

MODELACIÓN DE PARAMETROS GENÉTICOS MEDIANTE REGRESIÓN ALEATORIA EN BÚFALOS LECHEROS

GENETIC PARAMETERS MODELING RANDOM REGRESSION DAIRY BUFFALOES

HURTADO-LUGO, NAUDIN^{1*} M.Sc, MONTES, V. DONICER^{1,2} M.Sc, SOUSA, JÚNIOR. S³ Dr, GÓMEZ, JULY Ing. Pec.⁴, TAPIA, V. ELMER¹ Dr, TONHATI, HUMBERTO¹ Dr.

¹ Faculdade de Ciências Agrárias y Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal (UNESP), SP, Brasil. ² Facultad de Ciencias Agropecuárias, Departamento de Zootecnia. Universidad de Sucre (UNISUCRE), Sincelejo, Colombia. ³ Departamento de Zootecnia Universidade Federal do Piauí, (UFPI), PI, Brasil. ⁴ Facultad de Ciencias Agropecuárias. Politécnico Jaime Isaza Cadavid, Colombia.

* Correspondencia: nhurtado.lugo@gmail.com

Recibido: 08-10-2012; Aceptado: 06-12-2012.

Resumen

Los modelos de regresión aleatoria (MRA) son utilizados para estudiar las curvas de lactancia individuales como desvíos de la media, mediante el uso de polinomios ordinarios de funciones lineales. Fueron analizados 5.386 registros para La PDC de 1.546 primeras lactancias de búfalas mestizas, hijas de 30 toros y 446 búfalas, entre 1998 y 2005. Los componentes de varianza fueron estimados utilizando el paquete estadístico WOMBAT. El modelo incluyó como aleatorios los efectos genéticos aditivo y de ambiente permanente, como efectos fijos los grupos contemporáneos (mes y año del control) y edad de la búfala al parto (efecto lineal y cuadrático). Las varianzas residuales fueron modeladas utilizando clases de varianza con 4 clases residuales. Los resultados de los criterios de información de Akaike y de Bayesiano de Schwarz, sugirieron que el modelo que considero el 7 orden del polinomio de Legendre para el efecto aditivo y el 6 orden polinomial para el efecto de ambiente permanente fue el mejor. Las heredabilidades variaron desde 0,10 hasta 0,33 a lo largo de la lactancia. En conclusión, los MRA son apropiados para estudiar la curva de lactancia en búfalos lecheros en este rebaño.

Palabras clave: Ambiente, modelo animal, correlación genética.

Abstract

The Random regression models (RRM) for genetic evaluation in dairy cattle consider individual lactation curves as deviations from the mean, using ordinary polynomials of

linear functions. A total 5386 milk yields records were analyzed, corresponding to 1,546 first lactations of crossbred buffalo cow, daughters of 30 bulls and 446 cows, between 1998 and 2005. Variance components were estimated using the statistical package WOMBAT. The model included as random additive genetic effects and permanent environmental as fixed effects of contemporary groups (month and year of the control) and age of the cow at calving (quadratic effect). The residual variances were modeled using classes residual variance with 4 classes. The results of the Akaike information criterion and Schwarz Bayesian, suggested that consider the 7th model order Legendre polynomial for the additive effect and 6th order polynomial for the permanent environmental effect was the best. The Heritabilities ranged from 0.10 to 0.33 throughout lactation. In conclusion, the results of this study indicate that RRM are appropriate to study the lactation curve in dairy buffaloes in this herd.

Key words: environment, animal model, genetic correlation

Introducción

En ganado lechero, la selección de reproductores se ha basado principalmente en características de importancia económica. Las diferentes metodologías empleadas para analizar estas características, por lo general se basan en la producción acumulada a diferentes periodos o estados parciales de lactancia. Dentro de los abordajes metodológicos para estudiar puntos específicos de la curva de lactancia, se encuentra la producción de leche en el día del control (PDC), la cual permite evaluar hembras que no terminaron su lactancia o que presentan poca información productiva a lo largo de la misma, entre otras ventajas (SCHAEFFER *et al.*, 2000; JENSEN, 2001).

