



## Uso de funções ortogonais para descrever a produção de leite no dia de controle por meio de modelos de regressão aleatória<sup>1</sup>

Cláudio Vieira de Araújo<sup>2</sup>, Robledo de Almeida Torres<sup>3</sup>, Claudio Napolis Costa<sup>4</sup>, Rodolpho de Almeida Torres Filho<sup>5</sup>, Simone Inoe Araújo<sup>2</sup>, Paulo Sávio Lopes<sup>3</sup>, Adair José Regazzi<sup>3</sup>, Carmen Silva Pereira<sup>3</sup>, Jaime Araújo Cobuci<sup>6</sup>, José Lindenberg Rocha Sarmiento<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Pesquisa financiada com recursos do CNPq.

<sup>2</sup> Universidade Federal Rural da Amazônia, Belém, PA.

<sup>3</sup> Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

<sup>4</sup> Embrapa Gado de Leite, Coronel Pacheco, MG.

<sup>5</sup> Pós-graduação da Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa, MG.

<sup>6</sup> Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS.

**RESUMO** - Registros de produção de leite de 68.523 controles leiteiros de 8.536 vacas da raça Holandesa, filhas de 537 reprodutores, distribuídas em 266 rebanhos, com parições nos anos de 1996 a 2001, foram utilizados na comparação de modelos de regressão aleatória, para estimação de componentes de variância. Os modelos de regressão aleatória diferiram entre si pelo grau do polinômio de Legendre utilizado para descrever a trajetória da curva de lactação dos animais. Os modelos incluíram os efeitos rebanho-mês-ano do controle, composição genética dos animais, frequência de ordenhas diárias, regressão polinomial em cada classe de idade-estação de parto para descrever a parte fixa da lactação e regressão polinomial aleatória relacionadas aos efeitos genético direto e de ambiente permanente. As estimativas de herdabilidade obtidas oscilaram de 0,122 a 0,291. Verificou-se que o modelo de regressão aleatória que utilizou a maior ordem para os polinômios de Legendre descreveu melhor a variação genética da produção de leite, de acordo com o critério de Akaike.

Palavras chaves: herdabilidade, parâmetros genéticos

## Genetic modelling of daily milk yield using orthogonal polynomials in random regression

**ABSTRACT** - Data comprising 68,523 test day milk yield of 8,536 cows of the Holstein breed, daughters of 537 sires, distributed in 266 herds, calving from 1996 to 2001, were used to compare random regression models, for estimating variance. Test day records (TD) were analyzed by different random regression models regarding the function used to describe the trajectory of the lactation curve of the animals. Legendre orthogonal polynomials function of second, third and fourth order were used. The random regression models included the effects of herd-month-year of the control, genetic group of the animals; the frequency of the daily milk; regression coefficients for each class of age-season (in order to describe the fixed part of the lactation curve) and random regression coefficients related to the direct genetic and the permanent environmental effects. The heritability estimates obtained using the random regression models ranged from 0.122 to 0.291. The random regression model which used the fourth order Legendre polynomials was the model which better described the genetic variation of the milk yield, according to AIC test.

Key Words: genetic parameters, heritability

### Introdução

O modelo de regressão aleatória foi inicialmente sugerido por Henderson Jr. (1982), mas foram Ptack & Schaeffer (1993) que o utilizaram inicialmente para a avaliação genética da produção no dia de controle. Nesse procedimento, são obtidos dois conjuntos de regressão das produções no estágio de lactação: o primeiro se refere ao ajuste da curva de lactação para vacas pertencentes à mesma subclasse de efeitos fixos, sendo, portanto, uma curva obtida por uma 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 à qual pertence o animal.

Modelos de regressão aleatória têm sido amplamente utilizados (Jamrozik & Schaeffer, 1997; Jamrozik et al., 1997; Kettunen et al., 2000; Van der Werf et al., 1998; Veerkamp & Thompson, 1999; Meyer, 2000) para a análise de dados longitudinais em melhoramento genético animal, pois podem descrever quase que a totalidade da variação da característica, com menor necessidade de número de parâmetros a serem estimados quando comparados aos modelos multicausais.

