 1, p. 19–38, July 2000.

MISZTAL, I. et al. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier: Inra, 2002. p. 19–23.

MRODE, R. A.; SWANSON, G. J. T. **Preliminary test day genetic evaluations in the UK involving the use of Legendre polynomials and Wilmink function.** Zurich: Interbull Mtg., 1999.

NESI, C. N. et al. Verossimilhança na seleção de modelos para predição espacial. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 37, n. 2, p. 352-358, mar./abr. 2013.

NICOLAZZI, E. L.; FORABOSCO, F.; FIKSE, W. F. Assessment of the value of international genetic evaluations for yield in predicting domestic breeding values for foreign Holstein bulls. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 94, n. 5, p. 2601–2612, May 2011.

NORMAN, H. D. **Sin evduatior~p rocedures for yield traits.** Washington: Dairy Herd Improvement, 1986.

OLORI, V. E. et al. Fit of standard models of the lactation curve to weekly records of milk production of cows in a single herd. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 58, n. 1, p. 55-63, Mar. 1999.

OLORI, V. E. et al. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with random regression animal model. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 61, n.1, p. 53-63, Aug. 1999b.

PEREIRA, R. J. et al. Funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir leiteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 11, p. 1303–1311, nov. 2010.

POLL, H. Campo bom. **Anuário Brasileiro da Pecuária**, Santa Cruz do Sul, p. 48, 2013.

POLL, H. Devagar e sempre. **Anuário Brasileiro da Pecuária**, Santa Cruz do Sul, p. 82, 2013.

POOL, M. H.; JANSS, L. L. G.; MEUWISSEN, T. H. E. Genetic parameters of Legendre polynomials for first-parity lactation curves. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 83, n. 11, p. 2640–2649, Nov. 2000.

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**, Amsterdam, v. 64, n. 2, p. 133-145, June 2000.

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2013.

REBOUÇAS, G. F. et al. Novas funções para estimar a produção de leite, em 305 dias de lactação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 7, p. 1222-1229, jul. 2008.

SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M.. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. In: **WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION**, 5., 1994, Guelph. **Proceedings...** Guelph: University of New Guelph, 1994. p. 443–446.

SCHAEFFER, L. R. et al. Experience with a test-day model. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 83, n. 5, p. 1135-1144, May 2000.

SCHAEFFER, L. R. Cumulative permanent environmental effects for repeated records animal models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 128, n. 2, p. 95–99, Apr. 2011.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, Hayward, v. 6, n. 2, p. 461–464, 1978.

SILVESTRE, A. M. **Biometria da lactação em vacas leiteiras portuguesas**. 2003. 222 p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, Portugal, 2003.

SILVESTRE, A. M.; PETIM-BATISTA, F.; COLAÇO, J. The accuracy of seven mathematical functions in modeling dairy cattle lactation curves based on test-day records from varying sample schemes. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 89, n. 5, p. 1813-1821, May 2006.

SOBRAL, T. E. L.; BARRETO, G. Análise dos critérios de informação para a seleção de ordem em modelos auto-regressivos. In: BRAZILIAN CONFERENCE ON DYNAMICS, CONTROL AND THEIR APPLICATIONS, 10., 2011, Águas de Lindóia. **Anais...** Águas de Lindóia: DINCON, 2011. v. 1. p. 379-381.

SPIEGEL, M. R. **Advanced mathematics for engineers and scientists**. New York: McGraw-Hill Book Company, 1971.

STRABEL, T.; MISZTAL, I. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of polish black and white cattle with random regression test-day models. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 82, n. 12, p. 2805-2810, Dec. 1999.

STRUCKEN, E. et al. Lactation curve models for estimating gene effects over a timeline. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 94, n. 1, p. 442-449, Jan. 2011.

SWALVE, H. H. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 83, n. 5, p. 1115-1124, May 2000.

VAN DER WERF, J. H. J.; GODDARD, M. E.; MEYER, K. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 81, n. 12, p. 3300-3308, Dec. 1998.

VARONA, L. et al. Bayesian analysis of wood's lactation curve for Spanish dairy cows. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 81, n. 5, p. 1469-1478, May 1998.

VEERKAMP, R. F.; GODDARD, M. E. Covariance functions across herd production levels for test day records on milk, fat and protein yield. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 81, n. 6, p. 1690-1701, June 1998.