En recientes años, los modelos de regresión aleatoria (MRA) han sido empleados con el objetivo de obtener una mayor confiabilidad al momento de realizar evaluaciones genéticas. El uso de los MRA permite entre otras ventajas, predecir los valores genéticos para la curva de la lactancia como un todo, es decir, para cualquier punto deseado en la escala de tiempo utilizada y para funciones de la curva (KIRKPATRICK *et al.*, 1990). Consecuentemente, puede ser obtenida la curva genética de cada animal y de esta forma serán obtenidos los valores para los coeficientes de regresión genéticos aditivos en cada punto.

Para la población bufalina en Colombia es importante examinar modelos estadísticos alternativos que permitan analizar medidas repetidas, buscando comprender de una mejor forma, desde el punto de vista biológico la variabilidad genética para la producción de leche a lo largo de la curva de la lactancia. Por consiguiente, el objetivo de este trabajo fue estimar parámetros genéticos aplicando MRA para la PDC en bufalinos lecheros del litoral norte de Colombia.

Materiales y métodos

Se analizaron un total 5386 controles mensuales de producción de leche, provenientes de 546 primeras lactancias de 446 búfalas, registradas durante los años 1998 hasta 2008. Las búfalas fueron hijas de 30 reproductores utilizados en una hacienda del departamento de Córdoba (Colombia). Los controles mensuales de producción de leche fueron estimados entre 5 y 270 días pos-parto, siendo divididos en intervalos aproximados de 30 días, totalizando nueve controles. La PDC fue agrupada en clases de días de la lactancia, variando de 1 a 9 clases.

Los grupos contemporáneos fueron definidos por mes y año de control y como covariables el número de días en lactancia y la edad de la búfala al parto (efecto lineal y cuadrático), totalizando 27 clases. La matriz de pedigrí presentó un total de 5296 animales. La estructura de la bases de datos después de la edición es resumida en la Tabla 1.

Tabla 1. Resumen de la estructura de datos

Informaciones	Estadísticas
Número de registros	5386
Número de animales con registros	1526
Número de padres	30
Número de madres	446
Número de grupos contemporáneos	27
Media general, kg	3,88
Desvió estándar (SD), kg	1,14

Las regresiones fijas y aleatorias fueron obtenidas mediante polinomios de Legendre del número de días en lactancia. Como aleatorios, se incluyeron los efectos genéticos directos, efecto de ambiente permanente y de ambiente temporario. La estructura de varianza residual fue considerada heterogénea, por medio de clases. En la forma matricial el modelo puede ser representado por: $y = Xb + Za + Wp + e$.

En donde; y = vector de las observaciones, medida en número de animales con registro; b = vector de efectos fijos que incluye las soluciones para el grupo contemporáneo y para las co-variables, edad al parto y día de lactancia; a = vector de soluciones para los coeficientes de regresión aleatorios genético-aditivos; p = vector de soluciones para los coeficientes de regresión aleatoria de ambiente permanente; e = vector de los N diferentes residuos; y X, Z, W = son matrices de

incidencia para los efectos fijos, aleatorios genéticos-directos y de ambiente permanente, respectivamente.

Los componentes de varianza fueron estimados por el métodos de máxima verosimilitud restringida (REML), usando un algoritmo libre de derivadas, disponible en el paquete WOMBAT (MEYER, 2007). Los resultados obtenidos por los MRA fueron comparados usando como referencias el criterio de información de Akaike (AIC) y el criterio de información Bayesiano de Schwarz (BIC).

Resultados

La media fenotípica de PDC fue de 3,88 kg con un desvió estándar de 1,14 kg (Tabla 1). La curva de lactancia comenzó con una producción de $3,65 \pm 0.9$ kg y aumentó hasta $4,27 \pm 1,02$ kg en el pico de la lactancia. Posteriormente, la producción declinó hasta el final de la misma hasta $2,86 \pm 0,85$ kg, demostrando así la forma típica de la curva de lactancia en búfalos lecheros.

Los efectos aleatorios genético aditivo, de ambiente permanente y del residuo, fueron analizados con estructura de varianzas homogéneas y heterogéneas. Los resultados hallados indican que las varianzas difieren a lo largo de la lactancia, por consiguiente fue necesario modelar con una estructura heterogénea de varianzas (Tabla 2). Los modelos que incluyeron 4 clases de varianzas residuales (heterogénea) fueron mejores que aquellos que fueron modelados por homogeneidad de varianza (homogénea). De forma general se observó que los modelos que incluyeron 4 clases en la varianza residual (het_4) pueden modelar la estructura de las varianzas residuales.

