

Modelos para avaliação genética da produção de leite em múltiplas lactações

João Cruz Reis Filho⁽¹⁾, Rui da Silva Verneque⁽²⁾, Robledo de Almeida Torres⁽³⁾,
Virgínia Mara Pereira Ribeiro⁽⁴⁾ e Fábio Luiz Buranelo Toral⁽⁴⁾

⁽¹⁾Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Vila Gianetti, Casa 38, Campus da UFV, CEP 36570-000 Viçosa, MG, Brasil. E-mail: joao.cruz@agricultura.gov.br ⁽²⁾Embrapa Gado de Leite, Rua Eugênio do Nascimento, nº 610, Dom Bosco, CEP 36038-330 Juiz de Fora, MG, Brasil. E-mail: rui.verneque@embrapa.br ⁽³⁾Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Zootecnia, Avenida P.H. Rolfs, s/nº, CEP 36570-000 Viçosa, MG, Brasil. E-mail: rtorres@ufv.br ⁽⁴⁾Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária, Departamento de Zootecnia, Avenida Antônio Carlos, nº 6.627, CEP 31270-901 Belo Horizonte, MG, Brasil. E-mail: virginiamara16@gmail.com, flbtoral@ufmg.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi avaliar componentes de covariância e valores genéticos para produção de leite acumulada em até 305 dias, a partir dos dados das três primeiras lactações de vacas Gir. Foram analisados dados de 14.659 lactações, de 9.079 vacas, por meio dos modelos de repetibilidade, multicaracterístico (Mult) e de regressão aleatória com variância residual homogênea (MRAHo) ou heterogênea (MRAHe). A produção de leite foi considerada como característica distinta em cada lactação, no modelo Mult. Polinômios lineares foram utilizados nos modelos de regressão aleatória para ajuste das trajetórias médias e dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente individuais, de acordo com a ordem de parto. As médias a posteriori da herdabilidade foram semelhantes entre os diferentes modelos e lactações, e variaram entre 0,24 e 0,29. Os modelos Mult e MRAHe ajustaram-se melhor aos dados, uma vez que observou-se heterogeneidade de variâncias genéticas e residuais entre lactações. As correlações genéticas da produção acumulada de leite em até 305 dias nas três primeiras lactações foram próximas de 1,0; portanto, a seleção de reprodutores já pode ser feita a partir dos resultados da primeira lactação. Modelos de regressão aleatória com variâncias genéticas e residuais heterogêneas permitem modelar adequadamente as covariâncias das produções de leite acumuladas em múltiplas lactações e obter valores genéticos para seleção de reprodutores com base nos dados já da primeira lactação.

Termos para indexação: *Bos indicus*, Gir leiteiro, modelo multicaracterístico, regressão aleatória, repetibilidade, seleção precoce.

Models for genetic evaluation of milk yield in multiple lactations

Abstract – The objective of this work was to evaluate covariance components and breeding values for 305-day cumulative milk yield with data from the first three lactations of Gyr cows. A total of 14,659 lactations of 9,079 cows were evaluated, using the models of repeatability, multiple-trait (MT), and random regression with residual homoscedasticity (RRMHo) or heteroscedasticity (RRMHe). Milk yield was considered as a different trait in each lactation, in the MT model. Linear polynomials were used in random regression models to fit the mean trajectories and the additive genetic and permanent environment individual effects, according to calving order. Posteriori means for heritability were similar among different models and lactations, and varied from 0.24 to 0.29. The MT and RRMHe models had a better fit to the data, since heterogeneity was observed for genetic and residual variances between lactations. The genetic correlations of cumulative milk yield up to 305 days in the first three lactations were close to 1.0; therefore, the selection of reproducers can be made with data already from the first lactation. Random regression models with heterogenous genetic and residual variances allow for proper modeling of the covariances in cumulative milk yields in multiple lactations and for obtaining the genetic values to be used in the selection of reproducers, based on data already from the first lactation.

Index terms: *Bos indicus*, dairy Gyr, multiple-trait model, random regression, repeatability, early selection.

Introdução

Os programas de melhoramento genético das principais raças leiteiras no Brasil utilizam a produção

de leite acumulada em até 305 dias, na primeira (Costa et al., 2012; Silva et al., 2014; Verneque et al., 2014) ou até na quinta lactação (Peixoto et al., 2014b), para avaliação genética do rebanho, e modelos de

característica única (Costa et al., 2012; Silva et al., 2014; Verneque et al., 2014) ou de repetibilidade (Peixoto et al., 2014b) ainda são usados nessas avaliações.

Apesar de que a inclusão dos registros de uma mesma vaca em diferentes lactações pode aumentar a acurácia das avaliações genéticas, o modelo de repetibilidade não é a melhor alternativa para isso. As pressuposições assumidas no modelo – de variâncias homogêneas, de correlações genéticas iguais a 1,0 e de correlações ambientais iguais para todos os pares de lactações (Mrode, 2005) – não são verificadas quando dados de múltiplas lactações são analisados com modelos multicaracterísticos (Freitas et al., 2001).