WHITE, I. M. S.; THOMPSON, R.; BROTHERSTONE, S. Genetic and environmental smoothing of lactation curves with cubic splines. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 82, n. 3, p. 632-638, Mar. 1999.

WIGGANS, G. R. National genetic improvement programs for dairy cattle in the United States. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 69, n. 9, p. 3853-3860, Sept. 1991.

WIGGANS, G. R.; VANRADEN, P. M. **USDA-DHIA animal model for genetic evaluations**. Washington: Cooperative Dairy Herd Improvement Program, 1989.

WILMINK, J. B. M. Adjustment of test-day milk, fat and protein yield for age, season and stage of lactation. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 16, n. 4, p. 335–348, June 1987.

WOOD, P. D. P. Algebraic model of the lactation curve in cattle. **Nature**, London, v. 216, p. 164-165, Oct. 1967.

ANEXOS

ANEXO A - Arquivo de parâmetros utilizado no programa AIREMLF90 para a análise da produção de leite em primeira lactação de vacas da raça Holandesa sob Modelo de Regressão Aleatória com o ajuste da função de ALI & SCHAEFFER (1987)

```

# rrm, ali & schaeffer
# layout: codeani codeani2 reb_rec ram_n rage_n alfa gama gama2 logdablio logdablio2 prodmedia
#
DATAFILE
bdblup_ali.txt
NUMBER_OF_TRAITS
1
NUMBER_OF_EFFECTS
17
OBSERVATION(S)
11
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT [EFFECT NESTED]
4 401 cross
5 39 cross
6 5 cov 3 #ali dentro rebanho
7 5 cov 3
8 5 cov 3
9 5 cov 3
10 5 cov 3
6 8652 cov 1 #ali dentro animal
7 8652 cov 1
8 8652 cov 1
9 8652 cov 1
10 8652 cov 1
6 4230 cov 2 #ali dentro ef permanente
7 4230 cov 2
8 4230 cov 2
9 4230 cov 2
10 4230 cov 2
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
14.618
RANDOM_GROUP
8 9 10 11 12
RANDOM_TYPE
add_animal
FILE
pedblup.txt
(CO)VARIANCES
1519.6 -2465.9 905.93 -845.67 119.06
-2465.9 4027.0 -1496.7 1368.2 -192.28
905.93 -1496.7 577.68 -497.08 69.300
-845.67 1368.2 -497.08 473.98 -67.008

```

```
119.06 -192.28 69.300 -67.008 9.5038
RANDOM_GROUP
13 14 15 16 17
RANDOM_TYPE
diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
3643.7 -6248.1 2731.9 -1906.3 253.78
-6248.1 11029. -4992.7 3233.8 -426.88
2731.9 -4992.7 2388.6 -1389.3 181.15
-1906.3 3233.8 -1389.3 1017.1 -137.06
253.78 -426.88 181.15 -137.06 18.640
OPTION sol se
OPTION maxrounds 50000
OPTION residual
```

ANEXO B - Arquivo de parâmetros utilizado no programa AIREMLF90 para a análise da produção de leite em primeira lactação de vacas da raça Holandesa sob Modelo de Regressão Aleatória com o ajuste da função de WILMINK (1987).

```

# rrm, wilmink
#codeani codeani2 reb_rec ram_n rage_n W1 W2 W3 prodmedia
#
DATAFILE
bdblup_wi.txt
NUMBER_OF_TRAITS
1
NUMBER_OF_EFFECTS
11
OBSERVATION(S)
9
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT [EFFECT NESTED]
4 401 cross
5 39 cross
6 5 cov 3 #wil dentro reb
7 5 cov 3
8 5 cov 3
6 8652 cov 1 #wil dentro anim
7 8652 cov 1
8 8652 cov 1
6 4230 cov 2 #wil dentro perm
7 4230 cov 2
8 4230 cov 2
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
18.828
RANDOM_GROUP
6 7 8
RANDOM_TYPE
add_animal
FILE
pedblup.txt
(CO)VARIANCES
0.18125E-01 -0.58730E-02 -0.42773E-01
-0.58730E-02 0.10918E-01 0.28529E-01
-0.42773E-01 0.28529E-01 0.12484
RANDOM_GROUP
9 10 11
RANDOM_TYPE
diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
0.21852E-02 -0.35035E-02 -0.80118E-02
-0.35035E-02 0.57730E-02 0.63674E-02
-0.80118E-02 0.63674E-02 0.30056
OPTION sol se

