

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS

**Alternativas para avaliação genética de
características produtivas e reprodutivas em
populações multirraciais de bovinos leiteiros**

Virgínia Mara Pereira Ribeiro

Belo Horizonte

2016

Virgínia Mara Pereira Ribeiro

**Alternativas para avaliação genética de
características produtivas e reprodutivas em
populações multirraciais de bovinos leiteiros**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais como requisito parcial para a obtenção do grau de mestre em Zootecnia.

Área de concentração: Genética e Melhoramento Animal

Prof. Orientador: Dr. Fabio Luiz Buranelo Toral

Coorientador: Dr. Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva

Belo Horizonte

R484a Ribeiro, Virgínia Mara Pereira, 1990-
Alternativas para avaliação genética de características produtivas e reprodutivas em populações multirraciais de bovinos leiteiro / Virgínia Mara Pereira Ribeiro. – 2016.
70 p. : il.

Orientador: Fábio Luiz Buranelo Toral

Coorientador: Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Minas Gerais. Escola de Veterinária

Inclui bibliografia

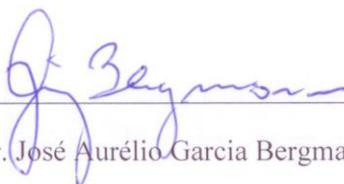
1. Bovino de leite – Genética – Teses. 2. Bovino de leite – Melhoramento genético – Teses. 3. Genética animal – Teses. 4. Hereditariedade – Teses. I. Toral, Fábio Luiz Buranelo. II. Silva, Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da. III. Universidade Federal de Minas Gerais. Escola de Veterinária. IV. Título.

CDD – 636.214 082

DISSERTAÇÃO defendida e aprovada em 29/ 01/ 2016 pela comissão examinadora composta pelos seguintes membros:



Prof. Fabio Luiz Buranelo Toral (Orientador)



Dr. José Aurélio Garcia Bergmann



Dr. Rui da Silva Verneque

*“Me esforço para ser melhor a cada dia,
pois bondade também se aprende.”*

Cora Coralina

Dedicatória

*Aos meus pais, Fábio e Sandra,
pelo amor incondicional.*

Ao meu marido Bruno, amo-te.

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Deus pelo dom da vida.

Ao meu pai, Fábio Antônio Pereira, por todo amor e por não me deixar perder a fé na bondade humana.

A minha mãe, Sandra Suely de Oliveira Pereira, por ser meu exemplo de mulher, esposa, mãe e profissional. Minha inspiração e convicção para iniciar e concluir o mestrado.

Ao meu marido, Bruno Eduardo da Costa Ribeiro, por me fazer feliz todos os dias, por seu amor, compreensão e principalmente por me mostrar como ser uma pessoa melhor a cada dia.

A minha irmã, Verônica por seu amor, amizade e por suas orações que me mantiveram firme.

A minha sobrinha e afilhada, Letícia, por fazer os meus dias mais felizes e por me fazer sorrir nos momentos em que mais precisei.

Ao meu irmão, Samuel, por sua amizade e por elevar minha paz de espírito com sua música.

Ao professor Fabio Luiz Buranelo Toral pela orientação e confiança. Pelos ensinamentos que me fizeram amadurecer e enxergar a vida acadêmica com outros olhos.

Ao Dr. Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva, pela coorientação.

Ao professor Idalmo Garcia Pereira pelo conhecimento compartilhado.

Ao professor José Aurélio Garcia Bergamann e ao Dr. Rui da Silva Verneque, pelas contribuições e colaborações para conclusão do trabalho.

À Fernanda Santos Silva Raidan, pelos ensinamentos profissionais e pessoais. Exemplo de pessoa e profissional a ser seguido. Agradeço pela paciência, dedicação e por sua amizade.

As amigas Adriane Rafaela e Larissa Kretli, pela amizade, confidências e por partilharem todos os momentos de alegria e de desespero. Vocês fizeram os meus dias mais felizes.

As companheiras de laboratório, Luiza Rodrigues, Gabriela Canabrava e Fernanda Merlo pela troca de experiências, conversas e por tornarem a caminhada mais amena.

A professora Sarah Laguna Conceição Meireles e ao Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) pelos ensinamentos durante a graduação e pelo incentivo.

À Associação Brasileira de Criadores de Girolando pela concessão dos dados.

