

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
CENTRO DE CIÊNCIAS RURAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

Giovani Luis Feltes

**CONFIABILIDADE DO VALOR GENÉTICO PREDITO EM
DIFERENTES POPULAÇÕES**

Santa Maria, RS
2018

Giovani Luis Feltes

**CONFIABILIDADE DO VALOR GENÉTICO PREDITO EM DIFERENTES
POPULAÇÕES**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Zootecnia, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para a obtenção do título de **Mestre em Zootecnia**.

Orientador: Prof^o Dr^o Paulo Roberto Nogara Rorato

Santa Maria, RS
2018

Feltes, Giovani Luis
Confiabilidade do valor genético predito em
diferentes populações / Giovani Luis Feltes.- 2018.
46 p.; 30 cm

Orientador: Paulo Roberto Nogara Rorato
Coorientadores: Jaime Araújo Cobuci, Fernanda
Cristina Breda Mello
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa
Maria, Centro de Ciências Rurais, Programa de Pós
Graduação em Zootecnia, RS, 2018

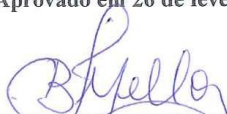
1. Melhoramento Animal 2. Bovinocultura de leite 3.
Produção de leite I. Rorato, Paulo Roberto Nogara II.
Cobuci, Jaime Araújo III. Mello, Fernanda Cristina Breda
IV. Título.

Giovani Luis Feltes

**CONFIABILIDADE DO VALOR GENÉTICO PREDITO EM DIFERENTES
POPULAÇÕES**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Zootecnia, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para a obtenção do título de **Mestre em Zootecnia**.

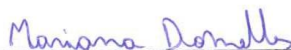
Aprovado em 26 de fevereiro de 2018:



Fernanda Cristina Breda Mello, Dr.^a (UFSM)
(Presidente)



Alan Miranda Prestes, Dr. (UNOESC)



Mariana de Almeida Dornelles, Dr.^a (UFSM)

Santa Maria, RS
2018

RESUMO

E CONFIABILIDADE DO VALOR GENÉTICO PREDITO EM DIFERENTES POPULAÇÕES

AUTOR: Giovani Luis Feltes

ORIENTADOR: Paulo Roberto Nogara Rorato

O propósito deste trabalho foi avaliar o efeito da redução do número de controles por lactação sobre a precisão da predição do valor genético dos animais. O banco de dados, cedido pela Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, foi editado para conter somente observações de desempenho coletadas de vacas com 10 controles mensais na lactação e ficou composto por 111.840 registros de produções mensais coletadas entre os anos de 1991 a 2010 e, a partir deste, pela eliminação aleatória de 1, 2, 3, 4, 5 e 6 controles, foram gerados outros seis arquivos, totalizando sete diferentes populações, reunindo vacas com 10, 9, 8, 7, 6, 5 e 4 controles na lactação, respectivamente. Os parâmetros e valores genéticos foram estimados por meio de um modelo de regressão aleatória com polinômio de ordem quatro para efeito genético e de ambiente permanente e variâncias residuais homogêneas. Os reprodutores foram agrupados de acordo com o número de filhas, para verificar diferenças na confiabilidade média dos valores genéticos preditos e a correlação de ranking de Spearman entre os valores genéticos dos 10 e 20% melhores reprodutores foi calculada nas diferentes populações para averiguar se ocorre alterações no ranqueamento. As populações com número de controles parciais apresentaram menor variância genética, e conseqüentemente isso menor herdabilidade para a produção de leite; a confiabilidade média foi menor nas populações com menor número de controles; o número de touros com alta confiabilidade também foi menor; as correlações de Spearman apresentaram valores médios, indicando que existe alterações no ranqueamento dos melhores animais. Portanto, a redução do número de controles por lactação afeta negativamente a avaliação genética das populações.

Palavras-chave: Confiabilidade. Correlação de Spearman. Herdabilidade. Regressão aleatória.

ABSTRACT

RELIABILITY OF PREDICTED BREEDING VALUE IN DIFFERENT POPULATIONS

AUTHOR: Giovani Luis Feltes
ADVISOR: Paulo Roberto Nogara Rorato

The purpose of this study was to evaluate the effect of reducing the number of lactation controls on the accuracy of the prediction of the genetic value of the animals. The database provided by the Brazilian Association of Breeders of the Dutch Breed was edited to contain only performance observations collected from cows with 10 monthly controls in lactation and was composed of 111,840 records of monthly production collected between 1991 and 2010 and from this, by random elimination of 1, 2, 3, 4, 5 and 6 controls, six other files were generated, totaling seven different populations, bringing together cows with 10, 9, 8, 7, 6, 5 and 4 controls in lactation, respectively. Genetic parameters and values were estimated by means of a random regression model with a polynomial of order 4 for genetic and permanent environment effects and homogeneous residual variances. Breeders were grouped according to the number of daughters to verify differences in mean reliability of predicted genetic values and Spearman rank correlation between genetic values of the best 10 and 20% breeding herds was calculated in the different populations to determine if there were changes in the ranking. Populations with number of partial controls had lower genetic variance, and consequently lower heritability for milk production; the mean reliability was lower in populations with lower number of controls; the number of bulls with high reliability was also lower; the Spearman correlations presented mean values, indicating that there are changes in the ranking of the best animals. Therefore, the reduction in the number of lactation controls negatively affects the genetic evaluation of populations.

Keywords: Heritability. Reliability. Random regression models. Spearman correlation.

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

BV	Breeding Value
C	Confiabilidade
CL	Controle Leiteiro
EP	Erros-Padrão
FAO	Food and Agriculture Organization of the United Nations
GC	Grupo de Contemporâneos
MRA	Modelo de Regressão Aleatória
NT	Número de Touros
REML	Método de máxima verossimilhança restrita
SEP	Erro Padrão de Previsão
-2LMV	Logaritmo da Função de Máxima Verossimilhança

LISTA DE APÊNDICES

APÊNDICE A – Rotina de programação no software R.....	40
APÊNDICE B – Cartão de parâmetros para a renumeração	44
APÊNDICE C – Cartão de parâmetros análise genética	45

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

- Tabela 1.** Estatística descritiva das sete populações, Logaritmo da Função de Máxima Verossimilhança (-2LMV) e Variância residual (σ_e^2). 32
- Tabela 2.** Confiabilidade média (C) e número de touros (NT) para as diferentes classes de número de filhas por reprodutor. 34
- Tabela 3.** Correlação de Spearman dos valores genéticos dos 10% melhores touros acima da diagonal e dos 20% melhores touros abaixo da diagonal entre as sete populações. 35

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1

Figura 1. Variância fenotípica, de ambiente permanente e genética e herdabilidade estimadas para cada uma das diferentes populações.	33
--	----

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	11
2	OBJETIVO.....	13
2.1	OBJETIVOS ESPECÍFICOS	13
3	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
3.1	PRODUÇÃO DE LEITE	14
3.2	MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINOS LEITEIROS	15
3.3	CONTROLE LEITEIRO	15
3.4	MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	16
4	ARTIGO	19
	Confiabilidade do valor genético predito em diferentes populações de bovinos da raça Holandesa	19
	Introdução	21
	Material e Métodos	22
	Resultados e Discussão	25
	Conclusões	27
	Referências	28
5	CONCLUSÕES.....	36
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	37

1 INTRODUÇÃO

O agronegócio do leite é de fundamental importância para o setor agropecuário brasileiro, tendo em vista sua participação na formação da renda e emprego de grande número de produtores, propiciando a fixação do homem no campo (FISHER et al. 2011). Em 2016 foram produzidos no Brasil aproximadamente 33,62 bilhões de litros de leite, com produtividade média de 1.709 litros/vaca/ano (IBGE, 2016).

A produtividade do rebanho brasileiro é considerada baixa quando comparada a países de pecuária mais desenvolvida como os da união europeia. Essa baixa produtividade está ligada à deficiência tecnológica, animais não especializados e à falta de assistência técnica nas fazendas (PATÊS et al. 2012).

Uma das principais ferramentas que podem ser utilizadas para o aumento da produtividade é o melhoramento genético o qual é realizado quando os pais da próxima geração de animais são escolhidos com precisão; isto implica em escolher os pais e mães, com base em seu mérito genético, para que os acasalamentos produzam novilhas de reposição com grande potencial. Para tanto, formas mais precisas de predição do valor genético dos animais vêm sendo continuamente estudadas e grandes avanços foram obtidos nas últimas décadas (MESERET et al., 2015).