Comparações entre modelos de regressão aleatória foram realizadas por Pool & Meuwissen (1999). As comparações foram feitas com base na escolha da função para descrever a trajetória da lactação dos animais, utilizando-se a função polinomial de Legendre. O modelo polinomial com ajuste de polinômios de quinto grau, segundo os autores, foi o que proporcionou melhor ajuste com menor número de parâmetros. Utilizando modelos de regressão aleatória, Pool et al. (2000) estimaram e compararam parâmetros genéticos obtidos por meio de modelos que empregam os polinômios de Legendre com a ordem de ajuste de zero até quinto grau com o objetivo de determinar a ordem do polinômio necessária para descrever a trajetória de lactação de cada animal. Os autores concluíram que o modelo de regressão aleatória com a ordem do polinômio de quarto grau foi suficiente para descrever as variações genética e ambiental das curvas de lactação. Modelos de regressão aleatória foram utilizados por Olori et al. (1999), para obtenção de componentes de variância em controles semanais em vacas da raça Holandesa. Os autores utilizaram a função polinomial de Legendre variando a ordem do 2º até 4º grau. Os valores da função de verossimilhança elevaram-se com o aumento da ordem de ajuste do polinômio, entretanto, somente os três primeiros autovalores da matriz de coeficientes da (co)variância genética aditiva foram maiores que zero em todos os modelos.

Strabel & Misztal (1999) analisaram produções de leite, gordura e proteína em controles leiteiros de primeira e segunda lactações em rebanhos leiteiros poloneses. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram obtidos separadamente em cada lactação, sendo posteriormente analisadas, simultaneamente, ambas as lactações como características distintas. Em todos os modelos, foi empregada a função polinomial de Legendre com ordem de ajuste até segundo grau. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,11 a 0,16 e de 0,11 a 0,22, para a primeira e segunda lactações, respectivamente. As correlações genéticas entre os controles na primeira e segunda lactações foram próximas à unidade.

O objetivo neste estudo foi comparar modelos de regressão aleatória que diferiram entre si por meio da ordem do polinômio de Legendre utilizado para descrever as variações genética e de ambiente permanente da produção de leite.

## Material e Métodos

Os dados utilizados são provenientes de controles individuais de produção de leite no dia do controle, coletados mensalmente pelo Serviço de Controle Leiteiro da Associação dos Criadores de Gado Holandês de Minas

Gerais. Os dados foram editados considerando-se somente os dez primeiros controles da primeira lactação de cada animal. Foram formadas classes de rebanho e mês de controle. O arquivo analisado apresentou 68.523 registros de controles individuais de produção de leite no dia do controle, provenientes de primeiras lactações pertencentes a 8.536 vacas, filhas de 537 reprodutores, distribuídas em 266 rebanhos, com parições nos anos de 1996 a 2001.

As composições genéticas utilizadas neste estudo foram: animais puros de origem (PO) e animais de composição genética igual ou superior a 31/32 (PC = puros por cruz) Holandês. Os meses de parto das vacas foram agrupados em quatro estações, definidas como: estação 1 (janeiro a março), estação 2 (abril a junho), estação 3 (julho a setembro) e estação 4 (outubro a dezembro). As idades da vaca ao parto foram agrupadas em quatro classes e distribuídas dentro das estações de parto, conforme apresentado na Tabela 1.

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.

Registros de produção dos animais no dia do controle foram analisados por meio de modelos de regressão aleatória, utilizando-se as funções polinomiais de Legendre. Os modelos diferiram entre si pela ordem de ajuste dos polinômios ( $k$ ), que variaram de 2ª a 4ª ordens ( $k = 3, 4$  e  $5$ ).

Os dias em lactação (DIM) foram padronizados entre -1 e 1 (DIMP) pela expressão apresentada em 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; e  $u$  e  $v$  são definidos como  $u = -1$  e  $v = 1$ ;  $a_{\max.}$  e  $a_{\min.}$  são o maior e menor DIM mensurado, 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 descrito como:

$$y_{ijklmno} = RDC_i + GG_j + O_r + \sum_{m=0}^k \beta_{(1)m} \phi_{nom} + \sum_{m=0}^k \alpha_{nm} \phi_{nom} + \sum_{m=0}^k \tau_{nm} \phi_{nom} + e_{ijklmno}$$

em que  $y_{ijklmno}$  = produção de leite  $o$ , da vaca  $n$ , realizado no dia em produção  $m$ , na subclasse idade-estação de parto  $l$ ;  $RDC_i$  = efeito do rebanho-mês-ano em que o

Tabela 1 - Número de observações (N), médias observadas e desvios-padrão (DP) da produção de leite, em kg, de acordo com as classes de idade-estação de parto

Table 1 - Number of records (N), averages and standard deviations for milk yield by age-season of parity class

