



Uso de modelos de regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa¹

Cláudio Vieira de Araújo², Robledo de Almeida Torres³, Claudio Napolis Costa⁴, Rodolpho de Almeida Torres Filho⁵, Simone Inoe Araújo², Paulo Sávio Lopes³, Adair José Regazzi³, Carmen Silva Pereira³, José Lindenberg Rocha Sarmiento⁵

¹ Pesquisa financiada com recursos do CNPq.

² Universidade Federal Rural da Amazônia, Belém, PA.

³ Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

⁴ Embrapa Gado de Leite, Coronel Pacheco, MG.

⁵ Pós-graduação da Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa, MG.

RESUMO - Registros de produção de leite de 68.523 controles leiteiros de 8.536 vacas da raça Holandesa, com parições nos anos de 1996 a 2001, foram utilizados na comparação entre modelos de regressão aleatória para estimação de componentes de variância. Os registros de controle leiteiro foram analisados como características múltiplas, considerando cada controle uma característica distinta. Os mesmos registros de controle leiteiro foram analisados como dados longitudinais, por meio de modelos de regressão aleatória, que diferiram entre si pela função utilizada para descrever a trajetória da curva de lactação dos animais. As funções utilizadas foram a exponencial de Wilmink, a função de Ali e Schaeffer e os polinômios de Legendre de segundo e quarto graus. A comparação entre modelos foi realizada com base nos seguintes critérios: estimativas de componentes de variância, obtidas no modelo multicausalístico e por regressão aleatória; valores da variância residual; e valores do logaritmo da função de verossimilhança. As estimativas de herdabilidade obtidas por meio dos modelos de características múltiplas variaram de 0,110 a 0,244. Para os modelos de regressão aleatória, esses valores oscilaram de 0,127 a 0,301, observando-se as maiores estimativas nos modelos com maior número de parâmetros. Verificou-se que os modelos de regressão aleatória que utilizaram os polinômios de Legendre descreveram melhor a variação genética da produção de leite.

Palavras-chave: avaliação genética, regressão aleatória, produção de leite

Random regressions models to describe the genetic variation of milk yield in Holstein breed

ABSTRACT - Data comprising 68,523 test day milk yield of 8,536 cows of the Holstein breed, calving from 1996 to 2001, were used to compare random regression models, for estimating variance components. Test day records (TD) were analyzed as multiple traits, considering each TD as a different trait. The test day records were analyzed as longitudinal traits by different random regression models regarding the function used to describe the trajectory of the lactation curve of the animals. The Wilmink's exponential function, the Ali and Schaeffer logarithmic function and the Legendre orthogonal polynomials of second and fourth order were used. The comparisons among the models were based on the following criteria: estimates of variance components of the multiple-trait model and random regressions models, values of residual variance and values of the logarithms of the likelihood functions. The heritability estimates obtained using the multiple-trait model varied from 0.110 to 0.244, for the random regression models the values ranged from 0.127 to 0.301, being the largest estimates observed in the models with larger number of parameters. The random regression models which used the Legendre polynomials was the model which better described the genetic variation of the milk yield.

Key Words: genetic evaluation, milk yield, random regression

Introdução

A produção de leite no dia do controle é definida como o somatório de todas as pesagens de leite de uma vaca, durante um período de 24 horas (Pander et al., 1992; Schaeffer & Jamrozik, 1996; Firat et al., 1997). Avaliações genéticas que consideram a produção no dia do controle têm provocado interesse nos

melhoristas, visto que, com esses modelos, além de se obter predição da produção total mais acurada, não é necessário estender a lactação por meio de fatores de ajustamento para animais que não atingiram 305 dias de lactação e há maior confiabilidade para as predições dos valores genéticos.