Ao Departamento de Zootecnia, Escola de Veterinária e Universidade Federal de Minas Gerais, pelas contribuições para meu aprendizado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

A todos que contribuíram para a conclusão deste trabalho.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	10
LISTA DE FIGURAS	13
RESUMO	14
ABSTRACT	16
1. INTRODUÇÃO GERAL	18
2. REVISÃO DE LITERATURA	21
2.1. Populações multirraciais	21
2.2. Avaliações genéticas multirraciais	24
2.3. Polinômios lineares do tipo <i>spline</i>	26
3. ANÁLISE GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS EM POPULAÇÕES MULTIRRACIAIS DE BOVINOS LEITEIROS.....	29
3.1. Resumo.....	29
3.2. Introdução.....	30
3.3. Material e Métodos.....	32
3.4. Resultados e discussão	37
3.5. Conclusões	44
4. AVALIAÇÃO GENÉTICA MULTIRRACIAL DE BOVINOS HOLANDÊS – GIR POR MEIO DA REGRESSÃO ALEATÓRIA COM POLINÔMIOS LINEARES DO TIPO <i>SPLINE</i>	45
4.1. Resumo.....	45
4.2. Introdução.....	46
4.3. Material e Métodos.....	47
4.4. Resultados	53
4.5. Discussão.....	58
4.6. Conclusões	61
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	62
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	64
7. ANEXOS.....	69

LISTA DE TABELAS

Tabela 2.1 – Composições genéticas de bovinos provenientes do cruzamento das raças Holandesa e Gir e aceitos na formação do Girolando.....	23
Tabela 3.1 – Esquemas de cruzamentos de touros e vacas de diferentes grupos genéticos, e suas respectivas progênes, e número de registros para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção leite em até 305 dias na primeira lactação (P305) em uma população multirracial Holandesa – Gir.....	32
Tabela 3.2 – Estatísticas descritivas da idade ao primeiro parto (IPP, em dias), duração da primeira lactação (DLAC, em dias) e produção leite em até 305 dias na primeira lactação (P305, em kg) em uma população multirracial de vacas 1/2 Holandesa + 1/2 Gir (1/2HG), 5/8 Holandesa + 3/8 Gir (5/8HG) e 3/4 Holandesa + 1/4 Gir (3/4HG).....	33
Tabela 3.3 – Médias a <i>posteriori</i> e limites dos intervalos de alta densidade, com 90% das amostras (entre parênteses), das variâncias genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2) e herdabilidades (h^2), estimadas por meio dos modelos multicaracterísticos (MULT) e regressão aleatória com polinômios lineares do tipo <i>spline</i> (MRAPLS), para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305) em vacas 1/2 Holandesa + 1/2 Gir (1/2HG), 5/8 Holandesa + 3/8 Gir (5/8HG) e 3/4 Holandesa + 1/4 Gir (3/4HG).....	38
Tabela 3.4 – Médias a <i>posteriori</i> e limites dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras (entre parênteses) das correlações entre os valores genéticos para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305) em uma população multirracial Holandesa – Gir de bovinos leiteiros,	

estimadas por meio dos modelos multicaracterísticos (MULT) e regressão aleatória com polinômios lineares do tipo <i>spline</i> (MRAPLS).....	41
Tabela 4.1 – Esquemas de cruzamentos de touros e vacas de diferentes grupos genéticos, e suas respectivas progênes, e número de registros para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção leite em até 305 dias na primeira lactação (P305) em uma população multirracial Holandesa – Gir.....	48
Tabela 4.2 – Estatísticas descritivas da idade ao primeiro parto (IPP, em dias), duração da primeira lactação (DLAC, em dias) e produção leite em até 305 dias na primeira lactação (P305, em kg) de vacas Holandesa – Gir.....	49
Tabela 4.3 – Posições dos nós para os modelos de regressão aleatória para análise da idade ao primeiro parto, duração da primeira lactação e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação de vacas provenientes de uma população multirracial Holandesa – Gir.....	50
Tabela 4.4 – Valores do <i>Deviance Information Criterion</i> dos modelos de regressão aleatória para análise da idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação (P305) de vacas mestiças Holandesa - Gir.....	53
Tabela 4.5 – Médias <i>a posteriori</i> e limites dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras (entre parênteses) das correlações entre os coeficientes de regressão aleatória utilizados para ajustar os valores genéticos para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305) em uma população multirracial Holandesa – Gir.....	56
Anexo A – Médias <i>a posteriori</i> e limites dos intervalos de alta densidade, com 90% das amostras (entre parênteses), das variâncias genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2) e herdabilidades (h^2) para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de	

leite em até 305 dias da primeira lactação (P305) de vacas mestiças Holandesa – Gir.....69