Classe de idade (meses)	Estação de parto							
	Season of parity							
	1		2		3		4	
Age-class (months)	N	$\bar{X} \pm DP$	N	$\bar{X} \pm DP$	N	$\bar{X} \pm DP$	N	$\bar{X} \pm DP$
18 - 24	3358	23,10 6,27	5030	23,43 6,34	3913	22,96 6,57	1761	21,97 6,06
25 - 26	3667	24,15 6,30	5568	24,11 6,51	5065	23,43 6,70	2277	23,78 6,25
27 - 31	6943	23,89 6,49	6393	23,87 6,57	7330	23,44 6,85	4928	22,96 6,20
32 a 48	3213	23,64 7,34	4269	23,66 7,49	2727	22,04 7,76	2081	21,94 7,17

controle foi realizado  $i$ ;  $GG_j$  = efeito da composição genética  $j$ ;  $O$  = efeito do número de ordenhas diárias  $r$ ;  $\beta_{(i)m}$  = coeficientes de regressão obtidos em cada classe de idade-estação de parto,  $\alpha_{nm}$  e  $\tau_{nm}$  = coeficientes de regressão aleatória, relacionados com os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente;  $\phi_{nom}$  = número de dias em lactação padronizados (DIMP), descritos pela função polinomial de Legendre, variando de segunda a quarta ordens e  $e_{ijklmno}$  = erro aleatório associado a cada observação,  $e_{ijklmno} \sim NID(0, \sigma_e^2)$ .

Em notação matricial e de forma generalizada, todos os modelos de regressão aleatória utilizados podem ser descritos como:

$$y = X\beta + Za + Wp + e$$

em que  $y$  é o vetor referente a  $n$  observações de produção de leite em cada controle;  $X$ , a matriz de incidência de efeitos fixos de rebanho-mês-ano do controle, composição genética de animal, número de ordenhas e covariáveis que descrevem o número de dias em lactação para cada classe de idade-estação de parto;  $\beta$ , o vetor de efeitos fixos no dia de controle;  $Z$  e  $W$ , as matrizes de covariáveis referentes ao número de dias em lactação, relacionadas, respectivamente, aos efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente;  $a$ ,  $p$  e  $e$ , os vetores de efeitos aleatórios genético aditivo, de ambiente permanente e residual, respectivamente. As pressuposições da distribuição dos vetores  $a$ ,  $p$  e  $e$  podem ser descritas como:

$$\begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim N(0, V) \text{ com } V = \begin{bmatrix} A \otimes Ka & 0 & 0 \\ 0 & I \otimes Kp & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que  $A$  é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco entre indivíduos, de ordem igual ao número de indivíduos;  $Ka$  e  $Kp$  são as matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente;  $I$  é a

matriz identidade de ordem igual ao número total de observações e  $R = I \cdot \sigma_e^2$ , em que  $\sigma_e^2$  é a variância residual associada a cada observação, assumida como constante ao longo da trajetória, ou seja, variâncias residuais homogêneas.

Os modelos foram comparados por meio do Critério de Informação de Akaike (Akaike, 1973). O Critério de Informação de Akaike (AIC) é expresso como:  $AIC = 2 \log L + 2p$ , em que  $L$  é o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita e  $p$ , o número de parâmetros estimados. Esse critério foi proposto para seleção, dentro de um conjunto de modelos, daquele com o melhor ajuste. O melhor modelo é aquele que apresenta o menor valor de AIC.

Os componentes de (co)variâncias foram obtidos por meio das expressões:

$$\hat{\sigma}_{ij}^2 = Z_i' K a Z_i \text{ e } \hat{\sigma}_{ij} = Z_i' K a Z_j$$

em que  $\hat{\sigma}_{ij}^2$  é o estimador da variância genética aditiva para a produção de leite no dia do controle  $i$  (DIM);  $\hat{\sigma}_{ij}$ , o estimador de covariância entre as produções de leite nos controles  $i$  e  $j$ ;  $Ka$ , a matriz de coeficientes de regressão aleatória do efeito genético aditivo;  $Z_i'$  e  $Z_j$  os vetores referentes às covariáveis utilizadas no modelo de regressão aleatória para descrever a trajetória da lactação nos dias em lactação  $i$  e  $j$ , respectivamente, sendo  $Z_i = \phi$ , para os polinômios de Legendre e  $\phi = M\Lambda$ , em que  $M$  é a matriz de dias em lactação padronizada entre 1 e -1 (DIMP) e  $\Lambda$ , a matriz referente aos  $k$ -ésimos coeficientes dos polinômios de Legendre.

Foram obtidos os autovalores da matriz de coeficientes de regressão aleatória referentes ao efeito genético aditivo e cada autovalor foi expresso em termos de porcentagem da soma de todos os autovalores para determinar sua importância na explicação da variação genética total.