O modelo multicaracterístico, ao considerar a produção em cada lactação como uma característica distinta das demais, permite avaliar variâncias heterogêneas e diferenças nas correlações entre as produções. Porém, esse modelo torna-se mais parametrizado à medida que o número de lactações por animal aumenta. Para reduzir essa parametrização, produções acumuladas em múltiplas lactações podem ser analisadas com modelos de regressão aleatória, assim como já acontece com os controles diários dessas lactações (Herrera et al., 2008; Pereira et al., 2010; Bignardi et al., 2012; Peixoto et al., 2014a).

Nesse sentido, o estudo de alternativas para análise genética da produção de leite acumulada em múltiplas lactações pode contribuir para melhorar o aproveitamento e a modelagem dos dados disponíveis nos programas de melhoramento genético.

O objetivo deste trabalho foi avaliar componentes de covariância e valores genéticos para produção de leite acumulada em até 305 dias, a partir dos dados das três primeiras lactações de vacas Gir.

Material e Métodos

As análises foram conduzidas com dados do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL). Na preparação do arquivo de dados, somente as três primeiras lactações foram mantidas, tendo-se eliminado as primeiras, as segundas e as terceiras lactações das vacas que pariram fora dos intervalos de idade de 24 e 66 meses, 37 e 84 meses e 49 e 102 meses, respectivamente. Os registros de lactações da mesma ordem de parto em classes de efeitos fixos com menos de duas observações foram excluídos. Foram

consideradas as lactações de vacas alimentadas em sistemas extensivo (pasto), semiextensivo (pasto com suplementação concentrada) e intensivo (confinamento e/ou com uso de substâncias galactogênicas). O arquivo final utilizado continha registros de 14.659 lactações, de 9.079 vacas Gir, ocorridas entre 1983 e 2009. As vacas eram filhas de 807 touros e de 5.651 vacas. Os números de registros de primeira, segunda e terceira lactações foram de 7.800, 4.350 e 2.509, respectivamente. O número de vacas com registros de apenas uma lactação foi de 4.275, 536 e 301, para as três lactações, respectivamente. Outras vacas apresentavam registros de duas lactações controladas (1.759, 153 e 442, para primeira e segunda, primeira e terceira e segunda e terceira, respectivamente), e somente 1.613 vacas apresentavam dados das três ordens de parto no arquivo.

Utilizou-se o algoritmo descrito por Toral & Alencar (2010) para composição da matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco, com 15.001 animais.

Os dados foram analisados pelos modelos de repetibilidade, multicaracterístico e de regressão aleatória. O modelo de repetibilidade utilizado foi: $y_{ijklmno} = \mu + rap_i + mp_j + op_k + nord_l + man_m + c_1(ipmes_{n(k)}) + c_2(ipmes_{n(k)}^2) + a_o + p_o + e_{ijklmno}$, em que: $y_{ijklmno}$ representa a produção de leite acumulada em até 305 dias; μ é a constante geral; rap_i é o efeito do rebanho-ano do parto i ; mp_j é o efeito do mês do parto j ; op_k é o efeito da ordem de parto k ; $nord_l$ é o efeito do número de ordenhas diárias l ; man_m é o efeito das condições de manejo m ; c_1 e c_2 são os coeficientes de regressão linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto n ($ipmes_{n(k)}$, em meses); a_o é o efeito genético do animal o ; p_o é o efeito de ambiente permanente que incide sobre o animal o ; e $e_{ijklmno}$ é o erro.

Sob a forma matricial, o modelo de repetibilidade pode ser descrito pela equação: $\underline{y} = \underline{X}\underline{\beta} + \underline{Z}\underline{a} + \underline{W}\underline{p} + \underline{e}$, em que: \underline{y} representa o vetor de observações; \underline{X} é a matriz de incidência dos efeitos sistemáticos; $\underline{\beta}$ é o vetor de soluções para os efeitos sistemáticos; \underline{Z} é a matriz de incidência dos efeitos genéticos individuais; \underline{a} é o vetor de soluções para os efeitos genéticos individuais; \underline{W} é a matriz de incidência dos efeitos de ambiente permanente individuais; \underline{p} é o vetor de soluções para os efeitos de ambiente permanente individuais; \underline{e} é o vetor de erros.

Foram assumidas as seguintes distribuições a priori: do tipo flat, para $\underline{\beta}$ ($\underline{\beta} \sim \text{constante}$); normais,

para $\underline{a}(\underline{a}|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2))$, $\underline{p}(\underline{p}|\sigma_p^2 \sim N(0, I_{9,079}\sigma_p^2))$ e $\underline{\varepsilon}(\underline{\varepsilon}|\sigma_e^2 \sim N(0, I_{14,659}\sigma_e^2))$; e qui-quadrado invertidas e escalonadas, para $\sigma_a^2 (\sigma_a^2 \sim \chi^2(v_a, S_a^2))$, $\sigma_p^2 (\sigma_p^2 \sim \chi^2(v_p, S_p^2))$ e $\sigma_e^2 (\sigma_e^2 \sim \chi^2(v_e, S_e^2))$. Nesse caso, A é a matriz de parentesco; $I_{9,079}$ é uma matriz identidade de ordem igual ao número de vacas com dados; $I_{14,659}$ é uma matriz identidade de ordem igual ao número de observações; e $v_a, v_p, v_e, S_a^2, S_p^2$, e S_e^2 são os hiperparâmetros de distribuições qui-quadrado invertidas e escalonadas. Informações sobre as distribuições condicionais completas a posteriori estão disponíveis em Sorensen (1996).