Outro método estatístico sob modelos que consideram a produção no dia de controle é o modelo de regressão

aleatória. Neste procedimento, são obtidos dois conjuntos de regressões da variável-resposta (produção de leite, no caso) em função do número de dias em lactação. O primeiro conjunto se refere ao ajuste da curva de lactação para vacas pertencentes à mesma subclasse de efeitos fixos, sendo, portanto, uma curva obtida por equação de regressão fixa. O outro conjunto de regressão é considerado aleatório, pois considera os desvios da curva de lactação do animal em relação à curva de lactação fixa para a subclasse a qual pertence.

A maior diferença entre esses Modelos de Regressão Aleatória (RRM) e os que consideram a produção no dia do controle está na inclusão de colunas de covariáveis nas matrizes de delineamento dos efeitos aleatórios, em substituição às colunas de zero e um. Assim, o sistema de equações se torna mais denso. Dessa forma, os modelos de regressão aleatória consideram que as variâncias podem ser alteradas com o tempo, além de permitirem a estimação de curvas de lactações individuais que consideram o parentesco entre os animais.

Jamrozik et al. (1997), utilizando registros de controles no dia do controle para a produção de leite em animais da raça Holandesa, compararam três modelos de regressão aleatória que diferiram entre si por meio da função utilizada para descrever a forma da lactação dos animais e verificaram que praticamente não houve diferenças entre os modelos. Pool & Meuwissen (1999) também realizaram comparações entre modelos de regressão aleatória que diferiram entre si por meio da função escolhida para descrever a lactação. Os autores utilizaram as funções exponencial de Wilmink (Wilmink, 1987) e a polinomial de Legendre, com ajuste dos polinômios variando de zero até o sétimo grau. O modelo polinomial com ajuste de polinômios de quinto grau foi considerado pelos autores aquele que proporcionou melhor ajuste com menor número de parâmetros.

Kettunen et al. (2000), por meio de registros de controles leiteiros na raça Ayrshire, compararam um modelo de regressão aleatória que utilizou a função de Ali e Schaeffer (Ali & Schaeffer, 1987) com modelos que utilizaram polinômios ortogonais de Legendre, com e sem ajuste de uma função de covariância para descrever o efeito de ambiente temporário. De modo geral, os resultados revelaram que os modelos de regressão aleatória superestimaram as estimativas de herdabilidade e, ainda, que o uso de uma estrutura de covariância para descrever o efeito de ambiente permanente proporcionou melhor precisão em separar causas de variação genéticas de causas não genéticas.

Diferentes modelos de regressão aleatória também foram comparados por Jakobsen et al. (2002), para estimação

de componentes de (co)variâncias. As funções empregadas para descrever as lactações foram a função polinomial de Legendre, a função de Wilmink modificada e a função proposta por Lidauer e Mantysaari (Lidauer & Mantysaari, 1999), a qual envolve termos polinomiais de Legendre com termos da função exponencial de Wilmink. O modelo polinomial de terceiro grau proporcionou melhores ajustes para a produção de leite e de proteína, enquanto a função proposta por Lidauer e Mantysaari descreveu melhor a função de (co)variância para a produção de gordura.

O objetivo neste estudo foi comparar diferentes modelos de regressão aleatória, com o intuito de se estudar a viabilidade da utilização destes modelos para a descrição da variabilidade genética presente na produção de leite de vacas da raça Holandesa no dia do controle.

Material e Métodos

O arquivo analisado possuía 68.523 registros de controles individuais de produção de leite no dia do controle, relativos às primeiras lactações de 8.536 vacas, filhas de 537 reprodutores, distribuídas em 266 rebanhos, com parições nos anos de 1996 a 2001, provenientes do Serviço de Controle Leiteiro da Associação dos Criadores de Gado Holandês de Minas Gerais.

As composições genéticas utilizadas neste estudo foram animais puros de origem (PO = 32.077 registros) e animais de composição genética igual ou superior a 31/32 Holandês (PC = puros por cruza; 36.446 registros). Os meses de parto das vacas foram agrupados em quatro estações, definidas como: estação 1, meses de janeiro a março; estação 2, de abril a junho; estação 3, de julho a setembro e estação 4, de outubro a dezembro. As idades da vaca ao parto foram agrupadas em quatro classes, definidas como: de 18 a 24 meses; de 25 a 26 meses; de 27 a 31 meses e de 32 a 48 meses.