Posteriormente, por meio dos autovalores, estudou-se o padrão de variação genética por meio de autofunções. Uma autofunção é obtida como:  $EF = \Lambda EVEC(G)$ , em que  $EF$  é a autofunção;  $\Lambda$  é a matriz referente aos coeficientes dos polinômios de Legendre e  $EVEC(G)$ , a matriz correspondente aos autovetores da matriz de coeficientes de regressão aleatória do efeito genético aditivo.

Os componentes de (co)variâncias foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando-se o programa REMLF90 (Misztal, 1999), para o sistema operacional LINUX.

## Resultados e Discussão

O número de observações, as médias e os respectivos desvios-padrão para o número de dias em produção e para a produção de leite são apresentados na Tabela 2.

Os coeficientes de regressão aleatória estimados pelos modelos que utilizaram os polinômios ortogonais de Legendre para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente são apresentados na Tabela 3. Os valores de correlação entre os coeficientes de regressão aleatória para a variância genética aditiva indicam associação positiva entre intercepto ( $a_0$ ) e os demais coeficientes, exceto para o coeficiente quadrático. Os componentes linear ( $a_1$ ) e quadrático ( $a_2$ ) correlacionaram-se de forma negativa, variando de -0,50 a -0,68. Esses resultados revelam que animais de maior produção de leite no início da lactação apresentaram maior produção no pico da lactação, com quedas mais acentuadas da produção de leite após atingir o pico. Menores valores de correlação entre os coeficientes de regressão aleatória para diversas ordens de ajuste dos polinômios foram verificados por Pool et al. (2000) para polinômios de quarto grau. Kettunen et al. (2000), ao ajustarem polinômio de quarto grau, encontraram correlações genéticas maiores que zero entre o 1<sup>o</sup> e 2<sup>o</sup> parâmetros (0,10), entre o 2<sup>o</sup> e 4<sup>o</sup> parâmetros (0,10) e entre o 3<sup>o</sup> e 4<sup>o</sup> parâmetros (0,03), sendo que as demais correlações foram negativas, variando de -0,02 a -0,86.

As estimativas de herdabilidade da produção de leite para os dias em lactação (DIM) e os valores para a variância residual e para o critério de informação de Akaike, são apresentados na Tabela 4. As herdabilidades estimadas neste estudo foram bem próximas dos valores de 0,15 (DIM=6) a 0,31 (DIM=305) encontrados por Cobuci (2002), que utilizou um modelo de regressão aleatória com a função exponencial de Wilmink para descrever a curva de lactação. Maiores estimativas de herdabilidades, principalmente no início da lactação, foram obtidos por Kettunen et al. (2000), que utilizaram um modelo polinomial de terceiro grau e encontraram a maior estimativa (0,36) para 5<sup>o</sup> DIM e a menor (0,24) para 85<sup>o</sup> DIM. Maiores estimativas foram observadas por Jamrozik & Schaeffer (1997), com valores variando de 0,40 a 0,48, com maior estimativa encontrada no início da lactação. 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). Também no Brasil, El Faro et al. (1999) encontraram estimativas de herdabilidade variando de 0,28 a 0,55 para a produção de leite de animais da raça Caracu, com maiores estimativas no final da lactação. Por outro lado, Strabel & Misztal (1999), utilizando os polinômios de Legendre, encontraram menores estimativas de herdabilidade de 0,11 a 0,16. Estimativas de herdabilidade encontradas por Brotherstone et al. (2000) foram iguais a 0,13; 0,08; 0,06, no início da lactação e de 0,20; 0,18; 0,25 no final da lactação, para modelos que usaram a função polinomial de Legendre 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; 0,26 (DIM=7) e 0,24; 0,27 (DIM=315), respectivamente.

Ao analisar os resultados do teste da razão de verossimilhança e do Critério de Informação de Akaike, verifica-se que os modelos diferem entre si no ajuste da função de verossimilhança. O modelo polinomial de quarto grau ajustou-se melhor aos dados, fornecendo menor estimativa de variância residual e, conseqüentemente, estimativas mais acuradas de parâmetros genéticos.