Avaliações genéticas que consideram a produção de leite no dia do controle têm despertado o interesse de pesquisadores e produtores. Isto porque, com essa metodologia, 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 completaram 305 dias de lactação e há maior confiabilidade para as predições dos valores genéticos (ARAÚJO et al., 2006).

O uso de Modelos de Regressão Aleatória (MRA) na avaliação genética (HENDERSON Jr., 1982) permite ajustar curvas aleatórias para cada indivíduo, como desvios de uma curva média da população, utilizando polinômios ordinários ou outras funções lineares como estrutura de covariância (SCHAEFFER; DEKKERS, 1994), as quais ajustam para a variação ambiental dentro da lactação e permitem melhor descrição dos efeitos de ambiente que interferem na produção em cada um dos diferentes controles (LIDAUER; MÄNTYSAARI, 1999). Portanto, podem descrever as diferenças tanto no nível de produção como na forma da curva de lactação entre os animais, o que permite avaliações genéticas para persistência da lactação (POOL et al., 2000).

A identificação da estrutura de covariância mais adequada foi alvo de muitas pesquisas para o melhor ajuste do modelo de regressão aleatória, com objetivo de minimizar problemas nos extremos da trajetória da curva provocados pelo menor número de registros e alta flutuação nas variâncias e valores genéticos no início e no final da lactação (COSTA et al., 2008; TORSHIZI et al., 2013).

Quando são utilizadas as produções de leite no dia do controle pelo modelo de regressão é de se esperar que a quantidade de informação interfira na estimação dos parâmetros e valores genéticos, no entanto o número mínimo ou ideal de controles por lactação para a avaliação genética confiável ainda não foi estabelecido (PADILHA et al, 2017).

2 OBJETIVO

Avaliar o efeito da redução do número de controles por lactação sobre as estimativas dos componentes de variância, dos coeficientes de herdabilidade, e da predição e da confiabilidade dos valores genéticos para a característica de produção de leite na raça Holandesa.

2.1 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Estimar os componentes de variância e herdabilidade para a característica produção de leite com diferentes números de controles por lactação.

Predizer os valores genéticos dos animais para a característica produção de leite com diferentes números de controles por lactação.

Verificar o efeito do número de controles por lactação sobre a confiabilidade dos valores genéticos preditos e sobre o ranqueamento dos melhores reprodutores.

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 PRODUÇÃO DE LEITE

A produção de leite é uma característica econômica importante em diferentes espécies de interesse zootécnico representando importante fonte de renda para os produtores principalmente em ambientes tropicais (AL-SAMARAI et al., 2015).

No Brasil a cadeia produtiva do leite gera 4 milhões de empregos diretos e indiretos, e com uma produção aproximada de 34 bilhões de litros no ano de 2015 movimentando 60 bilhões de reais (ZOCCAL, 2016). A atividade leiteira Brasileira está cada vez mais se profissionalizando e melhorando seus índices produtivos, em 1974 a produtividade média era de 655 litros/vaca/ano e em 2011 chegou a 1.321 litros/vaca/ano (IBGE, 2012).

Atualmente a produção média de leite por vaca no Brasil é de 1.525 litros/vaca/ano, abaixo da média mundial de 3.527 litros/vaca/ano (USDA, 2016). Mesmo assim o Brasil figura entre os maiores produtores de leite do mundo, ficando em quarto lugar, atrás dos Estados Unidos, da Índia e da China (FAO, 2017). Portanto, a posição brasileira é devida ao tamanho do rebanho (cerca de 23 milhões de animais), atrás somente da Índia, a qual possui 45,9 milhões de animais.

Se comparado ao maior produtor mundial, os Estados Unidos que possui um rebanho de aproximadamente 9,2 milhões de animais e uma produção de leite por animal de cerca de 10.150 litros/vaca/ano (FAO, 2017), percebe-se que o Brasil tem um grande caminho a percorrer no que se refere a produtividade do rebanho.

O baixo nível tecnológico das propriedades produtoras de leite é apontado como o principal influenciador da produtividade da pecuária leiteira nacional (VILELA; RESENDE, 2014), o qual está relacionado a deficiências de nutrição, à genética das vacas para produção de leite (FISHER et al., 2011) e à falta de assistência técnica nas fazendas (PATÊS et al., 2012).

Portanto, é indispensável que sejam implementadas pesquisas sobre as causas de variação na produção do leite, importantes para toda a cadeia láctea e que servem como ferramenta para melhorar a produtividade (SOUZA et al., 2010), bem como para o melhoramento genético do rebanho que é uma das opções para aumentar a produtividade (MESERET et al., 2015).

3.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINOS LEITEIROS

O melhoramento genético é uma ferramenta essencial para que os sistemas de produção adotados no Brasil sejam otimizados, uma vez que, em média, os índices relacionados a eficiência, a intensificação produtiva e ao desempenho são modestos. Neste contexto, torna-se necessário se valer do melhoramento genético das raças aqui utilizadas para obter o máximo de incremento produtivo (LEÃO et al., 2013).

A definição do objetivo de seleção constitui um passo fundamental no desenvolvimento de um programa de melhoramento genético, uma vez que ele descreve a expectativa do que deve ser melhorado. Portanto, para o seu estabelecimento, de acordo com Groen et al. (1997), deve-se identificar quais as características que influenciam economicamente o sistema de produção. Em geral, conforme os mesmos autores, este objetivo inclui as variáveis econômicas tradicionais, como as quantidades produzidas de leite, gordura e proteína, por exemplo; contudo também pode incluir outros aspectos funcionais, que embora não aumentem as quantidades do produto, seu melhoramento pode ocasionar a diminuição dos custos de produção.

As características a serem selecionadas devem ser escolhidas de acordo com a sua importância econômica para o sistema de produção. Portanto, o conhecimento do sistema de produção e de suas características de importância econômica são essenciais para a correta elaboração de um programa de melhoramento genético visando a maximização do lucro da atividade (VERCESI FILHO et al., 2007).

Por outro lado, para que um programa de melhoramento genético seja eficiente, fatores relacionados a falta de registro de desempenho, ao tamanho pequeno dos rebanhos, ao serviço de inseminação artificial ineficiente e a falta de objetivos claramente definidos de reprodução, relatados como os principais problemas por Effa et al. (2011), devem ser considerados.

3.3 CONTROLE LEITEIRO

O Controle Leiteiro (CL) consiste em medir a quantidade de leite produzida pelo animal em 24 horas, considerando todas as ordenhas ocorridas no período, no Brasil, esse procedimento é realizado por entidades governamentais ou privadas, por meio de inspetores.

A Normativa 43 de 2016 do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (BRASIL, 2016), dispõe sobre os procedimentos para as atividades de CL e de avaliação genética de animais com aptidão leiteira, estabelece em seu artigo 14:

O controle leiteiro deve ser adotado mediante a utilização dos seguintes métodos de controle:

- a) Mensal: aplicado ao sistema de duas ou três ordenhas ou ordenha voluntária, realizado mensalmente, admitindo-se um intervalo de quinze a quarenta e cinco dias entre os controles, sendo obrigada a aferição do total de leite produzido no período de vinte e quatro horas.
- b) Mensal alternado: aplicado ao sistema de duas ordenhas, realizado mensalmente, admitindo-se um intervalo de quinze a quarenta e cinco dias entre os controles, sendo obrigada a mensuração do leite produzido, da ordenha da manhã e da tarde, alternadamente, a cada visita.
- c) Bimestral: aplicado ao sistema de duas ou três ordenhas ou ordenha voluntária, realizado a cada dois meses, admitindo-se um intervalo de quarenta e cinco a setenta e cinco dias entre os controles, sendo obrigada a aferição do total de leite produzido no período de vinte e quatro horas. (BRASIL, 2016, p. 7).

No CL, a produção de leite é registrada várias vezes ao longo da lactação e, em um sistema de controle mensal, é de se esperar que cada vaca apresente cerca de 10 registros mensais num período de 305 dias. Todavia, frequentemente não são realizados esses 10 controles e, por isto, estudos com o objetivo de estabelecer um número mínimo de controles, necessário para uma estimativa acurada do desempenho do animal são indispensáveis. Autores como Biassus et al. (2011), Costa et al. (2008), e Torshizi et al. (2013), realizaram trabalhos utilizando 6, 4, e 3 controles por lactação, respectivamente, para a estimação de parâmetros genéticos, no entanto o efeito do número de controles por lactação sobre a confiabilidade dos valores de produção por meio de restrições, ainda não foi completamente estabelecido (PADILHA et al., 2017).