```

OPTION maxrounds 50000 OPTION residual

ANEXO C - Arquivo de parâmetros utilizado no programa AIREMLF90 para a análise da produção de leite em primeira lactação de vacas da raça Holandesa sob Modelo de Regressão Aleatória com o ajuste de POLINÔMIOS DE LEGENDRE – GRAU 3 (Kirkpatrick *et al.*, 1990).

```
# rrm, polinonios ordem 4, grau 3
#layout: codeani codeani2 reb_rec ram_n rage_n POLIO POLI1 POLI2 POLI3 prodmedia
#
DATAFILE
bdblup_pol3.txt
NUMBER_OF_TRAITS
1
NUMBER_OF_EFFECTS
14
OBSERVATION(S)
10
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT [EFFECT NESTED]
4 401 cross
5 39 cross
6 5 cov 3
7 5 cov 3
8 5 cov 3
9 5 cov 3
6 8652 cov 1
7 8652 cov 1
8 8652 cov 1
9 8652 cov 1
6 4230 cov 2
7 4230 cov 2
8 4230 cov 2
9 4230 cov 2
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
15.880
RANDOM_GROUP
7 8 9 10
RANDOM_TYPE
add_animal
FILE
pedblup.txt
(CO)VARIANCES
6.9042 1.9300 0.27491 0.63111E-01
1.9300 2.1899 0.34470E-01 -0.39797
0.27491 0.34470E-01 0.33218 0.75962E-01
0.63111E-01 -0.39797 0.75962E-01 0.58234
RANDOM_GROUP
11 12 13 14
RANDOM_TYPE
diagonal
FILE
(CO)VARIANCES
33.414 3.8670 -2.3439 1.1080
```

3.8670	7.7835	-0.11002	-1.0524
-2.3439	-0.11002	2.9304	0.22894
1.1080	-1.0524	0.22894	1.3795
OPTION sol se			
OPTION maxrounds 50000			
OPTION residual			

ANEXO D - Arquivo de parâmetros utilizado no programa AIREMLF90 para a análise da produção de leite em primeira lactação de vacas da raça Holandesa sob Modelo de Regressão Aleatória com o ajuste de POLINÔMIOS DE LEGENDRE – GRAU 4 (Kirkpatrick *et al.*, 1990).

```
# rrm, polinonios ordem 5, grau 4
# layout: codeani codeani2 reb_rec ram_n rage_n POLI0 POLI1 POLI2 POLI3
# POLI4 prodmedia
#
DATAFILE
bdblup_pol4.txt
NUMBER_OF_TRAITS
1
NUMBER_OF_EFFECTS
17
OBSERVATION(S)
11
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT [EFFECT NESTED]
4 401 cross
5 39 cross
6 5 cov 3
7 5 cov 3
8 5 cov 3
9 5 cov 3
10 5 cov 3
6 8652 cov 1
7 8652 cov 1
8 8652 cov 1
9 8652 cov 1
10 8652 cov 1
6 4230 cov 2
7 4230 cov 2
8 4230 cov 2
9 4230 cov 2
10 4230 cov 2
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
12.0
RANDOM_GROUP
8 9 10 11 12
RANDOM_TYPE
add_animal
FILE
pedblup.txt
(CO)VARIANCES
6.5410 1.4450 -0.67026E-01 0.31026 -0.92567
1.4450 2.9269 -0.15417 -0.28824 0.26333
-0.67026E-01 -0.15417 0.39503 -0.22333E-01 -0.41106E-01
0.31026 -0.28824 -0.22333E-01 0.48985 -0.12603
-0.92567 0.26333 -0.41106E-01 -0.12603 0.54978
RANDOM_GROUP
13 14 15 16 17
```

```
RANDOM_TYPE
diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
33.782  3.6998  -2.4046  0.66500  -1.0772
 3.6998  8.1494  -0.31272  -1.0788  0.43190
-2.4046  -0.31272  2.7870  -0.11850  -0.87883
 0.66500  -1.0788  -0.11850  1.0992  -0.36698
-1.0772  0.43190  -0.87883  -0.36698  0.94763
OPTION sol se
OPTION maxrounds 200000
OPTION residual
```