Foi gerado também um arquivo de *pedigree*, utilizado em todas as análises, contendo a identificação de animal, pai e mãe, resultando em 17.664 indivíduos diferentes identificados na matriz de parentesco.

Os registros de produção de leite no dia do controle foram analisados para estimação dos componentes de (co) variância e de parâmetros genéticos em duas situações. Na primeira situação, consideraram-se os controles mensais de produção de leite como características distintas, sendo analisados por meio de um modelo de características múltiplas. Na segunda situação, os controles mensais de produção de leite foram considerados como medidas repetidas no animal, sendo empregados modelos de regressão aleatória. Neste caso, os modelos de regressão aleatória diferiram

entre si pela função utilizada para descrever a trajetória da lactação.

Para a análise de característica múltipla, foram realizadas várias análises combinando de três em três características (tricarater). O modelo utilizado na análise da produção de leite observada em cada um dos controles, considerados características distintas e analisados conjuntamente, é descrito como:

$$y = X\beta + Za + e, \text{ em que,}$$

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix}; X = \begin{bmatrix} X_1 & \phi & 0 \\ \phi & X_2 & \phi \\ \phi & \phi & X_3 \end{bmatrix}; \beta = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix}; Z = \begin{bmatrix} Z_1 & \phi & \phi \\ \phi & Z_2 & \phi \\ \phi & \phi & Z_3 \end{bmatrix}; a = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix}; e = \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

sendo y o vetor referente à observação da variável resposta; X , a matriz de incidência de efeitos fixos de rebanho-ano de parto, idade-estação de parto, composição genética de animal e covariável intervalo do parto ao controle, em dias; β , o vetor de efeitos fixos; Z , a matriz de incidência do efeito genético aleatório; a , e e e são os vetores de efeitos aleatórios genético aditivo e efeito residual, respectivamente. As pressuposições da distribuição dos vetores y , a , e e podem ser descritas como:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim N \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ \phi \\ \phi \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ' + R & ZG & R \\ GZ' & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que $G = A \otimes G_0$ e $R = I_n \otimes R_0$, sendo A a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco entre indivíduos, de ordem igual ao número de indivíduos; G_0 , a matriz de (co)variância genética aditiva entre as características; I_n , a matriz identidade, de ordem igual ao número total de observações (n); e R_0 , matriz de variância residual entre as características.

Os modelos de regressão aleatória utilizados consideraram os controles mensais de produção de leite como medidas longitudinais no animal. Os modelos empregados para a descrição das curvas de lactação por meio da obtenção dos coeficientes de regressão aleatória, relacionados tanto com a parte fixa quanto com a parte aleatória do modelo, diferiram entre si pelo uso de diferentes funções para descrever a trajetória das lactações. O modelo de regressão aleatória utilizado para obtenção das soluções fixas e aleatórias por meio da função de Wilmink (Wilmink, 1987) é descrito como:

$$y_{ijklmno} = RDC_i + GG_j + O_k + \sum_{m=0}^2 \beta_{(1)m} Z_{nom} + \sum_{m=0}^2 \alpha_{nm} Z_{nom} + \sum_{m=0}^2 \tau_{nm} Z_{nom} + e_{ijklmno}$$