Tabla 2. Modelos, número de parámetros (n), función log de verosimilitud (-2logL), criterio de información de Aikaike (AIC) y criterio de información Bayesiano de Schwarz (BIC)

Modelos	n	-2 Log L	AIC	BIC
het3,6_4	31	-1207,57	2.477,14	2.681,29
het4,6_4	35	-1208,71	2.487,41	2.717,90
het7,6_4	53	-2217,54	4.435,09	4.490,11
het7,7_4	60	-1187,39	2.494,78	2.889,90

El modelo, het ka, kp_r, corresponde al orden de los efectos Ka, Kp y r, para la estructura de varianza genética aditiva, de ambiente permanente y residual, respectivamente.

Las heredabilidades estimadas para los tres modelos seleccionados variaron entre 0,02 hasta 0,33. Las mayores heredabilidades se presentaron en el inicio de la lactancia (Fig. 1).

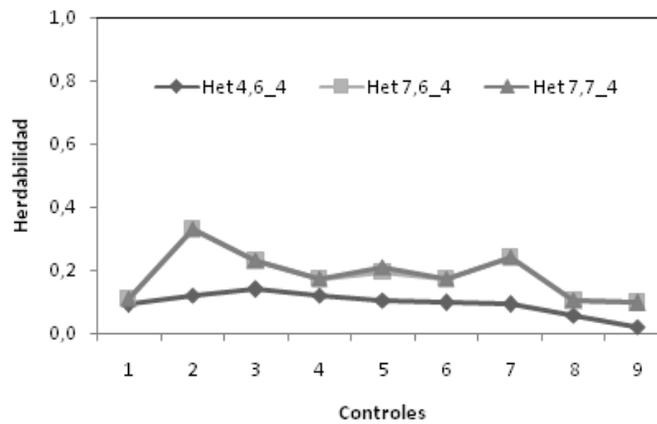


Figura 1. Heredabilidades estimadas para la producción de leche en el día del control mediante los modelos de regresión aleatoria het 4,6_4, het 7,6_4 y het 7,7_4.

En la Fig. 2, se puede observar el comportamiento de las varianzas genéticas aditivas ($0,01 \text{ kg}^2$ hasta $1,02 \text{ kg}^2$), las varianzas fenotípicas ($1,10 \text{ kg}^2$ y $5,10 \text{ kg}^2$) y las varianzas residuales ($0,01 \text{ kg}^2$ hasta $1,0 \text{ kg}^2$), estimadas para la producción de leche en el día del control para los modelos seleccionados respectivamente.

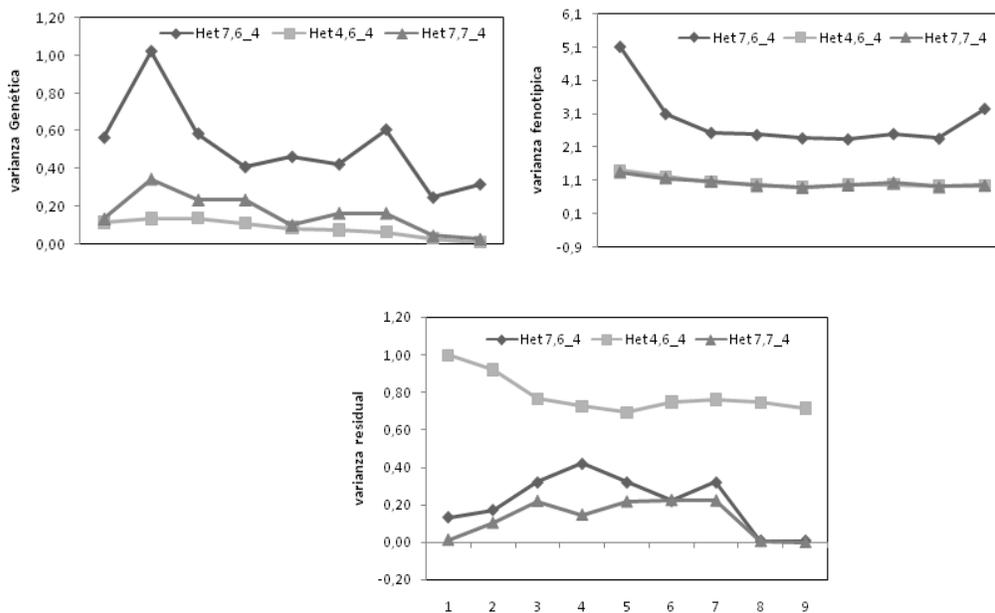


Figura 2. Varianzas genéticas, fenotípicas y residuales estimadas para la producción de leche en el día del control para los modelos het 4,6_4, het 7,6_4 y het 7,7_4.