O modelo multicaracterístico, que considerou a produção de leite acumulada em até 305 dias de lactação, em cada ordem de parto, como características diferentes, foi semelhante ao modelo de repetibilidade, com exclusão dos efeitos de ordem de parto e de ambiente permanente individuais. Sob a forma matricial, ele pode ser descrito como:

$$\begin{bmatrix} \underline{y}_1 \\ \underline{y}_2 \\ \underline{y}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \Phi & \Phi \\ \Phi & X_2 & \Phi \\ \Phi & \Phi & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \underline{\beta}_1 \\ \underline{\beta}_2 \\ \underline{\beta}_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \Phi & \Phi \\ \Phi & Z_2 & \Phi \\ \Phi & \Phi & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \underline{a}_1 \\ \underline{a}_2 \\ \underline{a}_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \underline{\varepsilon}_1 \\ \underline{\varepsilon}_2 \\ \underline{\varepsilon}_3 \end{bmatrix},$$

cujos termos foram definidos anteriormente. Os subscritos identificam ordens de lactação.

Foram assumidas as seguintes distribuições a priori: $[\underline{\beta}_1 \ \underline{\beta}_2 \ \underline{\beta}_3]^t \sim \text{constante}$, $[\underline{a}_1 \ \underline{a}_2 \ \underline{a}_3]^t | A, G_0 \sim N([0 \ 0 \ 0]^t, G_0 \otimes A)$ e $[\underline{\varepsilon}_1 \ \underline{\varepsilon}_2 \ \underline{\varepsilon}_3]^t | R_0 \sim N([0 \ 0 \ 0]^t, R_0 \otimes I)$. Distribuições Wishart invertidas foram assumidas para as matrizes de covariância (3x3) $G_0 (G_0 \sim IW(\Sigma_a^2, n_a))$ e $R_0 (R_0 \sim IW(\Sigma_e^2, n_e))$, em que $\Sigma_a^2, \Sigma_e^2, n_a$ e n_e representam os hiperparâmetros das distribuições Wishart invertidas. Informações sobre as distribuições condicionais completas a posteriori estão disponíveis em Sorensen & Gianola (2002).

O modelo de regressão aleatória utilizado pode ser descrito como: $y_{ijklmno} = \mu + rap_i + mp_j + b_1 op_k + nord_l + man_m + c_1(ipmes^2_{n(k)}) + c_2(ipmes^2_{n(k)}) + a_{0_o} + a_{1_o} op_k + p_{0_o} + p_{1_o} op_k + e_{ijklmno}$, em que b_1 é o coeficiente de regressão linear do efeito da ordem de parto sobre a produção de leite acumulada em até 305 dias; a_{0_o} e a_{1_o} são os coeficientes de regressão aleatória (intercepto e linear, respectivamente) do valor genético aditivo

do animal o ; p_{0_o} e p_{1_o} são os coeficientes de regressão aleatória (intercepto e linear, respectivamente) do efeito de ambiente permanente individual do animal o ; e os demais termos foram definidos anteriormente.

A trajetória média da produção de leite acumulada em até 305 dias de lactação em função da ordem de parto, o valor genético aditivo e o efeito de ambiente permanente individual foram modelados com polinômios ordinários lineares.

Sob a forma matricial, o modelo de regressão aleatória pode ser descrito pela equação: $\underline{y}^* = X^* \underline{\beta}^* + Z^* \underline{a}^* + W^* \underline{p}^* + \underline{\varepsilon}^*$, em que: \underline{y}^* representa o vetor de observações; X^* é a matriz de incidência dos efeitos sistemáticos; $\underline{\beta}^*$ é o vetor de soluções para os efeitos sistemáticos; Z^* é a matriz de incidência dos efeitos genéticos; \underline{a}^* é o vetor de soluções para os coeficientes de regressão genéticos; W^* é a matriz de incidência dos efeitos de ambiente permanente; \underline{p}^* é o vetor de soluções para os coeficientes de regressão de ambiente permanente; e $\underline{\varepsilon}^*$ é o vetor de erros. Asteriscos servem para diferenciar elementos dos modelos de regressão aleatória e de repetibilidade.

Foram assumidas as seguintes distribuições a priori: $\underline{\beta}^* \sim \text{constante}$, $\underline{a}^* | A, G_0^* \sim N(0, G_0^* \otimes A)$, $\underline{p}^* | P_0^* \sim N(0, P_0^* \otimes I)$ e $\underline{\varepsilon}^* | R^* \sim N(0, R^*)$. Distribuições Wishart invertidas foram assumidas para as matrizes de covariância (2x2) $G_0^* (G_0^* \sim IW(\Sigma_a^{2*}, n_a^*))$ e $P_0^* (P_0^* \sim IW(\Sigma_p^{2*}, n_p^*))$, em que $\Sigma_a^{2*}, \Sigma_p^{2*}, n_a^*$ e n_p^* representam os hiperparâmetros dessas distribuições. Duas situações foram avaliadas para a matriz R^* . Na primeira, considerou-se homogeneidade de variâncias residuais entre lactações com $R^* = \text{diag}\{\sigma_e^2\}$. Na segunda, considerou-se heterogeneidade de variâncias residuais com $R^* = \text{diag}\{\sigma_{e_k}^2\}$, em que $\sigma_{e_k}^2$ é a variância residual para a lactação k . A comparação dos ajustes proporcionados pelos modelos com variâncias residuais homogêneas ou heterogêneas foi realizada pela análise do critério de informação da deviance (CID), como descrito em Spiegelhalter et al. (2002). Rekaya et al. (1999) apresentaram os detalhes das distribuições condicionais completas a posteriori.