em que $y_{ijklmno}$ = registro o , da vaca n , realizado no dia de produção m , na subclasse idade-estação de parto I ; RDC_i = efeito do rebanho-mês i em que o controle foi realizado; GG_j = efeito da composição genética j ; O = efeito do número de ordenhas diárias k ; $\beta_{(1)m}$ = coeficientes de regressão obtidos em cada classe de idade-estação de parto; α_{nm} e τ_{nm} = coeficientes de regressão aleatória, relacionados aos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente; Z_{no} = número de dias em lactação (DIL), descritos pela função de Wilmink como: $Z_{no} = [Z_{no0}, Z_{no1}, Z_{no2}] = [1, DIL, \exp((-0,05(DIL)))]$; e $e_{ijklmno}$ = erro aleatório associado à cada observação, $e_{ijklmno} \sim NID(0, \sigma_e^2)$. O modelo de regressão aleatória que empregou a função descrita por Ali e Schaeffer (Ali & Schaeffer, 1987) é semelhante ao modelo descrito. Porém, o termo Z_{no} refere-se ao número de dias em lactação (DIL), descritos pela função como: $Z_{no} = [Z_{no0}, Z_{no1}, Z_{no2}, Z_{no3}, Z_{no4}] = [1, DIL/305, (DIL/305)^2, \exp(DIL/305); (\exp(DIL/305))^2]$.

Os registros de produção no dia de controle de animais foram analisados por meio de modelos de regressão aleatória que utilizaram as funções polinomiais de Legendre. Os modelos diferiram entre si pela ordem de ajuste dos polinômios (k), que foram iguais à segunda e quarta ordens ($k=3$ e 5).

Os números de dias em lactação (DIL) foram padronizados entre -1 e 1 (DIMP) pela expressão apresentada por Kirkpatrick et al. (1990);

$$a_i^* = u + \frac{v - u}{a_{max} - a_{min}} (a_i - a_{min})$$

em que a_i^* é o número de dias em lactação padronizado; u e v são definidos como $u = -1$ e $v = 1$; a_{max} e a_{min} são o maior e o menor DIM mensurados, respectivamente.

O j -ésimo polinômio ortogonalizado de Legendre, P_j , é dado pela expressão:

$$\phi_j(a_i^*) = \frac{1}{2^j} \sqrt{\frac{2j+1}{2}} \sum_{m=0}^{[j/2]} (-1)^m \binom{j}{m} \binom{2j-2m}{j} a_i^{*j-2m}$$

em que $[j/2]$ indica que os valores da fração são arredondados para baixo, assumindo o valor inteiro mais próximo.

O modelo de regressão aleatória utilizado para obtenção das soluções fixas e aleatórias por meio da função polinomial de Legendre é similar aos outros dois modelos descritos anteriormente, substituindo o termo Z_{no} por ϕ_{no} , que se refere ao número de dias em lactação padronizados (DIMP),

descritos pela função polinomial de Legendre, variando da segunda à quarta ordens.

Resultados e Discussão

O número de observações, as médias, com os respectivos desvios-padrão, e os valores mínimos e máximos para a produção de leite podem ser observados na Tabela 1.

Na análise dos autovalores associados à matriz de correlações genéticas entre os controles leiteiros (Tabela 2), verificou-se que o primeiro autovalor foi responsável por 89,25% e que os dois primeiros autovalores responderam por 93% da variação genética total, indicando que, na análise de características múltiplas, a dimensionalidade do espaço paramétrico da análise poderia ser reduzida, sem perda de informação, fato que se confirma com os últimos autovalores, próximos de zero. Este resultado indica que, em grande parte, quando considerados características distintas, os controles explicam a mesma variação genética, causando uma situação de multicolineariedade na matriz de (co)variâncias genéticas, fato confirmado pelos autovalores negativos.

Estimativas de componentes de variâncias genética e residual, associadas a cada controle, provenientes das análises de características múltiplas, encontram-se na Tabela 3. As estimativas de variâncias genéticas aditivas aumentaram do início até a metade da lactação, permanecendo constante até o final. As estimativas de variâncias residuais permaneceram constantes ao longo da lactação, sugerindo que a seleção objetivando o incremento da produção de leite poderia ser mais eficiente a partir da segunda metade da lactação.