Anexo B – Médias *a posteriori* e limites dos intervalos de alta densidade, com 90% das amostras (entre parênteses), das covariâncias genéticas para idade ao primeiro parto ($IPP \times 10^{-3}$ dias), duração da primeira lactação ($DLAC \times 10^{-2}$ dias) e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação ($P305 \times 10^{-5}$ kg) de vacas mestiças Holandesa – Gir.....70

LISTA DE FIGURAS

- Figura 2.1 – Valores das cinco funções de polinômios lineares *spline* ajustadas.....27
- Figura 3.1 – Valores genéticos para idade ao primeiro parto (IPP, em dias), duração da primeira lactação (DLAC, em dias) e produção de leite em até 305 dias de lactação (P305, em kg x10⁻¹) para os três touros 5/8Holandesa + 3/8Gir (5/8HG), 3/4Holandesa + 1/4Gir (3/4HG) e da raça Holandesa com maiores números de filhas avaliadas por meio do modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline*, de acordo com o grupo genético das filhas.....43
- Figura 4.1 – Variâncias genéticas (esquerda) e herdabilidades (direita) para idade ao primeiro parto, duração da primeira lactação e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação de vacas mestiças Holandesa – Gir, em função do percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa. As marcas no eixo x representam os pontos (grupos genéticos) onde foram posicionados nós.....55
- Figura 4.2 – Valores genéticos para idade ao primeiro parto (IPP, em dias), duração da primeira lactação (DLAC, em dias) e produção de leite em até 305 dias de lactação (P305, em kg x10⁻¹) para os três touros Gir, 5/8Holandesa + 3/8Gir (5/8HG), 3/4Holandesa + 1/4Gir (3/4HG) e da raça Holandesa com maiores números de filhas avaliadas, de acordo com o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa.....57

RESUMO

Nesta dissertação, foram desenvolvidos dois trabalhos com os objetivos de verificar se modelos de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* (MRAPLS) são adequados para a obtenção de parâmetros genéticos para as características idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305), em uma população multirracial de bovinos leiteiros, bem como investigar a influência do grupo genético da progênie sobre o mérito genético do touro. No primeiro trabalho, foram utilizados modelos multicaracterísticos (MULT), onde a mesma característica avaliada nos grupos genéticos 1/2 Holandesa + 1/2 Gir (1/2HG), 5/8 Holandesa + 3/8 Gir (5/8HG) e 3/4 Holandesa + 1/4 Gir (3/4HG) foi considerada como sendo três características distintas e MRAPLS com nós ajustados aos grupos genéticos 1/2HG, 5/8HG e 3/4HG, para obtenção dos parâmetros genéticos. Os MRAPLS apresentaram os melhores ajustes. As variâncias aditivas e residuais estimadas pelos modelos MULT e MRAPLS foram semelhantes. As herdabilidades variaram de 0,20 a 0,33 (IPP), 0,09 a 0,22 (DLAC) e 0,15 a 0,35 (P305), conforme a composição genética das vacas. No segundo trabalho, os valores genéticos dos animais foram modelados via regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline*, com três, cinco e sete nós, dispostos de acordo com a fração da raça Holandesa em cada grupo genético das progênies. Os nós foram posicionados nos grupos Gir (G), 1/2HG, e 7/8 Holandesa + 1/8 Gir (7/8HG) (modelo com 3 nós); G, 1/4 Holandesa + 3/4 Gir (1/4HG), 1/2HG, 3/4HG e 7/8HG (modelo com 5 nós); ou G, 1/4HG, 3/8HG, 1/2HG, 5/8HG, 3/4HG e 7/8HG (modelo com 7 nós). As variâncias residuais foram consideradas homogêneas ou heterogêneas. O modelo com sete nós para ajuste das trajetórias médias e efeitos genéticos, com variância residual homogênea, apresentou o melhor ajuste para IPP e DLAC. Já o modelo com cinco nós e variância residual homogênea foi o que apresentou melhor ajuste para P305. As médias *a posteriori* para herdabilidades