Um dos fatores que contribui para o baixo número de animais inscritos nos serviços de CL é o custo/animal, além da falta de políticas governamentais que estimulem os produtores de leite a controlarem o desempenho de seus animais.

3.4 MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

A avaliação genética nacional dos animais da raça Holandesa, assim como em outros países, ainda é realizada por um modelo animal que utiliza registro de produção de leite acumulada aos 305 dias (BIASSUS et al., 2011), todavia, esta metodologia não leva em consideração as mudanças que ocorrem no ambiente durante os 305 dias da lactação. Além disso, lactações incompletas, por quaisquer motivos, são projetadas até os 305 dias ou truncadas caso ultrapassem esse período (BILAL; KHAN, 2009).

Em alguns países, Modelos de Regressão Aleatória (MRA) já são usados nas avaliações genéticas há algum tempo. Os MRA com polinômios de terceira ordem são usados

na Alemanha (LIU et al., 2001), de quarta ordem no Canadá (KISTEMAKER, 2003) e na Itália (MUIR et al., 2007) e de quinta ordem no Reino Unido (MRODE et al., 2003) nos respectivos programas oficiais de melhoramento.

O uso de MRA no Brasil foi tema de pesquisas realizadas por Araújo et al. (2006), Biassus et al. (2011), Padilha et al. (2016) e indicado para ser utilizado na avaliação genética de animais da raça Holandesa.

A utilização de MRA vem se tornando mais rotineira na avaliação genética de espécies produtoras de leite devido a estes poderem expressar de maneira mais realística os fenômenos associados a dados longitudinais do que os modelos de repetibilidade e de dimensão finita, identificar os efeitos ambientais relacionados a um determinado estágio da produção e possibilitar a estimação de parâmetros genéticos em qualquer ponto da trajetória da produção, mesmo para animais com registros de lactações incompletas, possibilitando avaliações genéticas mais frequentes e redução do intervalo de geração (RESENDE et al., 2001).

Por meio de MRA, são obtidos dois conjuntos de regressões da variável-resposta (produção de leite) 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 segundo conjunto de regressão é aleatório, pois considera os desvios da curva de lactação do animal em relação à curva de lactação fixa para a subclasse a qual pertence. Portanto, os MRA 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 (ARAÚJO et al., 2006).

Os MRA apresentam muitas vantagens em relação aos modelos que trabalham com produção acumulada tais como: flexibilidade para os componentes ambientais e genéticos da forma da curva de lactação (COSTA et al., 2008), a possibilidade de avaliar a persistência da lactação, melhoram a exatidão na avaliação genética (TORSHIZI et al., 2013) e a avaliação dos diferentes números de registros de controle sem estender a lactação em andamento (BILAL; KHAN, 2009).

A utilização de MRA com polinômios de, pelo menos, quarta ordem é adequada para avaliações genéticas para as características de produção de leite, gordura e proteína de vacas da raça Holandesa no Brasil (ARAÚJO et al., 2006; COSTA et al., 2008; e BIASSUS et al., 2011).

A quantidade de informações fenotípicas de uma lactação necessária para a estimativa confiável dos valores genéticos, está, ainda, pouco discutido na literatura; Padilha et al.,

(2017) utilizando diferentes números mínimos de controles, observaram maior confiabilidade ao trabalhar com menor número mínimo; todavia estes autores analisaram conjuntos de dados contendo animais com número de controles diferentes e, a medida que o número mínimo foi reduzido, aumentou o número total de controles e, conseqüentemente, o tamanho da amostra.

1 **4 ARTIGO**

2

3 **Confiabilidade do valor genético predito em diferentes populações de bovinos da raça**
4 **Holandesa¹**

5

6 Giovanni Luis Feltes⁽¹⁾, Vanessa Tomazetti Michelotti⁽¹⁾, Mauricio Morgado Oliveira⁽¹⁾, Jaime
7 Araújo Cobuci⁽²⁾, Fernanda Cristina Breda⁽¹⁾ e Paulo Roberto Nogara Rorato⁽¹⁾

8

9 ⁽¹⁾ Universidade Federal de Santa Maria, Centro de Ciências Rurais, Departamento de
10 Zootecnia, Avenida Roraima, n^o 1000, CEP 97105-900 Santa Maria, RS, Brazil. E-mail:
11 feltesgiovani@gmail.com, vanessamichelotti@hotmail.com,
12 oliveira.mauricio.morgado@gmail.com, fernandabreda@gmail.com, prrorato@gmail.com

13 ⁽²⁾ Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Faculdade de Agronomia, Departamento de
14 Zootecnia, Avenida Bento Gonçalves, n^o 7.712, CEP 91540-000 Porto Alegre, RS, Brazil. E-
15 mail: jaime.cobuci@ufrgs.br

16

17 Resumo – Objetivou-se avaliar os parâmetros genéticos e a confiabilidade dos valores
18 genéticos para produção de leite em diferentes populações de bovinos da raça Holandesa.
19 Foram utilizadas sete populações que divergiram em relação ao número de controles/vaca na
20 primeira lactação, como segue: Populações 10 (P10) – 10 controles; P9 – nove controles; e
21 assim sucessivamente, até a P4 - quatro controles. As análises genéticas foram realizadas
22 utilizando um modelo de regressão aleatória e as populações comparadas pela confiabilidade
23 média e correlação de ranking de Spearman. As maiores estimativas de herdabilidade foram
24 observadas na P10, variando de 0,25 a 0,52, respectivamente. A medida que o número de

¹Artigo formatado nas normas da revista Pesquisa Agropecuária Brasileira, disponível em:
<http://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/about/submissions#authorGuidelines>

25 filhas por reprodutor aumentou, a confiabilidade também aumentou, todavia, houve redução
26 do número de reprodutores em avaliação nas classes com maior número de filhas. Ao
27 considerar o mesmo número de filhas por reprodutor, a confiabilidade foi maior nas
28 populações com mais informações, e a diferença mais acentuada foi verificada entre as P10 e
29 P9. Ao considerar os 10% melhores reprodutores as menores estimativas de correlações de
30 ordem foram observadas entre a P10 e as demais populações. Portanto, a redução do número
31 de controles por lactação interfere na confiabilidade do valor genético e pode resultar em
32 seleção equivocada dos animais geneticamente superiores.

33

34 Termos para indexação: Avaliação genética. Correlação de Spearman. Progênie. Regressão
35 aleatória.

36

37 **Reliability of predicted genetic value in different populations of Holstein cattle**

38 Abstract – The objective of this study was to evaluate the genetic parameters and the
39 reliability of the genetic values for milk production in different populations of Holstein cows.
40 Seven populations were used that diverged in relation to the number of controls / cow in the
41 first lactation, as follows: Populations 10 (P10) - 10 controls; P9 - nine controls; and so on, up
42 to the P4 - four controls. Genetic analyzes were performed using a random regression model
43 and the populations compared by the mean reliability and Spearman rank correlation. The
44 highest estimates of heritability were observed in P10, ranging from 0.25 to 0.52,
45 respectively. As the number of daughters per breeder increased, the reliability also increased,
46 however, there was a reduction in the number of breeding herds in the classes with the highest
47 number of daughters. When considering the same number of daughters per breeder, reliability
48 was higher in the populations with more information, and the most marked difference was
49 between P10 and P9. When considering the 10% best breeders the lowest estimates of order

50 correlations were observed between P10 and the other populations. Therefore, reducing the
51 number of lactation controls interferes with the reliability of genetic value and may result in
52 misidentification of genetically superior animals.

53 Index terms: Genetic evaluation. Spearman correlation. Progeny. Random regression.

54

55 **Introdução**

56 O melhoramento genético tem como objetivo modificar o mérito genético dos animais
57 das gerações futuras para que estes produzam mais eficientemente, quando comparados com
58 os da geração presente, levando-se em conta as circunstâncias naturais, sociais e de mercado
59 vigentes no futuro (Groen et al., 1997).

60 Na produção leiteira a mudança genética e melhoria no desempenho são realizados
61 quando os pais da próxima geração de animais são selecionados com precisão, o que implica
62 em escolher os pais e mães, com base em seu mérito genético, para que os acasalamentos
63 produzam novilhas de reposição de alto potencial genético. Para tanto, formas mais precisas
64 de predição do valor genético dos animais vêm sendo bastante estudadas e avanços foram
65 obtidos nas últimas décadas (Meseret et al., 2015).