As estimativas de herdabilidade, de variância residual e os valores da função de verossimilhança obtidos em cada modelo de regressão aleatória e pelo modelo de características múltiplas são apresentados na Tabela 4. As estimativas de herdabilidades obtidas pelos modelos de

regressão aleatória foram próximas às obtidas pelo modelo de características múltiplas, principalmente na primeira metade da lactação. De modo geral, os modelos que empregaram os polinômios de Legendre, principalmente com as ordens de ajuste para o polinômio de segundo grau, se aproximaram melhor das estimativas de herdabilidade obtidas pelos modelos de características múltiplas. Comparando o modelo polinomial de segundo grau com o que empregou a função exponencial de Wilmink, ambos com três parâmetros, o modelo polinomial apresentou menor valor para a variância residual e, conseqüentemente, para o logaritmo da função de verossimilhança ($-2\ln(L)$). As estimativas de herdabilidades obtidas pelo modelo polinomial de quarto grau de Legendre, na primeira metade da lactação, foram mais próximas das obtidas pelo modelo multicaracterístico que as obtidas pelo modelo que utilizou a função de Ali e Schaeffer, sendo que, na segunda metade da lactação, as estimativas foram próximas entre ambos os modelos. No modelo polinomial de quarto grau, os valores da variância residual e de $-2\ln(L)$ foram menores, sendo, portanto, mais eficientes em isolar variação de origem não genética, refletindo em estimativas mais acuradas.

Comparações entre os modelos de regressão aleatória mostraram decréscimo da variância residual com o aumento do número de parâmetros na função, embora as estimativas de herdabilidades tenham sido próximas entre os diferentes modelos. Com base nas estimativas de herdabilidades obtidas pelos modelos de regressão aleatória em relação às obtidas pelo modelo de característica múltipla (Figura 1), pode-se afirmar que os modelos de regressão aleatória que utilizaram os polinômios ortogonais de Legendre apresentaram ajustes ligeiramente melhores em descrever a trajetória da lactação dos animais, quando comparados com os modelos que utilizaram as funções de Wilmink e de Ali e Schaeffer.

Os valores de herdabilidades para a produção de leite, estimados para os dias em lactação (DIL) 6, 30, 60,

Tabela 1 - Distribuição dos controles leiteiros (cl1 a cl10), número de observações (N), médias para a produção de leite (\bar{X}) e respectivos desvios-padrão (DP), valores mínimos e máximos para a produção de leite, em kg, em cada controle leiteiro

Table 1 - Distribution of the test day (cl1 a cl10), number of observations (N), means of milk yield, standard deviations (DP) and minimum and maximum values to milk yield in each test day

Controle Test day	N	Média (kg) Mean (kg)	DP (kg)	Mínimo (kg) Minimum (kg)	Máximo (kg) Maximum (kg)
cl1	8219	22,7	5,9	2,8	57,2
cl2	8354	25,1	6,2	4,4	53,0
cl3	8451	25,2	6,3	5,4	48,0
cl4	8045	24,9	6,5	3,0	52,0
cl5	7731	24,3	6,8	3,3	57,0
cl6	7466	23,5	6,8	2,4	62,8
cl7	7112	22,5	6,8	4,0	71,0
cl8	6426	21,6	6,8	2,6	78,6
cl9	4796	20,3	6,7	4,8	79,8
cl10	1923	19,4	6,6	4,4	69,4

Tabela 2 - Autovalores resultantes da matriz de correlações genéticas entre os controles leiteiros, provenientes da análise de características múltiplas

Table 2 - *Eighvalues obtained of genetic correlations matrix in multtrait model*

Autovalor <i>Eighvalue</i>	Valor <i>Value</i>	Contribuição de cada autovalor (%) <i>Contribution of each eighvalue (%)</i>	Contribuição acumulada (%) <i>Total contribution (%)</i>
1 ^o	9,112	89,255	89,255
2 ^o	0,392	3,840	93,094
3 ^o	0,257	2,517	95,612
4 ^o	0,164	1,606	97,218
5 ^o	0,146	1,430	98,648
6 ^o	0,113	1,107	99,755
7 ^o	0,025	0,245	100,000
8 ^o	-0,031*	-	-
9 ^o	-0,081*	-	-
10 ^o	-0,097*	-	-

* Valores negativos assumidos como zero.