En la Fig. 3, se puede apreciar el comportamiento de las correlaciones entre los coeficientes de regresión de cada uno de los efectos y el ambiente permanente. Los resultados mostraron que se comportaron de forma similar en los modelos het 7,6_4 y het 7,7_4. Las correlaciones fenotípicas obtenidas para todos los MRA variaron desde -0,94 hasta 1,00. Por tanto que para los tres modelos seleccionados los valores variaron desde -0,018 hasta 1,00.

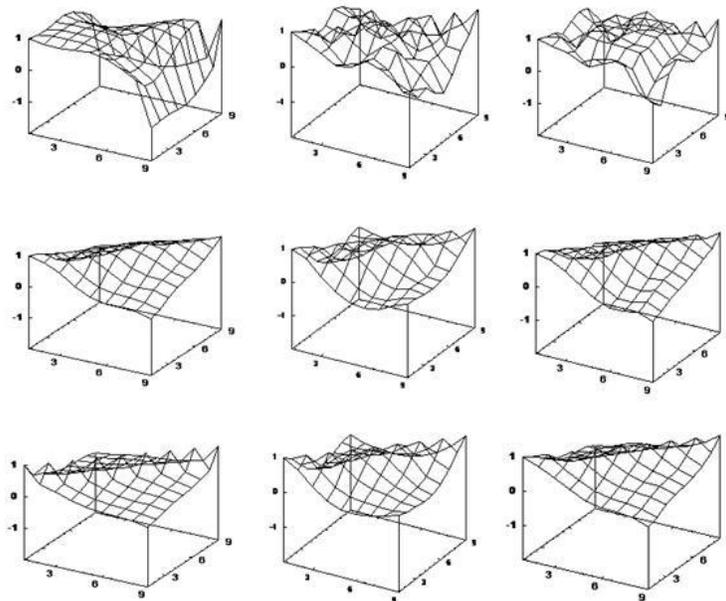


Figura 3. Correlaciones genética Aditiva (primera línea), Ambiente Permanente (segunda línea) y Fenotípica (tercera línea) estimadas mensualmente para la producción de leche obtenidas con los modelos de regresión aleatoria het4,6_4 (primera columna), het 7,6_4 (segunda columna) y het7,7_4 (tercera columna).

Discusión

Se observó, que los modelos con heterogeneidad de varianza con polinomios de cuarto orden genético aditivo y con cuatro clases residuales presentaron los valores más bajos para las funciones logarítmicas de probabilidad (Tabla 2). Para ARAÚJO *et al.* (2007) los modelos que utilizaron ajustes de segundo orden fueron más eficientes cuando el número de clases residuales fueron mayores.

Basados en los resultados de la literatura, el criterio para seleccionar el mejor modelo no se encuentra bien definido. Generalmente, para la selección del mejor modelo se emplea el criterio BIC, el cual penaliza modelos más súper-parametrizados encontrándose de acuerdo con lo obtenido en este estudio (Tabla 2).

Sin embargo, en bovinos lecheros BIGNARDI *et al.* (2009) reportaron que a un mayor número de parámetros, los valores de BIC fueron menores. Estos problemas fueron observados por MEYER (2005) sugiriendo que los modelos que presentan polinomios con altos ordenes son más flexibles y muestran la capacidad de modelar las varianzas a lo largo de la una escala continua. Sin embargo, estos polinomios tienden a colocar más énfasis en los puntos extremos de la trayectoria causando problemas al momento de obtener las estimativas en estos puntos.