Amostras das distribuições condicionais completas foram obtidas com o amostrador de Gibbs, com os programas GIBBS1F90 e GIBBS3F90 (Misztal et al., 2014). Consideram-se cadeias de 550.000 ciclos, com descarte inicial de 50.000 ciclos e

amostragens a cada 100 ciclos. O tamanho da cadeia foi definido de acordo com o método de Raftery & Lewis (1992), disponível no pacote BOA (Smith, 2005). As convergências foram avaliadas pelo critério proposto por Geweke (1992) e por inspeção dos valores amostrados.

No caso dos modelos de regressão aleatória, amostras a posteriori das variâncias genéticas aditiva ($\sigma_{a_k}^2$) e de ambiente permanente individual ($\sigma_{p_k}^2$), para a produção de leite acumulada em até 305 dias na lactação k , podem ser obtidas por meio de $\sigma_{a_k}^2 = [1 \ k]G_0^*[1 \ k]^t$ e $\sigma_{p_k}^2 = [1 \ k]P_0^*[1 \ k]^t$. Nesse caso, G_0^* e P_0^* representam amostras a posteriori das matrizes de covariâncias dos coeficientes de regressão para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente individual, respectivamente.

As médias a posteriori dos valores genéticos aditivos dos animais, para as produções de leite acumuladas em até 305 dias na lactação k (\bar{a}_{ok}), foram obtidas pela equação $\bar{a}_{ok} = \bar{a}_{o_0} + \bar{a}_{1_o}k$, em que \bar{a}_{o_0} e \bar{a}_{1_o} representam as médias a posteriori para o intercepto e o coeficiente linear referentes ao animal o , respectivamente.

Foram calculadas correlações de Spearman entre valores genéticos de touros (807) e vacas com controle de pelo menos uma lactação (9.079), obtidos com os quatro modelos. Para a análise do percentual de animais selecionados em comum, foram considerados os valores genéticos para touros cujas progênes apresentavam registros de pelo menos dez lactações, distribuídas nas três ordens de parto (274), e os valores genéticos das vacas com produção. Diferentes percentuais de animais selecionados foram considerados para os touros (10 e 20%) e as vacas (25 e 50%).

Resultados e Discussão

Na Tabela 1, são apresentadas as médias a posteriori e os limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade, com 95% das amostras (IAD95), para os componentes de variância nos modelos de repetibilidade (REP), multicaracterístico (Mult) e de regressão aleatória com variâncias residuais homogêneas (MRAHo) ou heterogêneas (MRAHe). Para esses dois últimos modelos (MRAHo e MRAHe), as médias a posteriori (IAD95) das matrizes dos coeficientes de regressão aleatória foram:

$$\text{MRAHo} \\ \bar{G}_0^* = \begin{bmatrix} 142.226(95.860; 198.800) & 11.678(-5.824; 25.170) \\ 11.678(-5.824; 25.170) & 8.531(2.747; 16.160) \end{bmatrix} e$$

$$\bar{P}_0^* = \begin{bmatrix} 171.466(41.280; 262.000) & -12.370(-51.510; 37.370) \\ -12.370(-51.510; 37.370) & 35.899(12.120; 57.280) \end{bmatrix};$$

$$\text{MRAHe} \\ \bar{G}_0^* = \begin{bmatrix} 137.900(94.890; 181.300) & 11.496(-5.866; 24.560) \\ 11.496(-5.866; 24.560) & 8.191(2.140; 17.020) \end{bmatrix} e$$

$$\bar{P}_0^* = \begin{bmatrix} 561.952(417.790; 703.800) & -181.646(-242.900; -119.600) \\ -181.646(-242.900; -119.600) & 111.499(80.340; 141.300) \end{bmatrix}.$$

O valor do CID obtido com o modelo MRAHe foi inferior ao obtido com o MRAHo (163.705 vs. 166.571), indício de que o primeiro ajustou-se melhor aos dados.

As médias a posteriori das variâncias residuais para a produção de leite em até 305 dias, na primeira e na terceira lactações, foram semelhantes entre si com o uso do MRAHe, mas a variância residual para a produção na segunda lactação foi maior. A variância residual obtida com o modelo REP foi semelhante à obtida com o MRAHe para a segunda lactação. No caso do modelo Mult, houve aumento da variância residual da primeira para a segunda lactação, mas a variância na terceira lactação não diferiu da variância na segunda. Em estudo com as produções de leite acumuladas em até 305 dias de lactação na raça Holandesa, observou-se aumento nas estimativas das variâncias residuais da primeira até a terceira lactação (Freitas et al., 2001). Cabe ressaltar que, no caso de modelos multicaracterísticos, não é possível separar os efeitos de ambiente permanente daqueles de ambiente temporário.