66 Avaliações genéticas que consideram a produção de leite no dia do controle têm
67 interessado pesquisadores e produtores. Dentre as metodologias de análise de dados
68 longitudinais destaca-se a de Modelos de Regressão Aleatória (MRA), sendo estes atualmente
69 adotados pelos países membros da Interbull (Dzomba et al., 2010).

70 O desempenho produtivo é registrado várias vezes ao longo da lactação e cada vaca
71 pode apresentar de 1 a 10 registros mensais no período, dependendo dos custos do controle
72 (Padilha et al., 2017).

73 Há muitos países, como Irã, Etiópia, Egito em que grande parte dos animais
74 participantes de um programa de melhoramento não possuem 10 controles durante a lactação,
75 como é o caso do Brasil. Na literatura são encontrados vários trabalhos com diferentes

76 números de controles, Torshizi et al. (2013), Naserkheil et al. (2016), Mohammadi et al.
77 (2014), Biassus et al. (2011), e Meseret et al. (2017) trabalharam com 3, 4, 5, 6 e 8 controles
78 por lactação, respectivamente, e concluíram que com essa quantidade de controles é possível
79 prever de forma adequada os valores e parâmetros genéticos

80 Além de prever os valores genéticos é preciso que estes sejam seguros, a
81 confiabilidade mede a correlação entre o valor genético predito e o valor genético verdadeiro,
82 e com isso essa medida tem despertado o interesse de pesquisadores e produtores; Padilha et
83 al. (2016) demonstraram que ao utilizar modelos de regressão aleatória a confiabilidade dos
84 valores genéticos para gordura e proteína no leite aumentam, e Padilha et al. (2017) relataram
85 aumento na confiabilidade, ao usar um número menor de controles por lactação.

86 Devido a razões econômicas algumas associações de criadores de gado leiteiro do
87 Brasil estão diminuindo a frequência dos controles leiteiro, no entanto ao seguir essa medida,
88 o número médio de controles deve diminuir e isso pode acarretar alterações na avaliação
89 genética, então antes de adotar uma prática destas é necessário realizar estudos para simular
90 os possíveis resultados desta prática.

91 O objetivo neste trabalho foi avaliar o efeito da redução no número de controles por
92 lactação sobre as estimativas dos componentes de variância, dos coeficientes de herdabilidade
93 e na predição e confiabilidade dos valores genéticos para a produção de leite da raça
94 Holandesa.

95

96 **Material e Métodos**

97 O banco de dados utilizado é proveniente da Associação Brasileira de Criadores de
98 Bovinos da Raça Holandesa e foi coletado entre os anos 1991 e 2010, contendo 604.296
99 registros de produção de leite no dia do controle referentes a 77.669 vacas filhas de 1.955 pais
100 e 57.834 mães, criadas em 716 rebanhos. A edição e consistência das informações contidas no
101 banco de dados foi verificada através do Software *R[®] Core Team*.

102 O arquivo foi editado para conter somente registros de animais com 10 controles,
 103 sendo um por mês, entre o sexto e o tricentésimo quinto dia de lactação. Os grupos de
 104 contemporâneos (GC) foram formados reunindo as vacas que pariram no mesmo rebanho-
 105 ano-mês de controle leiteiro, sendo excluídos grupos com menos de 4 animais, bem como as
 106 informações de produção abaixo e acima de 3,5 desvios-padrões e de reprodutores com filhas
 107 em apenas um rebanho.

108 Foram criadas 16 classes de estação-idade ao parto, como segue: estação 1- janeiro a
 109 março, 2- abril a junho, 3- julho a setembro e 4- outubro a dezembro; e classes de idade 1- 18
 110 a 25 meses, 2- 26 a 27, 3- 28 a 29 e 4- 30 a 48 meses. Após a edição o banco de dados ficou
 111 composto de 111.840 registros de produção de leite no dia do controle de 11.184 animais
 112 filhas de 1.037 pais e 9.781 mães, distribuídas em 128 rebanhos, no período de 1991 a 2010.

113 A partir desta população, foram geradas seis populações, como segue: P10: arquivo
 114 completo, ou seja, constituído apenas por vacas com 10 controles; P9: um controle eliminado,
 115 população constituída apenas por vacas com 9 controles; P8: dois controles eliminados,
 116 constituídas apenas por vacas com 8 controles; e assim sucessivamente até a P4: seis controles
 117 eliminados, população constituída apenas por vacas com quatro controles. Ressalta-se que os
 118 controles foram eliminados aleatoriamente por animal, sendo sempre preservadas as
 119 condições de número mínimo de animais dentro de GC e de laços genéticos.

120 Os parâmetros foram estimados e os valores genéticos preditos por meio de um
 121 modelo de regressão aleatória utilizando polinômio ortogonal de Legendre de ordem quatro
 122 para estimar as funções de covariâncias para os efeitos genético aditivo e de ambiente
 123 permanente, variância residual homogênea, descrito como:

124
$$Y_{ijklm} = HYM_i + \sum_{k=0}^n \phi_k(DIM_t)\beta_{mk} + \sum_{k=0}^n \phi_k(DIM_t)u_{jk} + \sum_{k=0}^n \phi_k(DIM_t)pe_{jk} +$$

 125 e_{ijklm} , em que: Y_{ijklm} = registro do controle realizado no mês t dentro do rebanho-ano-mês
 126 do controle HYM_i ; β_{mk} = coeficiente de regressão fixa específica para a subclasse de estação-

127 idade ao parto; HYM_i = efeito fixo de rebanho-ano-mês do controle; u_{jk} e pe_{jk} são os
 128 coeficientes de regressão aleatória que descrevem, respectivamente, os efeitos genéticos
 129 aditivos e de ambiente permanente sobre o desempenho da vaca j; $\phi_k(DIM_t)$ = polinômio de
 130 Legendre para o registro no mês do controle da vaca j no mês t, em que k é o coeficiente de
 131 polinômio de Legendre de 4ª ordem (Padilha et al., 2016); e e_{ijklm} = resíduo aleatório, para

132 os quais assumem-se: $Var \begin{bmatrix} \mathbf{u} \\ \mathbf{pe} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{A} \otimes \mathbf{G} & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{I} \otimes \mathbf{P} & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{R} \end{bmatrix}$, G e P são as matrizes de

133 covariância dos coeficientes de regressão aleatória, A é a matriz de parentesco, I é a matriz
 134 identidade, $\mathbf{R} = \sigma_e^2$ é uma matriz diagonal (residual) e \otimes é o produto de Kronecker entre as
 135 matrizes.

136 Para ajustamento dos polinômios de Legendre, procedeu-se, primeiramente, à
 137 padronização dos meses em lactação (t) para que apresentassem magnitudes entre -1 e 1,
 138 conforme proposto por Kirkpatrick et al. (1994), $DIM_t^* = -1 + \frac{2(DIM_t - DIM_{min})}{DIM_{max} - DIM_{min}}$, em que
 139 DIM_{min} e DIM_{max} são valores mínimos e máximos para os meses em lactação. O t^* é o mês
 140 de controle padronizado (DIM_t^*), o k polinômio é dado como segue: $\phi(DIM_t^*)_k =$
 141 $\frac{1}{2^k} \sqrt{\frac{2K+1}{2}} \sum_{m=0}^{K/2} (-1)^m \binom{k}{m} \binom{2K+1}{r} (DIM_t^*)^{r-2m}$, em $K/2 = (k-1)/2$, se k é ímpar e m é um
 142 número de índice necessários para determinar o polinômio k.

143 As análises genéticas foram feitas pelo software REMLF90 (Misztal et al., 2017) que
 144 utiliza o método de máxima verossimilhança restrita (REML). O valor genético d animal i no
 145 mês t foi calculado como segue: $EBV_{it} = \mathbf{z}'_t \hat{\alpha}_i = \sum_{j=0}^{k_a-1} \alpha_{ij} \phi_j(DIM_t)$, sendo $\hat{\alpha}_i$ um vetor
 146 ($k_a \times 1$) das estimativas dos coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos do animal i,
 147 e \mathbf{z}_t um vetor de coeficientes de polinômios de Legendre referentes ao mês t.