Para seleccionar el mejor modelo en este estudio, se seleccionaron criterios los cuales se basaron en la estructura de datos, parámetros genéticos, fisiológicos, productivos y factores ambientales pertinentes para la especie. Por consiguiente, el modelo het 7,6_4 fue el describió de manera mas eficiente los cambios ocurridos a lo largo de la curva de lactancia. Sin embargo, este modelo presento valores superparametrizados según los criterios de AIC y BIC. Para facilitar la comprensión del criterio de selección del modelo het 7,6_4, fueron seleccionados los modelos het 4,6_4 y het 7,7_4, con el fin de realizar una comparación entre los tres modelos. La selección de los modelos het 4,6_4 y het 7,7_4, se realizó en base a que presentaron menores problemas en los extremos de la curva de la lactancia. Mientras que el resto presentaron en la mayoría de los casos problemas de heredabilidades (valores muy altos o cercanos a cero) en estos puntos.

Las heredabilidades estimadas para los tres modelos, oscilaron entre los rangos bajo a medio. En forma general, se observó que las mayores heredabilidades para los tres modelos se presentaron en el inicio de la lactancia. (Fig. 1). HURTADO-LUGO *et al.* (2009) reportaron que la heredabilidad en búfalos lecheros vario desde 0,47 (inicio) hasta 0,23 (final) a lo largo de la lactancia, empleando polinomios de Legendre con varianzas genéticas y residuales de cuarto orden, respectivamente. En ganado Bovino lechero se reportaron mayores heredabilidades en el inicio y final de la lactancia (BROTHERSTONE *et al.*, 2000; COSTA *et al.*, 2008; BIGNARDI *et al.*, 2009). En este estudio se observó la misma tendencia en el inicio y mitad de la lactancia, y difiriendo con respecto al final de la misma, en donde fueron observados los menores valores. ARAÚJO *et al.* (2007) estudiando la producción de leche en búfalos en función de la edad y empleando modelos de regresión aleatoria bajo polinomios de Legendre estimaron heredabilidades que variaron desde 0,08 hasta 0,40, encontrándose de acuerdo con los valores estimados en este estudio. Mientras que en búfalos de la raza Murrah. SESANA *et al.* (2007) estudiaron la producción de leche a lo largo de diferentes partos mediante polinomios de Legendre obteniendo como resultado heredabilidades que variaron desde 0,10 hasta 0,28.

Por otro lado, las estimaciones obtenidas por el modelo het 7,6_4 presento valores de AIC y BIC mayores que el modelo het 7,7_4, siendo que este último mostro un mayor número de parámetros. Una explicación para este fenómeno sugiere que es más fácil interpretar un modelo con menor grado de complejidad (número de parámetros) desde el punto de vista biológico. Por otro lado, este hecho indicaría que es necesario incluir un mayor número de informaciones productivas.

Las varianzas genéticas aditivas para los tres modelos variaron desde 0,01 kg² hasta 1,02 kg² (Fig. 2). Para el modelo het 7,6_4 las varianzas genéticas fueron mayores al inicio y al final de la lactancia llegando a sus máximos valores en los controles 2 y 7. Resultados similares fueron reportados en novillas *Bos taurus* por El FARO *et al.* (2008). Mientras que búfalos lecheros, HURTADO-LUGO *et al.* (2009) reportaron varianzas genéticas que variaron desde 0,212 hasta 0,595.

Por otra parte, las varianzas fenotípicas para los tres modelos oscilaron entre 1,10 kg² y 5,10 kg². Para el modelo het 7,6_4, se obtuvieron los mayores valores tanto al inicio como al final de la lactancia. Para los modelos het 4,6_4 y het7,7_4, las varianzas fenotípicas presentaron tendencias similares (Fig. 2). HURTADO-LUGO *et al.*, (2009) estimaron que las varianzas fenotípicas variaron desde 0,91 kg² hasta 1,37 kg². SESANA *et al.* (2007) evaluando la producción de leche a través de múltiples partos en búfalos, demostraron que las varianzas fenotípicas aumentaron con la edad. Mientras que, en bovinos de la raza Holstein en primeras lactancias, BIGNARDI *et al.* (2008) reportaron que las varianzas fenotípicas alcanzaron sus máximos valores en el inicio y final de la lactancia. En el caso de las varianzas residuales los valores variaron desde 0,01 kg² hasta 1,0 kg². HURTADO-LUGO *et al.*, (2009), encontraron que en el inicio y final de la lactancia se presentaron errores de estimativas, justificando que en estos puntos se presentaba un menor ajuste en el modelo de regresión. Con el modelo het 4,6_4 se obtuvo las mayores estimativas residuales en comparación con los otros modelos. Indicando que el ajuste de este, presentó mayores efectos ambientales a lo largo de la curva de la lactancia.