As estimativas de componentes de variância referentes à produção de leite, para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente para os dias em produção (DIM) obtidos pelos modelos de regressão aleatória demonstraram

Tabela 2 - Número de observações (N), médias ( $\bar{X}$ ) e desvios-padrão (DP) para o número de dias em lactação e produção de leite de primeiras lactações de vacas da raça Holandesa

Table 2 - Number of records (N) by test day, average ( $\bar{X}$ ) and standard deviation (DP) for milk yields in first lactations of cows of Holstein breed

Controle Test day	N	Dias em lactação Days in milk		Produção de leite Milk yield	
		$\bar{X}$	DP	$\bar{X}$	DP
C11	8219	23	10,2	22,7	5,9
C12	8354	55	12,3	25,1	6,2
C13	8451	87	14,2	25,2	6,3
C14	8045	119	15,9	24,9	6,5
C15	7731	152	17,7	24,3	6,8
C16	7466	184	19,3	23,5	6,8
C17	7112	215	20,4	22,5	6,8
C18	6426	246	19,9	21,6	6,8
C19	4796	271	15,2	20,3	6,7
C110	1923	291	9,3	19,4	6,6

Tabela 3 - Estimativas de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória (diagonal e acima da diagonal) e estimativas de correlações entre os coeficientes (abaixo da diagonal), estimados para os efeitos genético aditivo (G) e de ambiente permanente (P), para os polinômios de segundo (k= 3), terceiro (k=4) e quarto grau (k=5)

Table 3 - (Co)variance between random regressions estimates (diagonal and upper), genetic correlations (below) for additive genetic (G), permanent environmental effect (P) to polynomials of second (k=3), third (k=4) and fourth (k=5) orders

Grau do polinômio				a0	a1	a2			
Polynomial degree									
k=3	G	a0		11,3400	2,0240	-0,6339			
		a1		0,5542	1,1760	-0,2839			
		a2		-0,4888	-0,6798	0,1483			
	P	p0		19,8500	0,5656	-1,8090			
		p1		0,0563	5,0740	0,2304			
		p2		-0,2428	0,0611	2,7970			
k=4	G	a0		11,5400	1,9430	-0,8589	0,4658		
		a1		0,5566	1,0560	-0,3071	0,0510		
		a2		-0,4632	-0,5475	0,2979	-0,0306		
		a3		0,2706	0,0980	-0,1106	0,2567		
	P	p0		19,6600	0,4257	-1,7360	-0,1279		
		p1		0,0433	4,9220	0,1162	-0,4537		
		p2		-0,2426	0,0324	2,6050	0,1101		
		p3		-0,0275	-0,1949	0,0650	1,1000		
	k=5	G	a0		11,4700	2,0650	-0,8012	0,1742	0,0524
			a1		0,5743	1,1270	-0,2882	0,0681	0,0241
			a2		-0,4388	-0,5035	0,2907	0,0081	0,0171
			a3		0,2500	0,3118	0,0725	0,0423	0,0162
a4			0,1768	0,2594	0,3638	0,9002	0,0077		
P		p0		19,7100	0,2863	-1,9120	0,0771	-0,6605	
		p1		0,0290	4,9380	0,1094	-0,4818	-0,1979	
		p2		-0,2735	0,0312	2,4790	0,0252	-0,3640	
	p3		0,0157	-0,1964	0,0145	1,2190	-0,1893		
p4		-0,1935	-0,1158	-0,3006	-0,2229	0,5913			

padrão semelhante para todas as ordens de ajuste (Figuras 1, 2 e 3), verificando-se menor variabilidade genética no início da lactação com aumento no decorrer da lactação. Menor variância genética no início da lactação também foi observada por Rekaya et al. (1999) e Kettunen et al. (2000).

O efeito aleatório de ambiente permanente apresentou maior variabilidade no início e no final da lactação, demonstrando que esta variância não é constante ao longo da trajetória da lactação. Assim ao ajustar uma função de covariância para este efeito, é possível separar mais eficientemente a variação de fatores genéticos de não genéticos, refletindo em estimativas de herdabilidades mais acuradas. Kettunen et al. (2000) e Cobuci (2002) verificaram estimativas de herdabilidades altas em toda a lactação, ao considerarem esta variância constante. Jamrozik et al. (1997) verificaram menores estimativas de herdabilidade quando o efeito

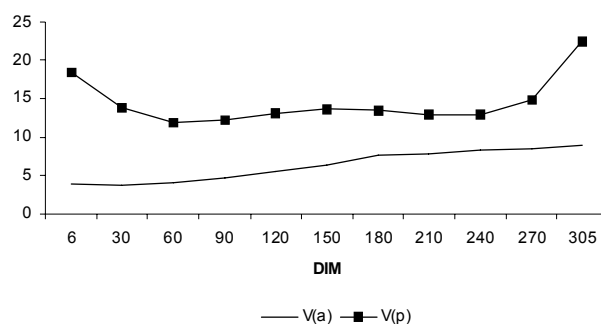


Figura 1 - Estimativas de componentes de variância para os efeitos genético aditivo (V(a)) e de ambiente permanente (V(p)), utilizando-se a segunda ordem para ajuste dos polinômios (k=3).