ANEXO E - Arquivo de parâmetros utilizado no programa AIREMLF90 para a análise da produção de leite em primeira lactação de vacas da raça Holandesa sob Modelo de Regressão Aleatória com o ajuste de POLINÔMIOS DE LEGENDRE – GRAU 5 (Kirkpatrick *et al.*, 1990).

```

# rrm, polinonios
#layout: codeani codeani2 reb_rec ram_n rage_n POLI0 POLI1 POLI2 POLI3 POLI4 POLI5 prodmedia
#
DATAFILE
bdblup_pol5.txt
NUMBER_OF_TRAITS
1
NUMBER_OF_EFFECTS
20
OBSERVATION(S)
12
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT [EFFECT NESTED]
4 401 cross
5 39 cross
6 5 cov 3
7 5 cov 3
8 5 cov 3
9 5 cov 3
10 5 cov 3
11 5 cov 3
6 8652 cov 1
7 8652 cov 1
8 8652 cov 1
9 8652 cov 1
10 8652 cov 1
11 8652 cov 1
6 4230 cov 2
7 4230 cov 2
8 4230 cov 2
9 4230 cov 2
10 4230 cov 2
11 4230 cov 2
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
14.106
RANDOM_GROUP
9 10 11 12 13 14
RANDOM_TYPE
add_animal
FILE
pedblup.txt
(CO)VARIANCES
6.6710 1.5891 0.10051 -0.33042 -0.73630 0.16119
1.5891 1.8736 0.11202 -0.39380 -0.22048 0.12422
0.10051 0.11202 0.27366 -0.13665 -0.52763E-01 0.12666
-0.33042 -0.39380 -0.13665 0.33071 0.58326E-01 -0.51474E-01
-0.73630 -0.22048 -0.52763E-01 0.58326E-01 0.10412 -0.11908E-01

```

```
0.16119 0.12422 0.12666 -0.51474E-01 -0.11908E-01 0.10952
RANDOM_GROUP
15 16 17 18 19 20
RANDOM_TYPE
diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
34.064 3.5752 -2.1893 0.72355 -0.92565 0.40834
3.5752 8.0927 -0.47731 -1.1965 0.99751E-01 -0.64906
-2.1893 -0.47731 2.9408 -0.99449E-01 -0.81112 -0.38313E-01
0.72355 -1.1965 -0.99449E-01 1.2456 -0.47605 -0.50440
-0.92565 0.99751E-01 -0.81112 -0.47605 0.84596 0.47519E-02
0.40834 -0.64906 -0.38313E-01 -0.50440 0.47519E-02 0.64621
OPTION sol se
OPTION maxrounds 50000
OPTION residual
```