variaram de 0,21 a 0,48 (IPP); 0,21 a 0,38 (DLAC) e de 0,10 a 0,33 (P305). Os valores das correlações entre os coeficientes de regressão aleatória foram de baixa a moderada magnitude e, em geral, os intervalos de alta densidade incluíram o valor zero. Os modelos de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* permitem modelar a heterogeneidade de variâncias genéticas e obter parâmetros específicos para cada grupo genético. A existência de interação entre os valores genéticos dos touros e o grupo genético de sua progênie foi demonstrada nos dois trabalhos. Se essa interação não for levada em consideração, pode haver erros na classificação dos animais. As duas estratégias de análise apresentadas neste trabalho permitem avaliar e classificar os reprodutores de acordo com o grupo genético que se pretende produzir. Modelos multicaracterísticos podem ser utilizados quando houver poucos grupos genéticos de progênies, enquanto modelos com polinômios *spline* devem ser preferidos nos casos em que o número de grupos genéticos com dados disponíveis é elevado.

Palavras chaves: correlação, cruzamento, herdabilidade, parâmetros genéticos, seleção

ABSTRACT

In this thesis, two papers were developed with the objective of checking if random regression models with linear spline types (RRMLS) are suitable for obtaining genetic parameters for three distinct traits: age at first calving (AFC), the first lactation length (FLL), and milk production up to 305 days in the first lactation (MY305), in a multiracial population of dairy cattle. Another aim was to investigate the genetic group effect of the progeny in the breeding values of bulls. To adjust multiple-trait models (MTM), the same characteristic evaluated in genetic groups 1/2 Holstein + 1/2 Gyr (1/2HG), 5/8 Holstein + 3/8 Gyr (5/8HG) and 3/4 Holstein + 1/4 Gyr (3/4HG) was considered as distinct traits. With RRMLS models the knots were adjusted to genetic groups 1/2HG, 5/8HG and 3/4HG. The RRMLS has presented the best fit. The additive and residual variances estimated by MTM and RRMLS models were similar. The heritabilities have ranged from 0.20 to 0.33 (AFC), 0.09 to 0.22 (FLL) and 0.15 to 0.35 (MY305) according to the genetic composition of cows. In the second study, the breeding values were modeled by random regression with linear splines with three, five and seven knots, arranged according to Holstein fraction in each genetic group of progeny. The knots were placed in groups Gyr (G), 1/2HG, and 7/8 Holstein + 1/8 Gyr (7/8HG) (model with 3 knots); G, 1/4 Holstein+ 3/4 Gyr (1/4HG), 1/2HG, 3/4HG and 7/8HG (model with 5 knots), and G, 1/4HG, 3/8HG, 1/2HG, 5/8HG, 3/4HG and 7/8HG (model with 7 knots). The residual variances were considered homogeneous or heterogeneous. The model with seven knots, for adjusting mean trajectories and genetic effects, with homogeneous residual variance, best fitted for AFC and FLL. The model with five knots and homogeneous residual variance showed best the fit for MY305. The *posteriori* means for heritability have ranged from 0.21 to 0.48 (AFC), from 0.21 to 0.38 (FLL) the and from 0.10 to 0.33 (MY305). The correlation between the random regression coefficients was low to moderate magnitude, and, in general, the high density intervals had included the

value zero. The random regression models with linear splines allow to model the genetic heteroscedasticity and to estimate specific parameters for each genetic group. The existence of interaction between the breeding values of the bulls and the genetic group of their progeny was demonstrated in both studies. There may be errors in the classification of animals if this interaction is not taken into consideration. The two strategies of analysis presented in this study allow us to evaluate and rank the sires according to the genetic group to be bred. Multiple-trait models should be used when there were few genetic groups of progenies, while random regression models with linear splines must be taken in cases when there were a great number of genetic groups with available data.

Key words: correlation, crossbreeding, genetic parameters, heritability, selection

1. INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil é o quinto maior produtor de leite no mundo, com produção de aproximadamente 33 bilhões de quilos em 2014 (USDA, 2014). Entretanto, os índices produtivos nacionais, como a produção de leite por lactação e a idade ao primeiro parto, ainda são muito inferiores aos índices obtidos em países como Canadá, México, Estados Unidos e Argentina (USDA, 2014). Parte das diferenças observadas para esses índices produtivos podem ser atribuídas às diferenças climáticas, intensificação dos sistemas de produção e composições genética dos rebanhos existentes no Brasil e nos países citados.