* *Negative values were considered to zero.*

Tabela 3 - Estimativas de componentes de variância genética aditiva e residual para a produção de leite, associadas a cada controle

Table 3 - *Genetic additive and residual variance components to milk yields in each test day*

Controle <i>Test day</i>	Variância <i>Variance</i>	
	Genética aditiva (kg ²) <i>Additive genetic (kg²)</i>	Residual (kg ²) <i>Residual (kg²)</i>
c11	2,646	21,33
c12	4,041	20,85
c13	5,003	20,61
c14	5,749	21,17
c15	6,721	21,91
c16	6,294	22,22
c17	6,032	22,91
c18	6,900	21,85
c19	6,443	23,24
c110	6,927	21,44

90, 120, 150, 180, 210, 240, 270 e 305, por meio dos modelos de regressão aleatória, mostraram comportamento semelhante às estimativas obtidas para as idades médias dos controles leiteiros (Tabela 5). O modelo que empregou a função de Ali e Schaeffer, exceto aos seis dias em lactação, proporcionou maiores estimativas de herdabilidades ao longo de toda a lactação em relação aos demais modelos, seguido pelo modelo que empregou a função de Wilmink. Os modelos que utilizaram os polinômios de Legendre para o segundo e quarto graus apresentaram resultados semelhantes aos encontrados para as análises que envolveram os controles leiteiros.

As herdabilidades estimadas neste estudo foram bem próximas aos valores de 0,15 (DIL=6) a 0,31 (DIL=305) encontrados por Cobuci (2002), que utilizou um modelo de regressão aleatória empregando a função exponencial de Wilmink para descrever a curva de lactação. Maiores valores

estimados de herdabilidade, principalmente no início da lactação, foram obtidos por Kettunen et al. (2000), que utilizaram um modelo polinomial com a ordem de ajuste dos polinômios de terceiro grau. Os autores encontraram a maior estimativa (0,36) para DIL igual a 5, a menor estimativa (0,24) para DIL igual a 85 e estimativa de 0,28 para DIL igual a 305. Valores altos de estimativas de herdabilidade foram observados por Jamrozik & Schaeffer (1997), com maior valor observado no início da lactação (DIL=5) e com valores variando de 0,40 (DIL=10 e 15) até 0,48 (DIL=305). Costa et al. (2002), no Brasil, também observaram altas estimativas de herdabilidades no início da lactação (valores próximos a 0,74) de animais da raça Gir, por meio de modelos de regressão aleatória que utilizaram as funções de Ali e Schaeffer e a função exponencial de Wilmink, com decréscimo das estimativas no final da lactação (valores próximos de 0,20). Por outro lado, Strabel & Misztal (1999), utilizando os polinômios de Legendre, encontraram estimativas de herdabilidades variando entre 0,11 e 0,16. Os autores atribuíram os baixos valores das estimativas à baixa produtividade dos animais avaliados. Estimativas de herdabilidade encontradas por Brotherstone et al. (2000) foram iguais a 0,13, 0,08 e 0,06, no início da lactação (DIL=7), e a 0,20, 0,18 e 0,25, no final da lactação (DIL=315), para modelos que empregaram a função polinomial de Legendre com ordens de segundo, terceiro e quarto graus, respectivamente. Para os modelos que empregaram as funções paramétricas de Wilmink e de Ali e Schaeffer, os valores foram iguais a 0,10 e 0,26 (DIL=7) e 0,24 e 0,27 (DIL=315), respectivamente.