Figura 1 - Variance components estimates for additive genetic (V(a)) and permanent environmental effect (V(p)), obtained with a second degree Legendre polynomial (k=3).

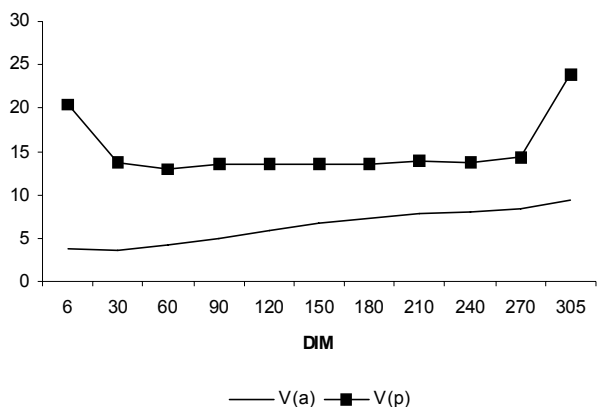


Figura 2 - Estimativas de componentes de variância para os efeitos genético aditivo ( $V(a)$ ) e de ambiente permanente ( $V(p)$ ), utilizando-se a terceira ordem para ajuste dos polinômios ( $k=4$ ).

Figure 2 - Variance components estimates for additive genetic ( $V(a)$ ) and permanent environmental effect ( $V(p)$ ), obtained with a third degree Legendre polynomial ( $k = 4$ ).

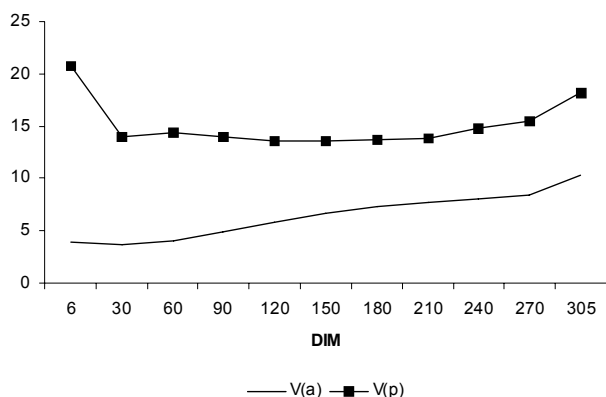


Figura 3 - Estimativas de componentes de variância para os efeitos genético aditivo ( $V(a)$ ) e de ambiente permanente ( $V(p)$ ), com a quarta ordem para ajuste dos polinômios ( $k=5$ ).

Figure 3 - Variance components estimates for additive genetic ( $V(a)$ ) and permanent environmental effect ( $V(p)$ ), obtained with a fourth degree Legendre polynomial ( $k=5$ ).

de ambiente permanente foi descrito por uma função de (co)variância no modelo estatístico.

Ao comparar os resultados das estimativas de herdabilidade em cada período com o comportamento dos componentes de variância dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente (Figuras 1, 2 e 3), verifica-se que as estimativas de herdabilidade foram menores no ponto inicial da curva, em razão da maior variabilidade ambiental nesse período. No decorrer da lactação, enquanto a variação ambiental permaneceu constante, a variação genética aumentou, resultando em maiores estimativas de herdabilidade, quando comparadas às do início da curva. No final da curva, tanto a variação ambiental quanto a genética

Tabela 4 - Estimativas de herdabilidades para a produção de leite, estimadas para os dias em lactação (DIM) por meio dos modelos de regressão aleatória com polinômios segundo ( $k=3$ ), terceiro ( $k=4$ ) e quarto ( $k=5$ ) graus

Table 4 - Heritability estimates for milk yield (DIM) using random regression models with Legendre polynomial to polynomials of second ( $k=3$ ), third ( $k=4$ ) and fourth ( $k=5$ ) orders

DIM	k=3	k=4	k=5
6	0,135	0,122	0,122
30	0,154	0,147	0,145
60	0,176	0,168	0,157
90	0,195	0,191	0,187
120	0,214	0,217	0,219
150	0,234	0,241	0,242
180	0,256	0,257	0,258
210	0,279	0,266	0,267
240	0,291	0,275	0,266
270	0,281	0,279	0,269
305	0,229	0,231	0,287
V(e)	7,056	6,232	5,775
AIC	240.501	238.304	237.057

aumentaram proporcionalmente, mantendo as estimativas de herdabilidade próximas às verificadas na metade da curva.