148 O erro padrão de previsão (EPP) é a raiz quadrada da variância do erro de predição.
 149 Todos os valores de confiabilidade são derivados de erros-padrão (EP) dos valores genéticos,

150 como segue: $r^2 = 1 - (EP^2/\sigma_a^2)$, em que σ_a^2 é a variancia genética aditiva para a
151 característica e r^2 é a correlação entre o valor genético verdadeiro e o estimado (Misztal &
152 Wiggans, 1988).

153 Para a comparação das diferentes populações os reprodutores foram agrupados por
154 número de filhas: Classe A = 1 até 10 filhas; B = 11 a 30; C = 31 a 50; D = 51 a 75; E = 76 a
155 100 e F = acima de 100 filhas; e foi calculada a correlação de posição de Spearman entre as
156 diferentes populações para os 10% e 20% melhores reprodutores.

157

158 **Resultados e Discussão**

159 Ao comparar as populações P4 e P10 verificou-se redução de 72,65%, 55,34%,
160 74,19% e 41,56% no número de rebanhos, vacas em controle, grupos de contemporâneos e
161 reprodutores, respectivamente. (Tabela 1). A diminuição do número de reprodutores pode
162 resultar em prejuízo ao programa de melhoramento genético no que tange a intensidade de
163 seleção e poder de comparação, ou seja, tem menor credibilidade a classificação de um
164 reprodutor em quarto lugar num grupo de cinco do que a mesma classificação num grupo de
165 50.

166 As médias de produção de leite no dia do controle e idade ao primeiro parto
167 melhoraram a medida que o número de controles eliminados aumentou, alcançando 28,55 Kg
168 e 25,56 meses, respectivamente, na P4. A eliminação aleatória dos controles favoreceu a
169 manutenção de rebanhos maiores na base de dados os quais, provavelmente, investiram mais
170 em tecnologias, resultando em melhores índices observados para estas características (Tabela
171 1). Todavia, maior estimativa de variância residual foi observada na P4 (5,58Kg²).

172 As variâncias de ambiente permanente estimadas variaram de 7,46 a 18,23 Kg² e o
173 comportamento ao longo da lactação foi semelhante para as sete populações (Figura 1), ou
174 seja, maiores valores foram observados nas extremidades da trajetória, corroborando com o
175 relatado por Bignardi et al. (2009) e Cobuci et al. (2011) para animais da raça Holandesa.

176 As maiores estimativas de variância genética e de herdabilidade, ao longo da lactação,
177 foram observadas na P10, variando de 6,94 a 15,09 Kg² e de 0,25 a 0,52, respectivamente
178 (Figura 1). Resultados similares foram relatados em trabalhos que usaram populações
179 semelhantes a P10, como segue: Olori et al. (1999) no Reino Unido, em núcleo Multiple
180 Ovulation and Embryo Transfer (MOET) e Zavadilová et al. (2005), na República Tcheca, em
181 população com média de 9,3 controles/vaca.

182 Nas demais populações (C9 a C4) as estimativas de herdabilidade foram próximas
183 entre si, entretanto, inferiores àquelas obtidas na P10, em todo o período, variando de 0,14 a
184 0,34. Resultados similares foram relatados por Melo et al. (2005), Araújo et al. (2006) e Costa
185 et al. (2008) em populações de vacas da raça Holandesa criadas no Brasil, com média de 8
186 controles/vaca.

187 Dionello et al. (2006) e Meseret et al. (2015) afirmaram que alterações nas estimativas
188 de parâmetros genéticos se devem a diferenças no conjunto de dados, tais como: população,
189 raça, condições de criação, sistemas de seleção, número de observações e edição do banco de
190 dados. No presente estudo a maior variabilidade genética observada na P10 pode estar
191 relacionada com o maior número de rebanhos e de touros nesta população (Tabela 1);
192 sugerindo que a falta de informações pode prejudicar o programa de melhoramento com
193 relação a seleção, ganho genético e tempo para alcançar o objetivo proposto.

194 Sob o ponto de vista da confiabilidade na avaliação dos reprodutores, foi observado
195 que esta é influenciada pela estrutura da população e pelo número de filhas por reprodutor
196 (Tabela 2). Ao considerar o mesmo número de filhas por reprodutor, a confiabilidade foi
197 maior nas populações com mais informações, sendo a maior diminuição verificada entre as
198 P10 e P9. Padilha et al. (2017) relataram que a confiabilidade do valor genético foi maior nas
199 populações, de bovinos da raça Holandesa, com maior número de controles e animais.

200 A confiabilidade aumentou, à medida que o número de filhas por reprodutor
201 aumentou, a confiabilidade aumentou, (tabela 2), todavia, o número de reprodutores em
202 avaliação reduziu drasticamente nas classes com maior número de filhas. Também foi
203 observado que com a diminuição do número de informações por animal necessitou-se de um
204 maior número de filhas por reprodutor para obtenção de confiabilidade superior a 0,70, sendo
205 este valor alcançado na P10 pelos touros com mais de 30 filhas; nas P9, P8 e P7 pelos touros
206 com mais de 75 filhas e nas P6, P5 e P4 apenas pelos touros com mais de 100 filhas. Vale
207 ressaltar, que este cenário provocou um forte impacto no número de reprodutores avaliados
208 com alta confiabilidade ($>0,70$) que passou de 149 na P10, para apenas um na P4, interferindo
209 na credibilidade do programa, uma vez que com poucos reprodutores, perde-se poder de
210 comparação.

211 Ao considerar os 10% reprodutores de maior valor genético, foi constatado que as
212 correlações estimadas diminuíram com o aumento do número de controles eliminados, sendo
213 as menores estimativas observadas entre a P10 e as demais populações, variando de 0,65 (P10
214 vs P9) a 0,43 (P10 vs P4). O mesmo foi verificado quando se considerou os 20 % melhores
215 reprodutores (Tabela 3), demonstrando que a redução do número de controles por lactação
216 promoveu alteração na ordem de classificação dos reprodutores, o que pode resultar em
217 seleção equivocada dos animais geneticamente superiores. O mesmo foi relatado por Sousa
218 Júnior et al. (2014).

219

220

Conclusões

221 1 A redução do número de controles por lactação interfere na estimativa da variância
222 genética e da herdabilidade, diminui a confiabilidade dos valores genéticos, e altera o
223 ranqueamento dos melhores touros, influenciando negativamente a avaliação genética.

224

Referências

- 225
226 ARAÚJO, C. V.; TORRES, R. A.; COSTA, C.N.; TORRES FILHO, R. A.; ARAÚJO, S. I.;
227 LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; PEREIRA, C. S.; SARMENTO, J. L. R. Uso de modelos de
228 regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa.
229 **Revista Brasileira de Zootecnia**, Vol. 35, n. 3, p.975-981, 2006.
- 230 BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; CARDOSO, V.L.; MACHADO, P.F.; ALBUQUERQUE,
231 L.G. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein
232 cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v.123, p.17, 2009. DOI:
233 10.1016/j.livsci.2008.09.021.
- 234 BIASSUS, I. de O.; COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; RORATO, P.R.N.; BRACCINI NETO, J.;
235 CARDOSO, L.L. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows
236 estimated by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.85-94,
237 2011. DOI: 10.1590/S151635982011000100012.
- 238 COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; NETO, J.B.; FREITAS, A.F. de. Genetic parameters for milk
239 production by using random regression models with different alternatives of fixed regression
240 modeling. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.557-567, 2011. DOI:
241 10.1590/S151635982011000300013.
- 242 COSTA, C.N.; MELO, C.M.R. de; PACKER, I.U.; FREITAS, A.F. de; TEIXEIRA, N.M.;
243 COBUCI, J.A. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows
244 estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de**
245 **Zootecnia**, v.37, p.602-608, 2008. DOI: 10.1590/S151635982008000400003.
- 246 DIONELLO, N. J. L.; SILVA, C. A. S. da; COSTA, C.N.; COBUCI, J.A. Estimação de
247 parâmetros genéticos utilizando-se a produção de leite no dia do controle em primeiras
248 lactações de vacas da raça Jersey. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.602-608, 2006.
- 249 DZOMBA, E. F.; NEPHAWE, K. A.; MAIWASHE, A. N.; CLOETE, S. W. P.;
250 CHIMONYO, M.; BANGA, C. B.; MULLER, C. J. C.; DZAMA, K. Random regression test-

251 day model for the analysis of dairy cattle production data in South Africa: creating the
252 framework. **South African Journal of Animal Science**, Pretoria, v. 40, n. 4, p. 273-284,
253 2010.