Las correlaciones genéticas en este estudio para los tres modelos seleccionados variaron de -0,04 hasta 1,00. Presentándose valores altos y cercanos a 1,00 en la mitad de la lactancia para los modelos het7,6_4 y het7,7_4, siendo que para estos se presentaron estimativas de correlación genéticas negativas entre los controles del inicio (1 y 2) y el final (7, 8 y 9) de la lactancia (Fig. 3). Por otro lado, en el modelo het 4,6_4 los controles del inicio y mitad de la lactancia (1, 2, 3, 4, 5, 6 y 7) mostraron correlaciones genéticas negativas con respecto al final de la lactancia (Control 9).

ARAÚJO *et al.* (2007), estimaron que correlaciones genéticas entre las producciones de leche fueron cerca a la unidad en búfalos de la raza Murrah. Por otra parte, HURTADO-LUGO *et al.* (2009) reportaron que las correlaciones genéticas variaron desde -0,11 hasta 0,99. Estos autores surgieron que las correlaciones negativas se presentaron entre los controles del inicio y final de la lactancia. De la misma forma BIGNARDI *et al.* (2009) presentaron tendencias similares, respecto a las correlaciones genéticas negativas dadas entre las primeras semanas de la lactancia (1,2 y 3 semana) y final de la misma (14, 22 y 26 semanas).

MEYER(2005) y BIGNARDI *et al.* (2009) Sugirieron que los polinomios de Legendre presentan un mayor énfasis en las observaciones de los extremos de la curva de lactancia, generando problemas de estimación en estos puntos, que pueden ser causa de la dificultad que se presenta al modelar PDC, esto porque al inicio la vaca se puede ver afectada por el estrés del parto, lo que conlleva a un balance energético negativo, también al final de la lactancia pueden conseguirse un bajo número de observaciones. Estimaciones de correlaciones genéticas negativas también fueron reportadas en otros estudios (BROTHERSTONE *et al.*, 2000; KETTUNEN *et al.*, 2000; BIGNARDI *et al.*, 2009).

HURTADO-LUGO *et al.* (2005), sugirieron que en modelos finitos los valores de las correlaciones fenotípicas entre controles próximos presentaron mayores valores (entre 0,64 y 0,84) que aquellos que presentaron una mayor distancia (entre 0,016 y 0,30). Por otro lado, en modelos infinitos HURTADO-LUGO *et al.* (2005) reportaron que las correlaciones fenotípicas variaron desde -0,12 hasta 0,79. Por otra parte, BIGNARDI *et al.* (2009) estudiando la producción de leche semanal en bovinos, estimaron correlaciones fenotípicas entre 0,00 y 0,74., obteniendo valores más altos entre controles próximos en la mitad de la lactancia y bajos hacia el inicio y final de la misma.

Las diferencias entre las estimaciones en los modelos observados según los criterios de selección de AIC y BIC en este estudio pueden estar relacionadas al bajo número de observaciones. Sin embargo, se espera que la inclusión de esta metodología permita evaluar hatos bufalinos que presentan un bajo número de registros productivos.

En Colombia, específicamente en el área del mejoramiento genético son escasas las investigaciones desarrolladas empleando MRA en esta especie. Consecuentemente, se espera que el empleo de este tipo de metodología pueda servir como una herramienta de selección a productores y profesionales al momento de realizar evaluaciones genéticas. Como ocurre, en otros países suramericanos como es el

caso de Brasil en el que se ha demostrado que los MRA fueron eficientes para describir la variación genética para la producción de leche (ARAÚJO *et al.*, 2009; ARAÚJO *et al.*, 2007; SESANA *et al.*, 2007).

Conclusiones

Los resultados del presente estudio indicaron que es necesario considerar la heterogeneidad de varianzas residuales en los modelos estudiados, con el fin de modelar los cambios en las variaciones con respecto a los días en lactancia, siendo que el modelo que presentó cuatro clases de varianzas residuales, fue el que permitió modelar de la mejor forma la producción de leche a lo largo de la lactancia.

Agradecimientos: Este estudio fue soportado por la Fundación de investigación del estado de Sao Paulo (Fapesp).