Em condições de clima tropical, a rusticidade de bovinos *Bos indicus*, aliada a produtividade dos bovinos *Bos taurus*, têm estimulado o uso de animais mestiços nos sistemas de produção e suscitado a necessidade do desenvolvimento novas estratégias para avaliação de populações multirraciais. Neste sentido, estratégias de melhoramento genético, como a seleção e o acasalamento devem ser utilizadas com a finalidade de aumentar a eficiência e a produtividade da bovinocultura de leite.

Para bovinos leiteiros, os benefícios advindos do cruzamento de animais da raça Holandesa com outras raças foram demonstrados para características produtivas (Facó et al., 2008; VanRaden et al., 2011), reprodutivas (Heins et al., 2010 e 2012; Dhakal et al., 2013; Yao et al., 2014) e de adaptação (Berman, 2011). No Brasil, o cruzamento de animais *Bos taurus* e *Bos indicus*, sobretudo de animais da raça Holandesa e Gir (Facó et al., 2007), tem sido utilizado para explorar os efeitos genéticos aditivos e não aditivos. Com isso, os produtores de leite tentam promover mudanças nas médias das características produtivas, reprodutivas e de adaptação e aumentar a lucratividade da atividade leiteira (Wolfova et al., 2007).

Com a utilização rotineira dos cruzamentos em rebanhos leiteiros, animais com diferentes composições raciais, em termos de efeitos genéticos aditivos e não aditivos, precisam ser manejados. Ainda, quando os dados zootécnicos desses rebanhos são utilizados para realização de avaliações genéticas, há necessidade de considerar as peculiaridades destes grupos (VanRaden et al., 2007). Neste contexto, as diferenças nas composições raciais, em termos de efeitos aditivos e não aditivos e da heterogeneidade das variâncias, devem ser consideradas nas avaliações genéticas (Oliveira et al., 2001; Cardoso e Tempelman, 2004; VanRaden et al., 2007). Além disso, a identificação da interação entre grupo genético de vaca e o grupo genético de touro (Elzo e Borjas, 2004) tem implicações na formação dos casais que resultaram em maior benefício para as gerações futuras. Dessa forma, realizar a avaliação genética considerando-se as características avaliadas em cada grupo genético de maneira distinta pode ser uma alternativa para animais de populações compostas.

Estudos com modelos multicaracterísticos, que consideram a mesma característica em grupos genéticos distintos como características diferentes, foram realizados para bovinos de corte (Vallée et al., 2013; Lukaszewicz et al., 2015) e de leite (Facó et al., 2007), e podem ser adequados para análise de características produtivas e reprodutivas em cada grupo genético porque permitem considerar variâncias heterogêneas e diferenças nas correlações entre as características avaliadas. Entretanto, o uso destes modelos limita-se a casos com poucos grupos genéticos. Como alternativa, modelos de regressão aleatória via polinômios lineares do tipo *spline* (Misztal, 2006) também podem ser utilizados. Esses modelos possibilitam a obtenção de parâmetros genéticos ao longo de uma variável contínua (por ex: idade, composição racial).

As avaliações genéticas de bovinos provenientes de populações multirraciais nem sempre contemplam as particularidades genéticas existentes nesses grupos de animais (VanRaden et al., 2007). A heterogeneidade de variâncias entre os diferentes grupos genéticos (Carvalho et al., 2002; Cardoso e Tempelman, 2004; Oliveira et al., 2010), aliada a

desconhecida interação entre o mérito genético de reprodutores e o grupo genético de sua progênie (Vallée et al., 2013), são algumas destas particularidades que fazem com que as avaliações genéticas realizadas em populações multirraciais tenham características ímpares. Neste sentido, faz-se necessário o desenvolvimento de estratégias que tornem possível identificar, de maneira acurada, animais geneticamente superiores e identificar o potencial genético do touro de acordo com o grupo genético das fêmeas utilizadas no cruzamento.

Nesta dissertação, serão apresentados os resultados de dois trabalhos realizados com objetivos de verificar se modelos de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* (MRAPLS) são adequados para a obtenção de parâmetros genéticos para as características de idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305), em uma população multirracial de bovinos leiteiros, bem como investigar a influência do grupo genético da progênie sobre o mérito genético do touro.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Populações multirraciais

Populações bovinas foram e continuam sendo produzidas por cruzamentos de animais de diferentes grupos genéticos, pela absorção de uma das raças parentais ou pela produção de um genótipo composto por frações pré-determinadas de várias raças (Elzo e Borjas, 2004). Essas populações podem ser consideradas multirraciais por serem formadas por animais de diferentes grupos genéticos, sendo que alguns grupos podem ser considerados raças puras e outros não. De acordo com VanRaden et al. (2007), sistemas de seleção e cruzamento entre raças podem produzir mais lucro do que a seleção dentro de raça. O lucro pode ser decorrente do aumento na produtividade de animais provenientes de populações multirraciais como consequência da capacidade específica de combinação entre os componentes genéticos aditivos das diferentes raças e da heterose (Sorensen et al., 2008).