Há fatores ambientais que não influenciam a primeira lactação, apenas as lactações subsequentes, como os períodos de serviço anterior e corrente e o período seco anterior (Oliveira et al., 1999; Prosperi et al., 2000). Diferenças nos números de registros em cada ordem de parto também podem contribuir para a existência de diferenças nas variâncias residuais. A superioridade da variância residual para a produção de leite na segunda lactação também pode ser parcialmente justificada pela superioridade do primeiro intervalo de partos, em relação aos demais (Perotto et al., 2006). Durante o primeiro intervalo de partos, a vaca primípara ainda está em crescimento e apresenta exigências nutricionais maiores e, portanto, mais difíceis de serem atendidas (Perotto et al., 2006). Assim, maior variação no primeiro intervalo de partos pode resultar em maior

variação residual na produção de leite, na segunda lactação. É importante destacar que esse resultado só pode ser obtido com a utilização do modelo de regressão aleatória proposto no presente trabalho, uma vez que ele permite separar os efeitos de ambiente permanente dos efeitos de ambiente temporários.

A média a posteriori para a variância genética da produção de leite acumulada em até 305 dias de lactação obtida com o modelo REP foi intermediária aos valores obtidos para as variâncias na primeira e na segunda lactações, com os modelos Mult e MRAHe. Entretanto, somente é possível concluir que a variância genética no modelo REP foi diferente da obtida para a terceira lactação no MRAHe porque, nesse caso, não houve sobreposição dos IAD95.

Houve aumento nas médias a posteriori das variâncias genéticas, nas três primeiras lactações, tanto no modelo Mult como no MRAHe. Os aumentos foram praticamente constantes da primeira para a segunda e da segunda para a terceira lactação. Isso é um indicativo de que o uso de uma regressão linear, nos modelos de regressão aleatória, foi compatível com os resultados obtidos em um modelo sem qualquer estrutura para as variâncias das três lactações (modelo Mult). No entanto, houve sobreposição dos IAD95 associados às médias a posteriori, exceto quando foram comparadas as variâncias genéticas para produção de leite na primeira e na terceira lactações, obtidas com o MRAHe. Esse

aumento na variância genética pode estar associado ao aumento na produção de leite ao longo das lactações, cujas médias±desvio-padrão foram de: 2.658±1.307, 2.954±1.332 e 3.077±1.361 kg para primeira, segunda e terceira lactações, respectivamente.

A média a posteriori da variância de ambiente permanente obtida com o modelo REP foi inferior às obtidas com o MRAHe. As variâncias de ambiente permanente obtidas com o modelo MRAHe, para produção de leite na primeira e na segunda lactações, foram semelhantes, tendo-se observado aumento nesse parâmetro na terceira lactação. A utilização de modelos de regressão aleatória para análise da produção de leite no dia do controle pode aumentar a variância de ambiente permanente em função dos dias em lactação (Costa et al., 2005) ou resultar na oscilação dessa variância (Pereira et al., 2010), dependendo do tipo e da ordem do polinômio utilizado para ajuste do efeito.

A média a posteriori da variância fenotípica obtida com o modelo REP foi intermediária à variância para a primeira e a segunda lactações, nos modelos Mult e de regressão aleatória. No caso dos modelos Mult e MRAHe, as variâncias fenotípicas foram crescentes ao longo das três lactações, com pequenas sobreposições dos valores de IAD95. Esse resultado decorreu, provavelmente, do comportamento semelhante verificado nos outros componentes de variância.

Tabela 1. Médias a posteriori e limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade, com 95% das amostras (entre parênteses), para as variâncias⁽¹⁾ genética ($\bar{\sigma}_a^2$), de ambiente permanente ($\bar{\sigma}_p^2$), residual ($\bar{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\bar{\sigma}_f^2$), e para as herdabilidades (\bar{h}^2) da produção de leite acumulada em até 305 dias, nas três primeiras lactações de vacas Gir leiteiro, de acordo com diferentes modelos.

Modelo ⁽²⁾	$\bar{\sigma}_a^2$	$\bar{\sigma}_p^2$	$\bar{\sigma}_e^2$	$\bar{\sigma}_f^2$	\bar{h}^2
REP	184 (150; 220)	212 (181; 243)	370 (356; 285)	767 (744; 788)	0,24 (0,20; 0,28)
Mult-1	173 (135; 210)	-	495 (461; 525)	668 (644; 692)	0,26 (0,21; 0,31)
Mult-2	203 (161; 245)	-	646 (601; 693)	849 (809; 889)	0,24 (0,19; 0,29)
Mult-3	228 (157; 302)	-	671 (601; 740)	899 (840; 960)	0,25 (0,18; 0,33)
MRAHo-1	174 (138; 214)	183 (128; 225)	332 (311; 358)	689 (664; 713)	0,25 (0,20; 0,30)
MRAHo-2	223 (183; 269)	266 (228; 300)	332 (311; 358)	821 (788; 855)	0,27 (0,22; 0,32)
MRAHo-3	289 (224; 357)	420 (352; 492)	332 (311; 358)	1.042 (986; 1.100)	0,28 (0,22; 0,34)
MRAHe-1	169 (135; 203)	310 (257; 366)	195 (146; 241)	675 (650; 697)	0,25 (0,20; 0,30)
MRAHe-2	217 (178; 261)	281 (245; 321)	381 (354; 408)	879 (839; 917)	0,25 (0,20; 0,29)
MRAHe-3	281 (222; 351)	476 (397; 553)	210 (151; 265)	967 (906; 1.025)	0,29 (0,23; 0,35)

⁽¹⁾As variâncias estão divididas por 1.000. ⁽²⁾REP, modelo de repetibilidade; Mult, modelo multicaracterístico; e MRAHo e MRAHe, modelos de regressão aleatória com variâncias residuais homogêneas ou heterogêneas, respectivamente. Os números após as siglas dos modelos indicam a lactação avaliada.