ANEXO F - Arquivo de comandos utilizado no programa R (R Core Team, 2013) para a obtenção das matrizes dos componentes de (co)variâncias entre dias de controle leiteiro, estimativas de herdabilidade e correlações (genéticas e de ambiente permanente) para a produção de leite em primeira lactação de vacas da raça Holandesa sob o ajuste das funções de Ali & Schaeffer (ALI); Wilmlink (WIL); Polinômios de Legendre grau 3, ordem 4 (LEG3) e Polinômios de Legendre grau 5, ordem 6 (LEG5) em Modelos de Regressão Aleatória .

```
# g = matriz dos coeficientes dos parâmetros da função
# z = matriz dos coeficientes do tempo
# vg = zgz' matriz de (co)variâncias entre DIMs
# G = matriz de (co)variâncias entre os parâmetros da função. G= (inv(z'z)*z' *vg* z*inv(z'z))

##### VARIANCIAS GENETICAS - ALI - LAC1 #####

g<- c(1519.6, -2465.9, 905.93, -845.67, 119.06,
-2465.9, 4027.0, -1496.7, 1368.2, -192.28,
905.93, -1496.7, 577.68, -497.08, 69.300,
-845.67, 1368.2, -497.08, 473.98, -67.008,
119.06, -192.28, 69.300, -67.008, 9.5038)

matriz1<-matrix(data=g,nrow=5,ncol=5, byrow=T)

#coeficientes
z<-c(
1, 0.016393443, 0.000268745, 4.110873864, 16.89928393,
1, 0.114754098, 0.013168503, 2.164963715, 4.687067888,
1, 0.213114754, 0.045417898, 1.545924507, 2.38988258,
1, 0.31147541, 0.097016931, 1.166434885, 1.360570341,
1, 0.409836066, 0.167965601, 0.891998039, 0.795660502,
1, 0.508196721, 0.258263908, 0.67688666, 0.45817555,
1, 0.606557377, 0.367911852, 0.499955952, 0.249955953,
1, 0.704918033, 0.496909433, 0.349673748, 0.12227173,
1, 0.803278689, 0.645256651, 0.219053566, 0.047984465,
1, 0.901639344, 0.812953507, 0.103540679, 0.010720672,
1, 1, 1, 0, 0)

matriz2<-matrix(data=z,nrow=11,ncol=5, byrow=T)

vgali_lac1<-matriz2 %*% matriz1 %*% t(matriz2)
vgali_lac1

diagvgali_lac1G<- diag(vgali_lac1)
diagvgali_lac1G

corvgali_lac1G<-cov2cor(vgali_lac1)
corvgali_lac1G

##### VARIANCIAS EF. PERMANENTE - ALI - LAC1 #####
```

```

ep<- c(3643.7, -6248.1, 2731.9, -1906.3, 253.78,
-6248.1, 11029., -4992.7, 3233.8, -426.88,
2731.9, -4992.7, 2388.6, -1389.3, 181.15,
-1906.3, 3233.8, -1389.3, 1017.1, -137.06,
253.78, -426.88, 181.15, -137.06, 18.640 )

matriz1<-matrix(data=ep,nrow=5,ncol=5, byrow=T)

#coeficientes
z<-c(1, 0.016393443, 0.000268745, 4.110873864, 16.89928393,
1, 0.114754098, 0.013168503, 2.164963715, 4.687067888,
1, 0.213114754, 0.045417898, 1.545924507, 2.38988258,
1, 0.31147541, 0.097016931, 1.166434885, 1.360570341,
1, 0.409836066, 0.167965601, 0.891998039, 0.795660502,
1, 0.508196721, 0.258263908, 0.67688666, 0.45817555,
1, 0.606557377, 0.367911852, 0.499955952, 0.249955953,
1, 0.704918033, 0.496909433, 0.349673748, 0.12227173,
1, 0.803278689, 0.645256651, 0.219053566, 0.047984465,
1, 0.901639344, 0.812953507, 0.103540679, 0.010720672,
1, 1, 1, 0, 0)

matriz2<-matrix(data=z,nrow=11,ncol=5, byrow=T)
matriz2

vepali_lac1<-matriz2 %*% matriz1 %*% t(matriz2)
vepali_lac1

diagvepali_lac1EP<- diag(vepali_lac1)
diagvepali_lac1EP

corvepali_lac1EP<-cov2cor(vepali_lac1)
corvepali_lac1EP

##### VARIANCIAS ANIMAL - WIL - LAC1 #####

g<- c( 5.0032, -0.17339E-01, -4.4757,
-0.17339E-01, 0.15423E-03, 0.18524E-01,
-4.4757, 0.18524E-01, 9.3219)

matriz1<-matrix(data=g,nrow=3,ncol=3, byrow=T)

#coeficientes
z<-c(
1,5,0.778800783,
1,35,0.173773943,
1,65,0.038774208,
1,95,0.008651695,
1,125,0.001930454,
1,155,0.000430743,
1,185,9.61117E-05,
1,215,2.14454E-05,
1,245,4.78512E-06,
1,275,1.0677E-06,
1,305,2.38237E-07)