Referencias

ARAÚJO, C.; CHAVES, L.; SCHIERHOLT, A.; DAHER E- SILVA, C.; SCHNEIDER, R.; AQUINO, E.; NETO, L.; CARVALHO, M.; FLORES, B.; OLIVEIRA, T.; RAMOS, A. 2009. Variance components estimation and breeding values prediction of Murrah buffaloes using random regression models. In; Simpósio de Búfalos das Américas, 5; Europe and America's Buffalo Symposium: 4-7.

ARAÚJO, C.; RAMOS, A.; ARAÚJO, S.; CHAVES, C.; SCHIERHOLT, A. 2007. Buffaloes milk yield analysis using random regression models. Ital. J. Anim. Sci. vol. 6, (Suppl. 2):279- 282.

BIGNARDI, A.; EL FARO, L.; CARDOSO, V.; MACHADO, P.; ALBUQUERQUE, L. 2009. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. Livestock Science 123:1-7.

BIGNARDI, A.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.; CARDOSO, V.; MACHADO, P. 2008. Modelos de dimensão finita para a estimação de parâmetros genéticos para a produção de leite de primeiras lactações de vacas da raça holandesa. Ciência Rural 38:1705-1710.

BROTHERSTONE, S.; WHITE, I.M.S.; MEYER, K. 2000. Genetic modeling of daily yield using orthogonal polynomials and parametric curves. J. Anim. Sci. 70:407-415.

COSTA, C.; MELO, C.; PACKER, I.; FREITAS, A.; TEIXEIRA, N.; COBUCI, A. 2008. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. R. Bras. Zootec. 37(4):602 -608.

EL FARO, L.; CARDOSO, V.; ALBUQUERQUE, L. 2008. Variance component estimates applying random regression models for test-day milk yield in Caracu heifers (*Bos taurus* Artiodactyla, Bovidae). *Genetics and Molecular Biology* 3(3):665-673.

HURTADO-LUGO, N.; CERÓN-MUÑOZ, M.; TONHATI, H.; A. BIGNARDI, A.; RESTREPO, L.; ASPILCUELTA, R. 2009. Estimación de parámetros genéticos para la producción de leche en el día del control empleando un modelo de regresión aleatoria para primeras lactancias en búfalos de la costa norte de Colombia. *Livestock Research Rural Development*. 21,(89): <http://www.lrrd.org/lrrd21/6/hurt21089.htm>. Consultada: Octubre 10, 2012

HURTADO-LUGO, N.; CERÓN-MUÑOZ, M.; GUTIERREZ-VALENCIA, A. 2006. Estimación de parámetros genéticos para la producción de leche en el día del control en búfalos de la Costa Atlántica Colombiana. *Livestock Research Rural Development*. 18(39). <http://www.lrrd.org/lrrd18/3/hurt18039.htm>. Consultada: Septiembre 19, 2012.

HURTADO-LUGO, N.; CERÓN-MUÑOZ, M.; TONHATI, H.; GUTIERREZ VALENCIA, A.; HENAO, A. 2005. Producción de leche en búfalas de la Costa Atlántica colombiana. *Livestock Research Rural Development* 17(139). <http://www.lrrd.org/lrrd17/12/hurt17139.htm>. Consultada: Septiembre 25, 2012.

KETTUNEN, A.; MÄNTYSAARI, E.; PÖSÖ, J. 2000. Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test-day models. *Liv. Prod. Sci.* 66:251-261.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. 1990. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics* 124:979-993.

MEYER, K. 2007. WOMBAT- Digging deep for quantitative genetic analyses by Restricted maximum likelihood" In: *World Congress On Genetics Applied To Livestock Production*, 8. 2006, Belo Horizonte. Proceedings. Belo Horizonte. I CD-ROM.

MEYER, K. 2005. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. *Genet. Sel. Evol.* 37:473-500.

SESANA, R.; BIGNARDI, A.; EL FARO, L.; SENO, L. BORQUIS, A.; ALBUQUERQUE, L.; TONHATI, H. 2007. Random regressions models to describe the genetic variation of milk yield over multiple parities in Buffaloes. *Ital.J.Anim.Sci.* (6)(2):364-367.

SCHAEFFER, L. R.; JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, J.; VAN DOORMAAL, B. 2000. Experience with a Test-day model. *J. Dairy Sci.* 83:1135-1144.