A herdabilidade para a produção de leite acumulada em até 305 dias, nas três lactações, permaneceu praticamente constante, com médias a posteriori entre 0,24 e 0,29, e sobreposições de todos os IAD95. Esse comportamento corrobora os resultados de herdabilidade das produções de leite obtidos nas três primeiras lactações, na raça Holandesa (Freitas et al., 2001). Os valores de herdabilidade obtidos no presente trabalho são semelhantes aos relatados para produção de leite acumulada na primeira e na segunda lactações de vacas Gir (Wenceslau et al., 2000; Balieiro et al., 2003; Herrera et al., 2008). Esses valores são indicativos de que a herdabilidade da produção de leite na raça Gir apresenta magnitude moderada, e que a seleção genética pode consistir em uma ferramenta eficiente para modificar a média dessa característica ao longo das gerações.

As correlações genéticas entre as produções de leite acumuladas nas três primeiras lactações foram próximas à unidade (Tabela 2). Este resultado é interessante, pois mostra que a produção de leite na primeira lactação está fortemente associada à produção na segunda e na terceira lactações. Desse modo, a seleção dos touros em teste de progênie, ao se considerar apenas os dados de produção na primeira lactação (Verneque et al., 2014), será eficiente para melhorar a produção em lactações futuras.

As correlações de Spearman entre as médias a posteriori dos valores genéticos para as produções de leite acumuladas em até 305 dias, nas três primeiras lactações, foram altas pelos quatro modelos (Tabela 3), o que permite afirmar que, em termos de classificação dos candidatos à seleção, os modelos utilizados praticamente se equivalem. Esse resultado é confirmado pela alta percentagem de animais em comum selecionada com base nos valores genéticos obtidos com o modelo REP, ou nas médias dos valores genéticos obtidos com os modelos Mult, MRAHo e MRAHe. Com a seleção de 10 e 20% dos melhores touros – que apresentavam pelo menos dez controles de lactação distribuídos nas três ordens de parto –, os modelos apresentaram de 85 a 91% de coincidência nos animais selecionados. No caso das vacas com produção de leite aferida, e pressupondo-se a seleção de 25 e 50% dos animais com maior mérito genético quanto à produção de leite, haveria de 90 a 94% de

coincidência na seleção realizada pelos diferentes modelos.

O valor genético obtido com o modelo REP é um valor único, enquanto o valor genético obtido com o modelo de regressão aleatória é uma função dos coeficientes de regressão (\bar{a}_0 e \bar{a}_1). Assim, esse último modelo permite agrupar os animais em dois grupos: os com \bar{a}_1 menor ou maior que zero. Esse tipo de abordagem pode ser utilizado como critério para descarte de vacas, uma vez que há a expectativa de que as vacas com $\bar{a}_1 < 0$ apresentem menores diferenciais de produção com o aumento da ordem de parto. No grupo de vacas com registros, 2.509 apresentaram $\bar{a}_1 < 0$, de acordo com o modelo MRAHe. Entre as 1.613 vacas com três lactações controladas, 313 apresentaram $\bar{a}_1 < 0$. No caso dos 274 touros que tiveram filhas controladas nas três lactações e com pelo menos dez lactações controladas, 87 apresentaram $\bar{a}_1 < 0$. Portanto, é possível inferir que os coeficientes de regressão podem consistir em uma ferramenta auxiliar na seleção dos animais.

O modelo de repetibilidade não é adequado para análise das produções de leite acumuladas, nas três primeiras lactações, pois há diferenças nas variâncias genéticas e residuais entre as lactações. As mudanças nas variâncias entre as lactações, contudo, podem ser consideradas em modelos multicaracterísticos ou de regressão aleatória com variância residual heterogênea. Este modelo permite, ainda, separar os efeitos de ambiente permanente e temporário, e identificar animais com maiores diferenciais genéticos em lactações avançadas ($\bar{a}_1 > 0$).

Tabela 2. Médias a posteriori e limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade, com 95% das amostras (entre parênteses), para correlações genéticas entre as produções de leite acumuladas em até 305 dias na primeira, na segunda e na terceira lactações de vacas Gir leiteiro, obtidas com diferentes modelos⁽¹⁾.

Lactação	Mult	MRAHo	MRAHe
1 vs. 2	0,99 (0,97; 1,00)	0,98 (0,97; 1,00)	0,99 (0,96; 1,00)
1 vs. 3	0,90 (0,81; 0,99)	0,95 (0,90; 1,00)	0,96 (0,89; 1,00)
2 vs. 3	0,96 (0,92; 0,99)	0,99 (0,98; 1,00)	0,99 (0,98; 1,00)

⁽¹⁾Mult, modelo multicaracterístico; e MRAHo e MRAHe, modelos de regressão aleatória com variâncias residuais homogêneas ou heterogêneas, respectivamente.