Independentemente da ordem de ajuste do polinômio, as correlações genéticas entre os dias em produção apresentaram valores menores, à medida que aumentou o intervalo dos dias em produção, com valores próximos à unidade nos períodos adjacentes (Figura 4). Todos os valores foram positivos e acima de 0,40, indicando que a seleção para o aumento da produção de leite em determinado ponto da lactação terá reflexo positivo sobre todos os outros pontos da lactação. Ao descrever a variação genética ao longo da lactação com funções de (co)variância por meio de polinômios de terceira e quarta ordens, a dispersão das correlações genéticas para a produção de leite entre dias em produção (DIM) foram mais suaves que o ajuste pelo polinômio de segundo grau, embora as formas das superfícies e os valores de correlações genéticas nas três situações tenham sido similares (Figura 4). Resultados semelhantes foram encontrados por Olori et al. (1999) e Brotherstone et al. (2000), ao utilizarem polinômios de Legendre. Cobuci (2002), por meio da função de Wilmink, e Strabel & Misztal (1999), utilizando polinômio de Legendre de segundo grau, verificaram altas correlações genéticas entre controles adjacentes, com estimativas próximas a zero entre controles mais extremos. Rekaya et al. (1999) e Kettunen et al. (2000) verificaram estimativas de correlações genéticas negativas para a produção de leite entre os controles mais distantes ao longo da lactação. Os autores justificaram este comportamento pelo fato de assumirem o efeito aleatório de ambiente permanente como constante ao longo da lactação, o que poderia causar



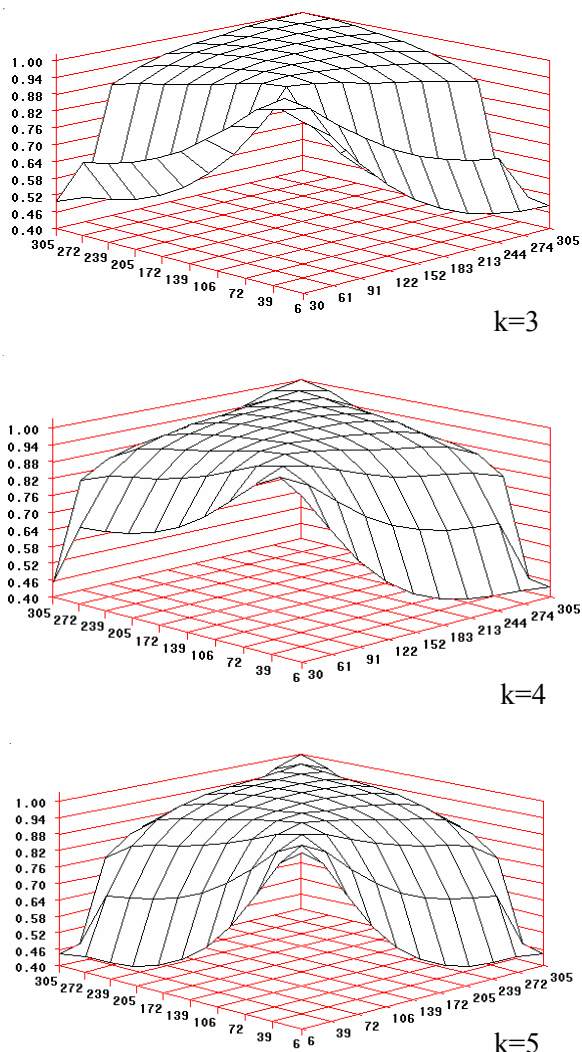


Figura 4 - Correlações genéticas para a produção de leite, obtidas para os dias em lactação (DIM) com as ordens de polinômios de segundo (k=3), terceiro (k=4) e quarto grau (k=5)

Figure 4 - Genetic correlations estimates for milk yield according to second (k=3), third (k=4) and fourth (k=5) order polynomials.

superestimação da variância genética aditiva nos extremos da curva de lactação.

Ao analisar os modelos de regressão aleatória que utilizaram os polinômios ortogonais de Legendre, verificou-se que os três primeiros autovalores obtidos da matriz de estimativas de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória (Tabela 5) para ordens do polinômio maiores que de segundo grau se mantiveram bem próximos aos obtidos para a ordem do polinômio de segundo grau, tanto para o efeito genético aditivo quanto para o efeito de ambiente permanente.

Para os modelos de ajuste de terceiro e quarto grau (k = 4 e k = 5), os três primeiros autovalores responderam por 99,74 e 99,71% da variação genética total, respectivamente. Para o efeito de ambiente permanente, os três primeiros autovalores responderam por 95,72 e 94,43% da variação total, para as ordens de ajuste iguais a k=4 e k=5, respectivamente.