254 GROEN, A. F.; STEINE, T.; COLLEAU, J.; PEDERSEN, J.; PRIBYL, J.; REINSCH, N.
255 Economic values in dairy cattle breeding, with special reference to functional traits. Report of
256 an EAAP-working group. **Livestock Production Science**, v.49, p.1-21, 1997.

257 KIRKPATRICK, M.; HILL, W.G.; THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of
258 traits during growth and ageing, illustrated with lactation in dairy cattle. **Genetics Research**,
259 v.64, p.57-69, 1994. DOI: 10.1017/S0016672300032559.

260 MELO, C. M. R.; PACKER, I. U.; COSTA, C. N.; MACHADO, P. F.; Parâmetros Genéticos
261 para as Produções de Leite no Dia do Controle e da Primeira Lactação de Vacas da Raça
262 Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 34, 796-806, 2005.

263 MESERET, S.; TAMIR, B.; GEBREYOHANNES, G.; LIDAUER, M.; NEGUSSIE, E.
264 Genetic Analysis of Milk Yield in First-Lactation Holstein Friesian in Ethiopia: A Lactation
265 Average vs Random Regression Test-Day Model Analysis. **Asian-Australasian Journal of**
266 **Animal Sciences**, Vol. 28, p: 1226-1234, 2015. DOI: 10.5713/ajas.15.0173.

267 MESERET, S.; NEGUSSIE, E. Genetic parameters for test-day milk yield in tropical Holstein
268 Friesian fitting a multiple-lactation random regression animal model. **South African Journal**
269 **of Animal Science**, Vol. 47, p: 352-361, 2017. DOI: 10.4314/sajas.v47i3.12.

270 MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENÇO, D.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; VITEZICA,
271 Z. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Available at:
272 <http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all1.pdf>. Accessed on: Feb.
273 22 2017.

- 274 MISZTAL, I.; WIGGANS, G.R. Approximation of prediction error variance in largescale
275 animal models. **Journal of Dairy Science**, v.71, p.27-32, 1988.
276 DOI:10.1016/S00220302(88)799762.
- 277 MOHAMMADI, A.; ALIJANI, S.; DAGHIGHKIA, H. Comparison of different polynomial
278 functions in Random Regression Model for milk production traits of Iranian Holstein dairy
279 cattle. **Ann. Animal Science**, Vol. 14, P: 55–68, 2014. DOI: 10.2478/aoas-2013-0078.
- 280 NASERKHEIL, M.; MIRAIE-ASHTIANI, S. R.; NEJATI-JAVAREMI, A.; SON, J.; LEE,
281 D. Random regression models using Legendre polynomials to estimate genetic parameters for
282 test-day milk protein yields in Iranian Holstein dairy cattle. **Asian-Australasian Journal of**
283 **Animal Sciences**, Vol. 29, p: 1682-1687, 2016. DOI: 10.5713//ajas.15.0768.
- 284 OLORI, V.E., HILL, W.G., MCGUIRK, B.J., BROTHERSTONE, S. Estimating variance
285 components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random
286 regression animal model. **Livestock Production Science**, Vol. 61, p: 53-63. 1999.
- 287 PADILHA, A. H.; COBUCCI, J. A.; COSTA, C. N.; BRACINI NETO, J. Random Regression
288 Models Are Suitable to Substitute the Traditional 305-Day Lactation Model in Genetic
289 Evaluations of Holstein Cattle in Brazil. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**,
290 Vol. 29, p: 759-767, 2016. DOI: 10.5713//ajas.15.0498.
- 291 PADILHA, A. H.; COBUCCI, J. A.; DALTRO, D. S.; BRACINI NETO, J. Reliability of
292 breeding values between random regression and 305-day lactation models. **Pesquisa**
293 **Agropecuária Brasileira**, Vol. 51, p: 1848-1856, 2016. DOI: 10.1590/S0100-
294 204X2016001100007.
- 295 PADILHA, A. H.; COSTA, C. N.; BRACINI NETO, J.; DALTRO, D. S.; COBUCCI, J. A.
296 Selecting random regression models under different minimum number of test day records.
297 **Livestock Science**, Vol. 199, p: 69-73, 2017. DOI: 10.1016/j.livsci.2017.03.013.

298 R Core Team (2017). **R: A language and environment for statistical computing.** R
299 Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
300 SOUSA JÚNIOR, S.C.; EL FARO, L.; BIGNARDI, A. B.; CARDOSO, V. L.; MACHADO,
301 P. F.; ALBUQUERQUE, L. G. Aplicação de modelos de regressão aleatória utilizando
302 diferentes estruturas de dados. **Ciência Rural**, Vol. 44, p.2058-2063, 2014. DOI:
303 10.1590/0103-8478cr20131082.
304 ZAVADILOVÁ, L., JAMROZIK, J., SCHAEFFER, L.R. Genetic parameters for test-day
305 model with random regressions for production traits of Czech Holstein cattle. **Czech Journal**
306 **of Animal Science**, Vol. 50: p: 142-154. 2005.
307 TORSHIZI, M. E. et al. Analysis of Test Day Milk Yield by Random Regression Models and
308 Evaluation of Persistency in Iranian Dairy Cows. **Iranian Journal of Applied Animal**
309 **Science**, vol. 3, n. 1, p. 67-76, 2013.
310

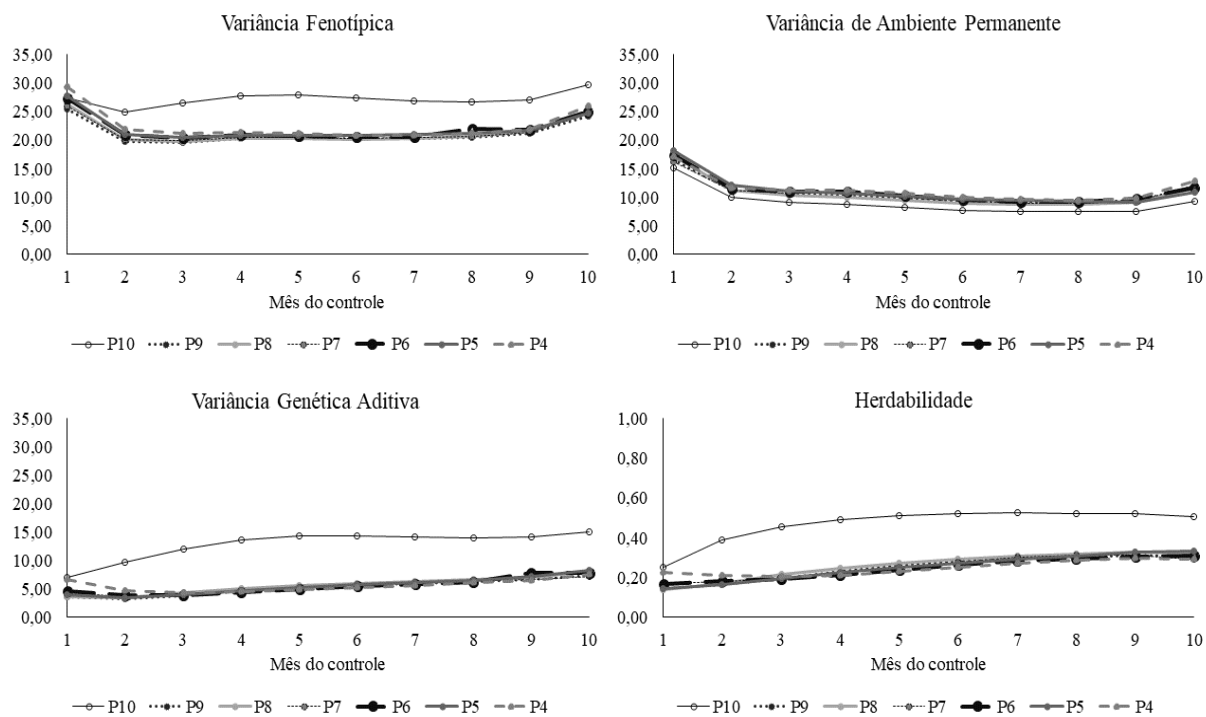
311 **Tabela 1.** Estatística descritiva das sete populações, Logaritmo da Função de Máxima
 312 Verossimilhança (-2LMV) e Variância residual (σ_e^2).