Nos modelos de regressão aleatória, independentemente da função utilizada para descrever a estrutura de covariância genética, as estimativas de herdabilidade foram próximas aos valores obtidos pela análise de características múltiplas. As estimativas dos valores de correlações genéticas no modelo

Tabela 4 - Estimativas de herdabilidade, de variância residual ($V(e)$) e valores do logaritmo da função de verossimilhança ($-2\ln(L)$), obtidos em cada modelo de regressão aleatória e pelo modelo de características múltiplas (Mult) para a produção de leite, em kg, em cada controle

Table 4 - Heritability estimates, residual variance ($V(e)$) and logarithmic of likelihood ($-2\ln(L)$), obtained in each random regression models and multitrait model (Mult) to milk yield, in each test day

Controle Test day	PL2	PL4	WIL	AS	Mult.
c11	0,135	0,128	0,153	0,156	0,110
c12	0,163	0,158	0,186	0,218	0,162
c13	0,188	0,185	0,212	0,221	0,195
c14	0,209	0,227	0,236	0,241	0,214
c15	0,233	0,257	0,258	0,266	0,235
c16	0,261	0,276	0,276	0,281	0,221
c17	0,285	0,283	0,288	0,284	0,206
c18	0,290	0,281	0,295	0,280	0,240
c19	0,266	0,292	0,297	0,282	0,217
c110	0,228	0,301	0,297	0,293	0,244
$V(e)$	7,056	5,775	7,436	6,390	-
$-2\ln(L)$	240.475	237.027	240.533	237.485	-

PL2; PL4; WIL, AS e Mult.: modelos de regressão aleatória que utilizaram os polinômios de Legendre, com ordens de ajuste dos polinômios iguais ao segundo e quarto graus; função de Wilink, função de Ali e Schaeffer e multicaracterístico, respectivamente.

PL2, PL4, WIL, AS and Mult.: random regression models using Legendre polynomial of second and fourth degrees, Wilink functions (WILL), Ali and Schaeffer functions and multitrait model, respectively.

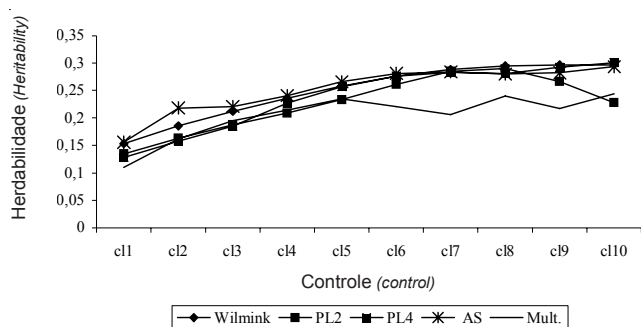


Figura 1 - Estimativas de herdabilidade obtidas em cada modelo de regressão aleatória e por meio de análise de características múltiplas (PL2 e PL4 = Polinômios de Legendre de segundo e quarto graus, respectivamente; AS = Ali e Schaeffer; Mult. = Multicaracterístico).

Figure 1 - Heritability estimates obtained in each random regression model and also multitrait model (PL2, PL4 = Legendre polinimials of the second and fourth degrees, respectively; AS = Ali and Schaeffer; Mult. = Multitrait).

de características múltiplas foram todas altas, variando de 0,778 a 0,999. Nestes modelos, nenhuma pressuposição é necessária em relação à estrutura da matriz de (co)variância entre medidas tomadas no mesmo indivíduo. Ao considerar o modelo de regressão aleatória, as estimativas de correlações genéticas entre os controles foram maiores à medida que os controles foram eram mais próximos no tempo, revelando a importância de se modelar a estrutura de correlação entre os controles de produções de leite na mesma lactação.

Tabela 5 - Estimativas de herdabilidade para a produção de leite, nos dias em lactação (DIL) 6, 30, 60, 90, 120, 150, 180, 210, 240, 270 e 305, por meio dos modelos de regressão aleatória que utilizaram os polinômios de Legendre (PL2 e PL4), função de Wilink (WIL) e função de Ali e Schaeffer (AS)

Table 5 - Heritability estimates to milk yield days in milk (DIL) 6, 30, 60, 90, 120, 150, 180, 210, 240, 270, and 305, using random regression with Legendre polinomial (PL2 and PL4), Wilink functions (WIL) and Ali and Schaeffer functions