```

```

matriz2<-matrix(data=z,nrow=11,ncol=3, byrow=T)
matriz2

vgwil_lac1<-matriz2 %*% matriz1 %*% t(matriz2)
vgwil_lac1

diagvgwil_lac1G<- diag(vgwil_lac1)
diagvgwil_lac1G

corvgwil_lac1G<-cov2cor(vgwil_lac1)
corvgwil_lac1G

##### VARIANCIAS EF. PERMANENTE - WIL - LAC1 #####

ep<- c( 31.797,  -0.98262E-01, -22.734,
        -0.98262E-01, 0.70135E-03, 0.73194E-01,
        -22.734,  0.73194E-01, 34.834)

matriz1<-matrix(data=ep,nrow=3,ncol=3, byrow=T)

#coeficientes
z<-c(
  1,5, 0.778800783,
  1,35,0.173773943,
  1,65,0.038774208,
  1,95,0.008651695,
  1,125,0.001930454,
  1,155,0.000430743,
  1,185,9.61117E-05,
  1,215,2.14454E-05,
  1,245,4.78512E-06,
  1, 275,1.0677E-06,
  1,305,2.38237E-07)

matriz2<-matrix(data=z,nrow=11,ncol=3, byrow=T)
matriz2

vepwil_lac1<-matriz2 %*% matriz1 %*% t(matriz2)
vepwil_lac1

diagvgwil_lac1EP<- diag(vepwil_lac1)
diagvgwil_lac1EP

corvvgwil_lac1EP<-cov2cor(vepwil_lac1)
corvvgwil_lac1EP

##### VARIANCIAS GENÉTICAS - POL3 - LAC1 #####

g<- c(6.9042, 1.93, 0.27491, 6.31E-02, 1.93, 2.1899,
      3.45E-02, -0.39798, 0.27491, 3.45E-02, 0.33218, 7.60E-02,
      6.31E-02, -0.39798, 7.60E-02, 0.58235)

matriz1<-matrix(data=g,nrow=4,ncol=4, byrow=T)

```

```

#coeficientes
z<- c(0.707106781, -1.224744871, 1.58113883, -1.870828693,
0.707106781, -0.979795897, 0.727323862, -0.149666295,
0.707106781, -0.734846923, 0.063245553, 0.67349833,
0.707106781, -0.489897949, -0.411096096, 0.823164625,
0.707106781, -0.244948974, -0.695701085, 0.523832034,
0.707106781, 0, -0.790569415, 0,
0.707106781, 0.244948974, -0.695701085, -0.523832034,
0.707106781, 0.489897949, -0.411096096, -0.823164625,
0.707106781, 0.734846923, 0.063245553, -0.67349833,
0.707106781, 0.979795897, 0.727323862, 0.149666295,
0.707106781, 1.224744871, 1.58113883, 1.870828693)

matriz2<-matrix(data=z,nrow=11,ncol=4, byrow=T)

vgpol3_lac1<-matriz2 %*% matriz1 %*% t(matriz2)
vgpol3_lac1

diagpol3_lac1G<- diag(vgpol3_lac1)
diagpol3_lac1G

corpol3_lac1G<-cov2cor(vgpol3_lac1)
corpol3_lac1G

##### VARIANCIAS EF. PERMANENTE - POL3 - LAC1 #####

ep<- c(33.414, 3.8670, -2.3439, 1.1080,
3.8670, 7.7835, -0.11002, -1.0524,
-2.3439, -0.11002, 2.9304, 0.22894,
1.1080, -1.0524, 0.22894, 1.3795)

matriz1<-matrix(data=ep,nrow=4,ncol=4, byrow=T)

#coeficientes
z<- c(0.707106781, -1.224744871, 1.58113883, -1.870828693,
0.707106781, -0.979795897, 0.727323862, -0.149666295,
0.707106781, -0.734846923, 0.063245553, 0.67349833,
0.707106781, -0.489897949, -0.411096096, 0.823164625,
0.707106781, -0.244948974, -0.695701085, 0.523832034,
0.707106781, 0, -0.790569415, 0,
0.707106781, 0.244948974, -0.695701085, -0.523832034,
0.707106781, 0.489897949, -0.411096096, -0.823164625,
0.707106781, 0.734846923, 0.063245553, -0.67349833,
0.707106781, 0.979795897, 0.727323862, 0.149666295,
0.707106781, 1.224744871, 1.58113883, 1.870828693)

matriz2<-matrix(data=z,nrow=11,ncol=4, byrow=T)

veppol3_lac1<-matriz2 %*% matriz1 %*% t(matriz2)
veppol3_lac1

diagpol3_lac1EP<- diag(veppol3_lac1)
diagpol3_lac1EP