Populações	P10	P9	P8	P7	P6	P6	P4
Animais	11184	9743	8692	7773	6655	5912	4995
Pais	1037	968	900	840	759	669	606
Mães	9781	8515	7579	6788	5842	5221	4440
GC	7296	5600	4605	3753	2998	2457	1883
Rebanhos	128	93	81	64	53	45	35
Animais / rebanho	87,38	104,76	107,31	121,45	125,57	131,38	142,71
Filhas por pai	10,78	10,07	9,66	9,25	8,77	8,84	8,24
PL	27,32	27,62	27,83	27,97	28,15	28,26	28,55
IPP	26,44	26,27	26,17	26,1	25,88	25,77	25,56
-2LMV	563700	440666	353845	278063	209820	157535	105181
σ_e^2	5,31	5,19	5,32	5,30	5,53	5,47	5,58

313 P10= 10 controles por lactação; P9 = 9 controles por lactação; P8 = 8 controles por lactação; P7 = 7 controles por lactação;

314 P6 = 6 controles por lactação; P6 = 5 controles por lactação; P4 = 4 controles por lactação; GC = Grupos de contemporâneos;

315 PL= Produção de leite média; IPP = Idade ao primeiro parto (meses)

316
317

318 **Figura 1.** Variância fenotípica, de ambiente permanente, genética aditiva e herdabilidade
 319 estimadas para cada as diferentes populações.

320

321 **Tabela 2.** Confiabilidade média (C) e número de touros (NT) para as diferentes classes de
 322 número de filhas por reprodutor.

Classe	P10		P9		P8		P7		P6		P6		P4	
	C	NT	C	NT	C	NT	C	NT	C	NT	C	NT	C	NT
A	0,11	815	0,04	783	0,05	752	0,04	728	0,04	701	0,04	675	0,03	630
B	0,49	269	0,28	245	0,29	224	0,26	211	0,25	186	0,26	179	0,21	164
C	0,73	72	0,52	67	0,52	64	0,49	65	0,47	55	0,50	52	0,45	48
D	0,80	40	0,63	35	0,64	33	0,61	28	0,60	28	0,61	20	0,55	19
E	0,86	20	0,71	20	0,72	16	0,71	13	0,69	11	0,69	9	0,67	4
F	0,90	17	0,78	10	0,78	9	0,75	6	0,77	3	0,78	2	0,79	1

323 Classe A = 1 a 10 filhas; B = 11 a 30; C = 31 a 50; D = 51 a 75; E = 76 a 100 e F = acima de 100 filhas.

324

325 **Tabela 3.** Correlação de Spearman dos valores genéticos dos 10% melhores touros acima da
 326 diagonal e dos 20% melhores touros abaixo da diagonal entre as sete populações.

	P10	P9	P8	P7	P6	P6	P4
P10	1,00	0,65	0,54	0,53	0,43	0,48	0,43
P9	0,63	1,00	0,88	0,64	0,72	0,70	0,60
P8	0,57	0,88	1,00	0,63	0,67	0,72	0,61
P7	0,57	0,78	0,81	1,00	0,75	0,73	0,67
P6	0,52	0,74	0,68	0,73	1,00	0,74	0,70
P6	0,54	0,72	0,72	0,71	0,70	1,00	0,65
P4	0,49	0,73	0,70	0,78	0,71	0,74	1,00

327 P10 = 10 controles por lactação; P9 = 9 controles por lactação; P8 = 8 controles por lactação; P7 = 7 controles por lactação;

328 P6 = 6 controles por lactação; P6 = 5 controles por lactação; P4 = 4 controles por lactação

5 CONCLUSÕES

Os resultados deste trabalho mostram que a redução do número de controles por lactação afeta a estimativa da variância genética e da herdabilidade, interfere na predição dos valores genéticos, bem como de sua confiabilidade, e no ranqueamento dos melhores animais, influenciando negativamente na avaliação genética da população, não sendo uma alternativa viável para a redução de custos do produtor.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AL-SAMARAI, F. R. et al. Comparison of several methods of sires evaluation for total milk yield in a herd of Holstein cows in Yemen. **Open Veterinary Journal**, vol. 5, n. 1, p. 11-17, 2015.
- ARAÚJO, C. V. et al. Uso de modelos de regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol. 35, n. 3, p.975-981, 2006.
- BIASSUS, I. O. et al. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol. 40, n. 1, p. 85-94, 2011.
- BILAL, G.; KHAN, M. S. Use of test-day milk yield for genetic evaluation in dairy cattle: a review. **Pakistan Veterinary Journal**, v. 29, n. 1, p. 35-41, 2009.
- BRASIL. Ministério da Agricultura. Secretaria Nacional de Produção Agropecuária. **Instrução normativa 43, de 21 de novembro de 2016**. Procedimentos para as atividades de controle leiteiro e de avaliação genética de animais com aptidão leiteira, na forma desta Instrução normativa. Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil. Brasília, 2016.
- COSTA, C.N. et al. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol. 37, n. 4, p. 602-608, 2008.
- EFFA, K. et al. Genetic and environmental trends in the long-term dairy cattle genetic improvement programmes in the central tropical highlands of Ethiopia. **Journal of Cell and Animal Biology**, vol. 5, n. 6, p. 96-104, 2011.
- FAO. Base de dados estatísticos da Food and Agriculture Organization of the United Nations. Roma: FAOSTAT. Disponível em: <www.faostat.fao.org>. Acesso em: 12 Jan. 2017.
- FISHER, A. et al. Produção e produtividade de leite do oeste catarinense. **Race, Unoesc**, Vol. 10, n. 2, p. 337-362, 2011.
- GROEN, A. F. et al. Economic values in dairy cattle breeding, with special reference to functional traits. Report of an EAAP-working group. **Livestock Production Science**, vol. 49, p.1-21, 1997.
- HENDERSON, J.R., Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, vol. 38, n. 3, p. 623-640, 1982.
- IBGE. Produção pecuária municipal 2012. Brasília. Disponível em: <<https://ibge.gov.br/>>. Acesso em 01 Mar. 2018.
- IBGE. Produção pecuária municipal 2016. Brasília. Disponível em: <<https://ibge.gov.br/>>. Acesso em 01 Mar. 2018.

KISTEMAKER, G. J. The Canadian test-day model using Legendre polynomials. **Interbull Bulletin**, v. 31, p. 202-204, 2003.

LIDAUER M.; MÄNTYSAARI E. A. Multiple trait reduced rank random regression test-day model for production traits. **Interbull Bulletin**, v. 22, p. 74–80, 1999.

LIU, Z. et al. Application of random regression model to genetic evaluations of test day yields and somatic cell scores in dairy cattle. **Interbull Bulletin**, v. 27, p. 159–166, 2001.

LEÃO, G. F. M. et al. Melhoramento genético em zebuínos leiteiros: uma revisão. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v. 9, n. 4, p. 9-14, 2013.

MESERET, S. et al. Genetic Analysis of Milk Yield in First-Lactation Holstein Friesian in Ethiopia: A Lactation Average vs Random Regression Test-Day Model Analysis. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, vol. 28, n. 9, p. 1226-1234, 2015.

MRODE, R. A.; SWANSON, G. J. T.; PAGET, M. F. Implementation of the test day model for production traits in the UK. **Interbull Bulletin**, v. 31, p. 193–196, 2003.

MUIR, B.L. et al., Genetic parameters for a multiple-trait multiple-lactation random regression test-day model in Italian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, vol. 90, p. 1564-1574, 2007.

PADILHA, A. H. et al. Random Regression Models Are Suitable to Substitute the Traditional 305-Day Lactation Model in Genetic Evaluations of Holstein Cattle in Brazil. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, vol. 29, n. 6, p. 759-767, 2016.

PADILHA, A. H. et al. Selecting random regression models under different minimum number of test day records. **Livestock Science**, Vol. 199, p: 69-73, 2017.

PATÊS, N. M. S. et al. Aspectos produtivos e sanitários do rebanho leiteiro nas propriedades do sudoeste da Bahia. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, vol.13, n.3, p.825-837, 2012.

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

RESENDE, M. D. V.; REZENDE, G. D. S. P.; FERNANDES, J. S. C. Regressão Aleatória e funções de covariância na análise de medidas repetidas. **Revista de Matemática e Estatística**, vol. 19, p. 21-40, 2001.

SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. **Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, Guelph, vol. 18, n. 443, 1994.