Tabela 3. Correlações de Spearman entre as médias a posteriori dos valores genéticos para produção de leite acumulada em até 305 dias de lactação de vacas (9.079, acima da diagonal) e touros (807, abaixo da diagonal) Gir leiteiro, com uso de diferentes modelos.

Modelo ⁽¹⁾	REP	Mult				MRAHo				MRAHe			
		1	2	3	\bar{x}	1	2	3	\bar{x}	1	2	3	\bar{x}
REP	-	0,98	0,98	0,98	0,98	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Mult-1	0,97	-	1,00	0,99	1,00	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98
Mult-2	0,97	1,00	-	1,00	1,00	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98
Mult-3	0,97	0,99	0,99	-	1,00	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98
Mult- \bar{x}	0,97	1,00	1,00	1,00	-	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98
MRAHo-1	1,00	0,98	0,98	0,97	0,98	-	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
MRAHo-2	1,00	0,97	0,98	0,97	0,98	1,00	-	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
MRAHo-3	1,00	0,97	0,97	0,97	0,97	1,00	1,00	-	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
MRAHo- \bar{x}	1,00	0,97	0,98	0,97	0,98	1,00	1,00	1,00	-	1,00	1,00	1,00	1,00
MRAHe-1	1,00	0,98	0,98	0,97	0,98	1,00	1,00	1,00	1,00	-	1,00	1,00	1,00
MRAHe-2	1,00	0,97	0,98	0,97	0,98	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	-	1,00	1,00
MRAHe-3	1,00	0,97	0,97	0,97	0,97	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	-	1,00
MRAHe- \bar{x}	1,00	0,97	0,98	0,97	0,98	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	-

⁽¹⁾REP, modelo de repetibilidade; Mult, modelo multicaracterístico; e MRAHo e MRAHe, modelos de regressão aleatória com variâncias residuais homogêneas ou heterogêneas, respectivamente. Os números após as siglas dos modelos indicam a lactação avaliada. \bar{x} , média dos valores nas três lactações.

Conclusões

1. Os componentes de covariância diferem entre os modelos de repetibilidade, multicaracterístico e de regressão aleatória com variância residual homogênea ou heterogênea, utilizados na análise das produções de leite acumuladas em múltiplas lactações de vacas Gir.

2. Modelos de regressão aleatória com variâncias genéticas e residuais heterogêneas permitem modelar adequadamente as covariâncias das produções de leite acumuladas em múltiplas lactações e obter valores genéticos para seleção de reprodutores com base nos dados já da primeira lactação.

Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão de bolsas de produtividade em pesquisa e de doutorado; à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão de bolsa de mestrado; ao Professor Ricardo Frederico Euclides, pelas sugestões e pelo incentivo durante a preparação do trabalho; e ao Professor Ignacy Misztal, pela disponibilização dos programas GIBBS1F90 e GIBBS3F90.

Referências

- BALIEIRO, E.S.; PEREIRA, J.C.C.; VERNEQUE, R.S.; BALIEIRO, J.C.C.; VALENTE, J. Estimativas de herdabilidade e correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente entre algumas características reprodutivas e produção de leite na raça Gir. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.55, p.85-91, 2003. DOI: 10.1590/S0102-09352003000100013.
- BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L.; SANTANA JUNIOR, M.L.; ROSA, G.J.M.; CARDOSO, V.L.; MACHADO, P.F.; ALBUQUERQUE, L.G. Bayesian analysis of random regression models using B-splines to model test-day milk yield of Holstein cattle in Brazil. *Livestock Science*, v.150, p.401-406, 2012. DOI: 10.1016/j.livsci.2012.09.010.
- COSTA, C.N.; COBUCCI, J.A.; MARQUES, A.; RIBAS NETO, P.G.; VALLOTO, A.A.; HORST, J.A.; MENDONÇA JÚNIOR, C.F. de; OLIVEIRA, F.O.F.; BRUNELI, F.Â.T.; PANETTO, J.C. do C.; CAMPOS, L. de S.; RIGON, J.L.; PEREIRA, V.H.M.; SILVA, M.V.G.B. da; MARTINS, M.F.; FREITAS, A.F. de. *Sumário nacional de touros da raça Holandesa – 2012*. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2012. 40p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 158).
- COSTA, C.N.; MELO, C.M.R. de; MACHADO, C.H.C.; FREITAS, A.F. de; PACKER, I.U.; COBUCCI, J. de A. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.34, p.1519-1530, 2005. DOI: 10.1590/S1516-35982005000500012.
- FREITAS, A.F. de; DURÃES, M.C.; VALENTE, J.; TEIXEIRA, N.M.; MARTINEZ, M.L.; MAGALHÃES JUNIOR, M.N.