Bovinos da raça Holandesa são cruzados com raças taurinas tais como Jersey (VanRaden et al., 2011; Heins et al., 2011, 2012) com objetivo de melhorar características reprodutivas, que sofreram declínio com a intensa seleção imposta à raça Holandesa para aumento da produção de leite (Sorensen et al., 2008). O cruzamento de bovinos *Bos indicus*, caracterizados por rusticidade e adaptação ao ambiente tropical (Berman, 2011), com bovinos *Bos taurus*, caracterizados por alta produtividade (VanRaden et al., 2007), pode promover melhores respostas produtivas e reprodutivas, em função da heterose e da complementariedade. Madalena et al. (1990) demonstraram que o lucro máximo em sistemas produtivos leiteiros pode ser obtido com o uso de fêmeas mestiças F1 Holandesa – Guzerá, em relação à utilização de outras composições genéticas.

O cruzamento entre bovinos da raça Holandesa e Gir começou a ser utilizado por produtores de bovinos leiteiros em meados de 1940, com objetivo de obter animais que aliassem a alta capacidade produtiva da raça Holandesa e a rusticidade da raça Gir (Canaza-Cayo et al., 2014). Os benefícios advindos destes cruzamentos foram confirmados por Guimarães et al. (2002). Estes autores demonstraram que o cruzamento entre bovinos das raças Holandesa e Gir possibilitou melhorias na eficiência reprodutiva, quando comparados com animais da raça Holandesa puros, provavelmente pela maior sensibilidade das Holandesas às condições de manejo em ambientes de clima tropical. Ainda, segundo aqueles autores, em termos produtivos, bovinos 1/2 Holandesa + 1/2 Gir apresentam valores de produção de leite intermediários a bovinos Gir e Holandesa puros, com tendência a se comportarem de acordo com a maior ou a menor proporção de Gir.

O sucesso dos programas de melhoramento genético de bovinos da raça Holandesa (Pryce e Daetwyler, 2012) e Gir (Panetto et al., 2016), juntamente com os benefícios provenientes do cruzamento dessas raças, têm despertado cada vez mais o interesse dos produtores de leite pela utilização de vacas mestiças. No Brasil, diferentes grupos genéticos provenientes do cruzamento entre as raças Holandesa – Gir podem ser registrados junto à Associação Brasileira de Criadores de Girolando, conforme os esquemas apresentados na Tabela 2.1.

Tabela 2.1 – Composições genéticas¹ de bovinos provenientes do cruzamento das raças Holandesa e Gir e aceitos na formação do Girolando

Fêmeas	Touros			
	Holandesa (H)	3/4HG	5/8HG	Gir (G)
Holandesa (H)	-	7/8HG	13/16HG	1/2HG
7/8HG	-	13/16HG	3/4HG	7/16HG
13/16HG	-	25/32HG	23/32HG	13/32HG
3/4HG	7/8HG	3/4HG	5/8HG	3/8HG
23/32HG	55/64HG	47/64HG	5/8HG	23/64HG
5/8HG	-	-	5/8HG	-
1/2HG	3/4HG	5/8HG	5/8HG	1/4HG
7/16HG	23/32HG	5/8HG	17/32HG	-
3/8HG	5/8HG	5/8HG	1/2HG	-
1/4HG	5/8HG	1/2HG	7/16HG	-
Gir (G)	1/2HG	3/8HG	5/16HG	-

¹A fração na frente das letras HG representa o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa. Adaptado de: (Silva et al. 2015).

Existem particularidades em populações multirraciais de bovinos, tais como a magnitude da heterozigose e da heterogeneidade de variâncias genéticas entre as raças, que devem ser levadas em consideração no momento das avaliações genéticas. Por isso, é necessário o desenvolvimento de alternativas que reconheçam este fato e viabilizem as avaliações genéticas multirraciais de maneira a identificar, de forma correta, os animais de mérito genético superior. Neste sentido, os acasalamentos poderão ser direcionados visando aumento da produtividade por meio da formação de casais que resultem em maior ganho genético para a população.