DIL	PL2	PL4	WILL	AS
6	0,135	0,122	0,172	0,117
30	0,154	0,145	0,159	0,267
60	0,176	0,157	0,191	0,316
90	0,195	0,187	0,214	0,328
120	0,214	0,219	0,236	0,332
150	0,234	0,242	0,257	0,334
180	0,256	0,258	0,274	0,334
210	0,279	0,267	0,287	0,333
240	0,291	0,266	0,297	0,330
270	0,281	0,269	0,297	0,326
305	0,229	0,287	0,296	0,320

Ao considerar a produção de leite no dia de controle como uma característica contínua, é possível descrever as (co)variâncias e estimar os parâmetros genéticos em qualquer ponto nesta trajetória. Os modelos que utilizaram os polinomiais de Legendre para descrever as funções de (co)variâncias proporcionaram melhores valores para o logaritmo da função de verossimilhança ($-2\ln(L)$) que aqueles que utilizaram funções paramétricas com o mesmo número de termos na função.

Conclusões

Os modelos de regressão aleatória foram eficientes em descrever a variação genética da produção de leite. Os modelos que empregaram a função polinomial de Legendre foram ligeiramente mais eficientes em descrever esta variação, minimizando a variância residual, que os modelos com outras funções estudadas de igual número de parâmetros.

Literatura Citada

- ALI, T.E.; SCHAEFFER, L.R. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. **Canadian Journal Animal Science**, v.67, n.3, p.637-644, 1987.
- BROTHSTONE, S.; WHITE, I.M.S.; MEYER, K. Genetic modeling of daily milk yield using orthogonal polynomials and parametric curves. **Animal Science**, v.70, p.407-415, 2000.
- COBUCI, J.A. **Uso de modelos de regressão aleatória na avaliação da persistência na lactação de animais da raça Holandesa**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2002. 99p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, MG, 2002.
- COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; MACHADO, C.H.C. et al. Avaliação de funções polinomiais para ajuste da produção no dia de controle de primeiras lactações de vacas Gir com modelos de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002. (CD-ROM)
- FIRAT, M.Z.; THEOBALD, C.M.; THOMPSON, R. Univariate analysis of test day milk yields of British Holstein - Friesian Heifers using Gibbs Sampling. **Acta Agriculture Scandinave**, v.47, n.4, p.213-220, 1997.
- JAKOBSEN, J.H.; MADESEN, P.; JENSEN, J. et al. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holstein estimated in random regression models using REML. **Journal of Dairy Science**, v.85, n.6, p.1606-1616, 2002.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation Holstein. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.4, p.762-770, 1997.
- JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G.J.; DEKKERS, J.C.M. et al. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.8, p.2550-2556, 1997.
- KETTUNEN, A.; MÄNTYSAARI, E.A.; POSO, J. Estimation of genetic parameters daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression "test-day" models. **Livestock Production Science**, v.66, p.251-261, 2000.
- KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.24, n.3, p.979-993, 1990.
- LIDAUER, M.; MANTYSAARI, E.A. Multiple trait reduced rank random regression "test-day" model for production traits. Proceeding International Workshop on Genetic Improvement of Functional Traits in Cattle. **Interbull Bull**, v.22, p.74-80, 1999.
- PANDER, B.L.; HILL, W.G.; THOMPSON, R. Genetic parameters of test day records of British Holstein-Friesian heifers. **Animal Production Science**, v.55, n.1, p.11-21, 1992.
- POOL, M.H.; MEUWISSEN, T.H.E. Prediction of daily milk yields from a limited number of test days using test day model **Journal of Dairy Science**, v.82, n.7, p.1555-1564, 1999.
- SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, J. Multiple-trait prediction of lactation yields for dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v.79, n.11, p.2044-2055, 1996.
- 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**, v.82, n.12, p.2805-2810, 1999.
- WILMINK, J.B.M. Efficiency of selection for different cumulative milk, fat and protein yields in first lactation. **Livestock Production Science**, v.17, n.3, p.211-224, 1987.

Recebido: 07/06/04
Aprovado: 14/06/05