SOUZA, R. et al. Produção e qualidade do leite de vacas da raça Holandesa em função 15 da estação do ano e ordem de parto. **Revista Brasileira de Saúde Produção Animal**, vol.11, n. 2, p. 484-495, 2010.

TORSHIZI, M. E. et al. Analysis of Test Day Milk Yield by Random Regression Models and Evaluation of Persistency in Iranian Dairy Cows. **Iranian Journal of Applied Animal Science**, vol. 3, n. 1, p. 67-76, 2013.

USDA. Base de dados estatísticos da United States Department of Agriculture. Washington. 2016. Disponível em: < <https://www.usda.gov/>>. Acesso em: 01 mar. 2018.

VILELA, D; RESENDE, J. C. Cenário para a produção de leite no brasil na próxima década. In: VI sul leite – Perspectivas para a produção de leite no brasil, II seminário dos centros mesorregionais de excelência em tecnologia do leite, **Anais**, Maringá, vol. 1, 2014.

VERCESI FILHO, A. E. et al. Parâmetros genéticos entre características de leite, de peso e a idade ao primeiro parto em gado mestiço leiteiro (Bos taurus x Bos indicus). **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, vol. 59, n. 4, p. 983-990, 2007.

ZOCCAL, R. A força do agro e do leite no Brasil. **Balde Branco**, São Paulo, 22 ago. 2017. Disponível em: < <http://www.baldebranco.com.br/forca-agro-e-leite-no-brasil/>>. Acesso em: 01 mar. 2018.

APÊNDICE A– Rotina de programação no software R

```

# sequência para o sorteio do controle a ser eliminado
#vacas10 é o arquivo de dados
# id_animal é a identificação do animal
xrename <- data.frame(table(vacas10$id_animal))
colnames(xrename) <- c("id_animal", "Frequencia")

xrename1 <- xrename[order(xrename$id_animal), ]
xrename1$rn <- 1:nrow(xrename1)
xrename1 <- xrename1[,-2]
vacas20 <- merge(vacas10, xrename1, by = "id_animal")

xtd <- 1:10
set.seed(138807)

table(vacas10$no)
nrow(vacas10)/10
tdg10 <- table(vacas10$gc)
View(tdg10)

#eliminando 1 controle # 9 controles
vacas9c <- NULL
xvacas <- vacas20
for (i in 1:nrow(xrename1)){
  am1 <- sample(xtd,1)
  vacas9c1 <- xvacas[which(xvacas$rn == i & xvacas$no != am1), ]
  vacas9c <- rbind(vacas9c, vacas9c1)
}
table(vacas9c$td)

vP9 <- vacas9c

#f9<-table(vacas9c$rg_animal)

```

```

#View(f9)

for (i in 1:50){

  # Verificando animais com menos de 9 controles
  anima9 <- count(vP9, rg_animal)
  animala9 <- merge(vP9, anima9, by = "rg_animal", all.x=T)
  vca9 <- subset(animala9, n == 9)
  vca9 <- vca9[, -ncol(vca9)]
  nrow(vca9)

  # número de animais dentro de grupos mínimo 4
  gP9 <- count(vca9, gcm)
  vcb9 <- merge(vca9, gP9, by = "gcm", all.x=T)
  vcb9 <- subset(vcb9, n >=4)
  vcb9 <- vcb9[, -ncol(vcb9)]
  nrow(vcb9)

  if (((nrow(vP9) == nrow(vca9)) & (nrow(vca9) == nrow(vcb9)))
      == T) {
    break
  }
  vP9 <- vcb9
}

#table(vP9$td)
#nrow(vP9)/9
#td <- table(vP9$gcm)
#View(td)
#summary(vP9$Idade)

table(vP9$no)
nrow(vP9)/9
tdg9 <- table(vP9$gc)

```

View(tdg9)

```
#exportar os animais com 9 controles para renum
```

```
setwd("/home/user/Documentos/vacas/2/P9")
```

```
v9 <- vP9[, c("Plei", "gcm", "idadeestacao", "rg_animal", "fi1", "fi2", "fi3", "fi4")]
```

```
#write.table(v9, "v9.txt", quote = F, row.names = F, col.names = F, sep = "\t")
```

```
getwd()
```

```
#eliminando 2 controles # 8 controles
```

```
vacas8c <- NULL
```

```
xvacas <- vacas20
```

```
for (i in 1:nrow(xrename1)){
```

```
  am2 <- sample(xtd,2)
```

```
  vacas8c1 <- xvacas[ which (xvacas$rn== i & (xvacas$no != am2 [1] & xvacas$no !=
am2[2]), )
```

```
  vacas8c <- rbind(vacas8c, vacas8c1)
```

```
}
```

```
table(vacas8c$td)
```

```
vP8 <- vacas8c
```

```
for (i in 1:50){
```

```
# Verificando animais com menos de 8 controles
```

```
  anima8 <- count(vP8, rg_animal)
```

```
  animala8 <- merge(vP8, anima8, by = "rg_animal", all.x=T)
```

```
  vca8 <- subset(animala8, n == 8)
```

```
  vca8 <- vca8[, -ncol(vca8)]
```

```
  nrow(vca8)
```

```
# número de animais dentro de grupos mínimo 4
```

```
  gP8 <- count(vca8, gcm)
```

```
  vcb8 <- merge(vca8, gP8, by = "gcm", all.x=T)
```

```
  vcb8 <- subset(vcb8, n >=4)
```

```
  vcb8 <- vcb8[, -ncol(vcb8)]
```

```
nrow(vcb8)

if (((nrow(vP8) == nrow(vca8)) & (nrow(vca8) == nrow(vcb8)))
    == T) {
  break
}
vP8 <- vcb8
}
# nrow(vP8)/8
# td <- table(vP8$rebanho)
# View(td)
# summary(vP8$Idade)

table(vP8$no)
nrow(vP8)/8
tdg8 <- table(vP8$gc)
View(tdg8)

#exportar os animais com 8 controles para o renum
setwd("/home/user/Documentos/vacas/2/P8")
v8 <- vP8[, c("Plei", "gcm", "idadeestacao", "rg_animal", "fi1", "fi2", "fi3", "fi4")]
write.table(v8, "v8.txt", quote = F, row.names = F, col.names = F, sep = "\t")
getwd()
```

APÊNDICE B – Cartão de parâmetros para a renumeração

Programa renumf90

DATAFILE

v10.txt

TRAITS

1

FIELDS_PASSED TO OUTPUT

5 6 7 8

WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE

1

EFFECT

2 cross numer

EFFECT

3 cross numer

EFFECT

4 cross numer

RANDOM

animal

OPTIONAL

pe

FILE

pedigree.txt

PED_DEPTH

10

(CO)VARIANCES

1.0

APÊNDICE C – Cartão de parâmetros análise genética

BLUPF90 parameter file created by RENF90

DATAFILE

renf90.dat

NUMBER_OF_TRAITS

1

NUMBER_OF_EFFECTS

13

OBSERVATION(S)

1

WEIGHT(S)

EFFECTS:	POSITIONS_IN_DATAFILE	NUMBER_OF_LEVELS
----------	-----------------------	------------------

TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]		
-------------------------------	--	--

2	6142	cross
---	------	-------

5	16	cov 3
---	----	-------

6	16	cov 3
---	----	-------

7	16	cov 3
---	----	-------

8	16	cov 3
---	----	-------

5	24090	cov 4
---	-------	-------

6	24090	cov 4
---	-------	-------

7	24090	cov 4
---	-------	-------

8	24090	cov 4
---	-------	-------

5	11184	cov 4
---	-------	-------

6	11184	cov 4
---	-------	-------

7	11184	cov 4
---	-------	-------

8	11184	cov 4
---	-------	-------

RANDOM_RESIDUAL VALUES

5.402

RANDOM_GROUP

6 7 8 9

RANDOM_TYPE

add_animal

FILE

renadd03.ped

(CO)VARIANCES

24.76	1.790	-1.677	0.7478
1.790	0.9782	-0.1524	0.1964E-02
-1.677	-0.1524	0.2699	-0.7039E-01
0.7478	0.1964E-02	-0.7039E-01	0.6755E-01

RANDOM_GROUP

10 11 12 13

RANDOM_TYPE

diagonal

FILE

(CO)VARIANCES

12.73	-0.7395	-0.8166	0.8222E-01
-0.7395	2.970	-0.1303	-0.2140
-0.8166	-0.1303	1.136	-0.2321
0.8222E-01	-0.2140	-0.2321	0.4133

OPTION sol se