```

```

corpol3_lac1EP<-cov2cor(vcppol3_lac1)
corpol3_lac1EP

##### VARIANCIAS GENETICAS - POL5 - LAC1 #####

g<- c(6.6710, 1.5891, 0.10051, -0.33042, -0.73630, 0.16119,
1.5891, 1.8736, 0.11202, -0.39380, -0.22048, 0.12422,
0.10051, 0.11202, 0.27366, -0.13665, -0.52763E-01, 0.12666,
-0.33042, -0.39380, -0.13665, 0.33071, 0.58326E-01, -0.51474E-01,
-0.73630, -0.22048, -0.52763E-01, 0.58326E-01, 0.10412, -0.11908E-01,
0.16119, 0.12422, 0.12666, -0.51474E-01, -0.11908E-01, 0.10952)

matriz1<-matrix(data=g,nrow=6,ncol=6, byrow=T)

#coeficientes
z<-c(0.707106781, -1.224744871, 1.58113883, -1.870828693, 2.121320344,
-2.34520788,
0.707106781, -0.979795897, 0.727323862, -0.149666295, -0.49426764,
0.936957452,
0.707106781, -0.734846923, 0.063245553, 0.67349833, -0.8654987,
0.357972531,
0.707106781, -0.489897949, -0.411096096, 0.823164625, -0.239709199,
-0.634707061,
0.707106781, -0.244948974, -0.695701085, 0.523832034, 0.49214632,
-0.721198327,
0.707106781, 0, -0.790569415, 0, 0.795495129,
0,
0.707106781, 0.244948974, -0.695701085, -0.523832034, 0.49214632,
0.721198327,
0.707106781, 0.489897949, -0.411096096, -0.823164625, -0.239709199,
0.634707061,
0.707106781, 0.734846923, 0.063245553, -0.67349833, -0.8654987,
-0.357972531,
0.707106781, 0.979795897, 0.727323862, 0.149666295, -0.49426764,
-0.936957452,
0.707106781, 1.224744871, 1.58113883, 1.870828693, 2.121320344,
2.34520788)

matriz2<-matrix(data=z,nrow=11,ncol=6, byrow=T)

vgpol5_lac1<-matriz2 %*% matriz1 %*% t(matriz2)
vgpol5_lac1

diagpol5_lac1G<- diag(vgpol5_lac1)
diagpol5_lac1G

corpol5_lac1G<-cov2cor(vgpol5_lac1)
corpol5_lac1G

##### VARIANCIAS EF. PERMANENTE - POL5 - LAC1 #####

ep<- c(34.064, 3.5752, -2.1893, 0.72355, -0.92565, 0.40834,
3.5752, 8.0927, -0.47731, -1.1965, 0.99751E-01, -0.64906,

```

```

-2.1893, -0.47731, 2.9408, -0.99449E-01, -0.81112, -0.38313E-01,
0.72355, -1.1965, -0.99449E-01, 1.2456, -0.47605, -0.50440,
-0.92565, 0.99751E-01, -0.81112, -0.47605, 0.84596, 0.47519E-02,
0.40834, -0.64906, -0.38313E-01, -0.50440, 0.47519E-02, 0.64621)

matriz1<-matrix(data=ep,nrow=6,ncol=6, byrow=T)

#coeficientes
z<-c(0.707106781, -1.224744871, 1.58113883, -1.870828693, 2.121320344,
-2.34520788,
0.707106781, -0.979795897, 0.727323862, -0.149666295, -0.49426764,
0.936957452,
0.707106781, -0.734846923, 0.063245553, 0.67349833, -0.8654987,
0.357972531,
0.707106781, -0.489897949, -0.411096096, 0.823164625, -0.239709199,
-0.634707061,
0.707106781, -0.244948974, -0.695701085, 0.523832034, 0.49214632,
-0.721198327,
0.707106781, 0, -0.790569415, 0, 0.795495129,
0,
0.707106781, 0.244948974, -0.695701085, -0.523832034, 0.49214632,
0.721198327,
0.707106781, 0.489897949, -0.411096096, -0.823164625, -0.239709199,
0.634707061,
0.707106781, 0.734846923, 0.063245553, -0.67349833, -0.8654987,
-0.357972531,
0.707106781, 0.979795897, 0.727323862, 0.149666295, -0.49426764,
-0.936957452,
0.707106781, 1.224744871, 1.58113883, 1.870828693, 2.121320344,
2.34520788)

matriz2<-matrix(data=z,nrow=11,ncol=6, byrow=T)

veppol5_lac1<-matriz2 %*% matriz1 %*% t(matriz2)
veppol5_lac1

diagpol5_lac1EP<- diag(veppol5_lac1)
diagpol5_lac1EP

corpol5_lac1EP<-cov2cor(veppol5_lac1)
corpol5_lac1EP

```