- Parâmetros genéticos para produções de leite e gordura nas três primeiras lactações de vacas Holandesas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.709-713, 2001. DOI: 10.1590/S1516-35982001000300015.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERGER, J.O.; BERNARDO, J.M.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M. **Bayesian statistics**. Oxford: Oxford University, 1992. p.164-193.
- HERRERA, L.G.G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H.; MACHADO, C.H.C. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, p.1584-1594, 2008. DOI: 10.1590/S1516-35982008000900009.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENÇO, D.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; VITEZICA, Z. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Athens: University of Georgia, 2014. 125p.
- MRODE, R.A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. 2nd ed. Oxfordshire: CABI Publishing, 2005. 340p.
- OLIVEIRA, A.I.G. de; PEREIRA, I.G.; GONÇALVES, T. de M.; ARAÚJO, J.V. Período seco anterior e período de serviço sobre a produção de leite e gordura na raça Holandesa no Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.1016-1022, 1999. DOI: 10.1590/S1516-35981999000500016.
- PEIXOTO, M.G.C.D.; SANTOS, D.J. de A.; BORQUIS, R.R.A.; BRUNELI, F.Â.T.; PANETTO, J.C. do C.; TONHATI, H. Random regression models to estimate genetic parameters for milk production of Guzerat cows using orthogonal Legendre polynomials. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.49, p.372-383, 2014a. DOI: 10.1590/S0100-204X2014000500007.
- PEIXOTO, M.G.C.D.; SANTOS, G.G. dos; BRUNELI, F.Â.T.; PENNA, V.M.; VERNEQUE, R. da S.; PANETTO, J.C. do C.; MACHADO, C.H.C.; MACHADO, M.A.; LOBO, R.B.; CARVALHO, M.R.S. **Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite**: resultados do teste de progênie, do programa de melhoramento genético de zebrinos da ABCZ e do núcleo MOET. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2014b. 72p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 168).
- PEREIRA, R.J.; LOPEZ, P.S.; VERNEQUE, R. da S.; SANTANA JUNIOR, M.L.; LAGROTTA, M.R.; TORRES, R.A. Funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir leiteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.1303-1311, 2010. DOI: 10.1590/S0100-204X2010001100011.
- PEROTTO, D.; ABRAHÃO, J.J. dos S.; KROETZ, I.A. Intervalo de partos de fêmeas bovinas Nelore, Guzerá x Nelore, Red Angus x Nelore, Marchigiana x Nelore e Simental x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.733-741, 2006. DOI: 10.1590/S1516-35982006000300014.
- PROSPERI, C.P.; OLIVEIRA, A.I.G. de; GONÇALVES, T. de M.; VERNEQUE, R. da S.; MARTINEZ, M.L.; SILVA, A.R.P. da. Efeitos do período de serviço corrente e anterior e do período seco sobre a produção de leite de vacas da raça Gir. **Ciência e Agrotecnologia**, v.24, p.242-251, 2000.
- RAFTERY, A.E.; LEWIS, S. Comment: one long run with diagnostics: implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistical Science**, v.7, p.493-497, 1992. DOI: 10.1214/ss/1177011143.
- REKAYA, R.; CARBAÑO, M.J.; TORO, M.A. Use of test day yields for the genetic evaluation of production traits in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, v.57, p.203-217, 1999. DOI: 10.1016/S0301-6226(98)00181-X.
- SILVA, M.V.G.B.; MARTINS, M.F.; PAIVA, L. de C.; CEMBRANELLI, M. de A.R.; ARBEX, W.A.; SANTOS, K.C.L. dos; PANETTO, J.C. do C.; CARVALHO, B.C. de; ALVES, B.R.C. **Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando – sumário de touros – resultado do teste de progênie – julho/2014**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2014. 64p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 170).
- SMITH, B.J. **Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1 user's manual**. 2005. 43p. Disponível em: <<http://www.public-health.uiowa.edu/boa/boa.pdf>>. Acesso em: 5 mar. 2015.
- SORENSEN, D. **Gibbs sampling in quantitative genetics**. Tjele: Danish Institute of Animal Science, 1996. 192p.
- SORENSEN, D.; GIANOLA, D. **Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. New York: Springer-Verlag, 2002. 740p. (Statistics for Biology and Health).
- SPIEGELHALTER, D.J.; BEST, N.G.; CARLIN, B.P.; VAN DER LINDE, A. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology)**, v.64, p.583-616, 2002. DOI: 10.1111/1467-9868.00353.
- TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M. de. Alternatives for analysis of performance data and ranking of Charolais x Nelore crossbred bulls in performance tests. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.1483-1490, 2010. DOI: 10.1590/S1516-35982010000700013.
- VERNEQUE, R. da S.; PANETTO, J.C. do C.; TEIXEIRA, R.B.; PEIXOTO, M.G.C.D.; BRUNELI, F.Â.T.; SANTOS, G.G. dos; MACHADO, M.A.; MARTINS, M.F.; SILVA, M.V.G.B. da; ARBEX, W.A.; REIS, D.R. de L.; GERALDO, C.C.; MACHADO, C.H.C.; PEREIRA, M.A.; VERCESI FILHO, A.E.; MACIEL, R. da S.; FERNANDES, A.R. **Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro – sumário brasileiro de touros – resultado do teste de progênie – 5ª prova de pré-seleção de touros – Maio, 2014**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2014. 80p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 169).
- WENCESLAU, A.A.; LOPES, P.S.; TEODORO, R.L.; VERNEQUE, R. da S.; EUCLYDES, R.F.; FERREIRA, W.J.; SILVA, M. de A. e. Estimativa de parâmetros genéticos de medidas de conformação, produção de leite e idade ao primeiro parto em vacas da raça Gir leiteiro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.153-158, 2000. DOI: 10.1590/S1516-35982000000100021.