Ao analisar o padrão de variação por meio de autofunções para modelo de quarto grau, observou-se que a autofunção de maior valor (11,530) foi constante ao longo de toda a trajetória da lactação. Este resultado revela que a maior parte da variação genética da produção de leite é explicada por genes que atuam sobre todo o período da lactação, indicando que a seleção para determinado ponto da trajetória de lactação irá promover ganhos em todos os demais pontos da trajetória, resultado que confirma aquele obtido pelas estimativas de correlações genéticas entre os diferentes dias em produção. Van der Werf et al. (1998), por meio de modelo de regressão aleatória cuja função para ajustar tanto as curvas de lactações fixas quanto as curvas aleatórias foi a polinomial de Legendre com a ordem dos polinômios correspondendo ao segundo grau, também verificaram que a primeira autofunção apresentou com-

Tabela 5 - Autovalores obtidos por meio da matriz de correlações genéticas entre os coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente e suas respectivas porcentagens em relação à variação total

Table 5 - Eigenvalues obtained using genetic correlations between random regression coefficients to genetic additive and environment effect and respective contribution of total variation

	Autovalores Eigenvalues		
	k=3	k=4	k=5
Genético aditivo Additive genetic	11,767 (92,92%) 0,823 (6,50%) 0,073 (0,58%)	11,847 (92,33%) 0,755 (5,88%) 0,196 (1,53%) 0,033 (0,26%)	11,530 (91,98%) 0,763 (6,09%) 0,205 (1,64%) 0,036 (0,29%) 0,001 (0,01%)
Ambiente permanente Permanent environmental	20,058 (72,36%) 5,101 (18,40%) 2,560 (9,24%)	19,942 (69,86%) 4,955 (17,36%) 2,426 (8,50%) 1,221 (4,28%)	19,944 (68,93%) 5,009 (17,31%) 2,370 (8,19%) 1,198 (4,14%) 0,413 (1,43%)

portamento constante ao longo do curso da lactação. A segunda autofunção, no entanto, apresentou aumento da produção de leite no início e decréscimo no final da lactação. Olori et al. (1999), também por meio de modelo de regressão aleatória que empregou os polinômios de Legendre com ordem de ajuste igual ao segundo grau, constataram que a primeira autofunção foi positiva e igualmente correlacionada para todos os estádios da lactação. A segunda autofunção foi negativa no início e positiva no final da lactação.

### Conclusões

Pode-se afirmar que os modelos de regressão aleatória que empregam polinômios de Legendre são eficientes em descrever a variação genética da produção de leite. Entretanto, são necessárias funções de covariâncias com polinômio de, no mínimo, quarta ordem para descrever a variação genética da produção de leite em animais da raça Holandesa no estado de Minas Gerais. É importante incluir no modelo de regressão aleatória uma função de covariância para o efeito de ambiente permanente.

### Literatura Citada

- AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON INFORMATION THEORY, 2., 1973, Budapest. **Proceedings...** Budapest: Akademia Kiado, 1973. p.267-281.
- 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, 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: SBZ, 2002. (CD-ROM)
- EL FARO, L.; FRIES, L.A.; ALBUQUERQUE, L.C. Estimção de parâmetros genéticos para produção no dia do controle através de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36., 1999, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1999. p.132.
- HENDERSON JR., C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v.38, p.623-640, 1982.
- 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.
- MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.
- MISZTAL, I. **REMLF90 manual**. Disponível em: ftp://nce.ads.uga.edu/pub/ignacy/blupf90/. Acesso em: 10/01/2001.
- OLORI, V.E.; HILL, W.G.; MCGUIRK, B.J. et al Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**, v.61, n.53, p.63, 1999.
- POOL, M.H.; JANS, L.L.G.; MEUWISSEN, T.H.E. Genetic parameters of Legendre polynomials for first parity lactation curves. **Journal of Dairy Science**, v.83, n.11, p. 2640-2649, 2000.
- 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.
- PTACK, E.; SCHAEFFER, L.R. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. **Livestock Production Science**, v.34, n.1, p.23-34, 1993.
- RAO, C.R. **Linear statistical inference and its applications**. 2.ed. New York: John Wiley and Sons, 1973. 552p.
- REKAYA, R.; CARABANO, 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, n.3, p.203-217, 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.
- VAN DER WERF, J.H.J.; GODDARD, M.E.; MEYER, K. The use of covariance functions and random regression for genetic evaluation of milk production based on test-day records. **Journal of Dairy Science**, v.81, n.12, p.3300-3308, 1998.
- VEERKAMP, R.F.; THOMPSON, R. A covariance function for feed intake, live weight, and milk yield estimated using a random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.82, n.6, p.1565-1573, 1999.

Recebido: 24/10/03

Aprovado: 15/07/05