2.2. Avaliações genéticas multirraciais

As avaliações genéticas são essenciais para fornecer informações que orientem a correta identificação e o acasalamento dos animais de mérito genético superior nos programas de seleção (Facó et al., 2007). De acordo com Arnold et al. (1992) e VanRaden et al. (2007), a maioria das avaliações genéticas em bovinos de populações multirraciais não considera as diferenças existentes entre raças e isto pode levar à distorções nas classificações dos animais pelo mérito genético, ocasionando prejuízos no ganho genético. Por isso, realizar avaliações em populações multirraciais considerando as particularidades inerentes a cada grupo genético é relevante para os programas de melhoramento genético dessas populações.

Um dos fatores importantes na tomada de decisão nos sistemas de cruzamento é o quanto da heterose apresentada na F1 é retida nas gerações seguintes. Neste sentido, para modelagem de efeitos genéticos aditivos e não aditivos, Dickerson (1969, 1973) propôs o modelo aditivo dominante, onde a diferença aditiva entre raças é definida como a diferença entre as médias das raças puras e a heterose é definida como a diferença entre o desempenho da geração F1 e a média das raças parentais. Neste modelo são considerados os efeitos aditivos de raça, que são proporcionais à contribuição de genes de cada uma das raças envolvidas no cruzamento; os efeitos de heterose, que são linearmente proporcionais à heterozigose; e os efeitos de recombinação, que assumem a recombinação como responsável por perdas de ligações favoráveis formadas no processo de seleção das raças puras.

Arnold et al. (1992) propuseram equações de modelos mistos que consideram, para cada grupo genético, efeitos não aditivos e heterogeneidade de variâncias entre os animais. Neste modelo, os valores genéticos aditivos totais são decompostos em componentes fixos, representados pela média do grupo genético do animal, e aleatórios representados pelo desvio

do animal em relação aos outros animais do mesmo grupo genético. Assim como para os valores genéticos aditivos, os valores genéticos não aditivos também são decompostos em fixos e aleatórios de heterose. Essa decomposição dos componentes dos valores genéticos não aditivos permite uma abordagem para a interação entre as raças do touro e da vaca, provenientes dos componentes fixos, enquanto que os componentes aleatórios podem representar o desvio do reprodutor em relação aos outros reprodutores, do mesmo grupo genético.

Para explicar a heterogeneidade existente entre diferentes grupos genéticos de uma população multirracial, Lo et al. (1993) propuseram um modelo aditivo, que contempla a variância atribuída a segregação. Esta variância representa a variância adicional observada em indivíduos F2 comparada à de indivíduos F1. Os autores desenvolveram um algoritmo eficiente para calcular a inversa da matriz de covariância genética onde as covariâncias são modeladas como uma função das variâncias aditivas específicas para cada raça pura, da covariância entre os pais e das variâncias de segregação entre raças.

Cardoso e Tempelman (2004), utilizando o modelo animal multirracial proposto por Lo et al. (1993) para estimar os efeitos genéticos fixos e aleatórios quando os componentes da raça e variância segregação eram desconhecidos, compararam o ajuste deste modelo em relação ao modelo animal convencional. Os autores demonstraram que, para avaliações genéticas de populações multirraciais, o modelo animal multirracial com variâncias genéticas heterogêneas deveria ser utilizado.

A existência de heterogeneidade de variâncias e covariâncias entre os grupos de raças puras e cruzadas (Facó et al., 2007; VanRaden et al., 2007; Oliveira et al., 2010; Toral et al., 2012) pode ser consequência dos diferentes processos de seleção aos quais foram submetidas as diferentes raças, ocasionando modificações em suas constituições genéticas, especialmente nas médias e variâncias em sentidos diferentes (Oliveira et al., 2001). Assim, modelar com

precisão os efeitos genéticos aditivos é importante para garantir a correta identificação dos animais de maior mérito genético (Toral et al., 2009).

Modelos multicaracterísticos (Facó et al., 2007; Vallée et al., 2013; Lukaszewicz et al., 2015) têm sido utilizados em avaliações genéticas multirraciais. Entretanto, modelos multicaracterísticos são restritos a avaliações de número reduzido de grupos genéticos. Por isso o uso de regressão aleatória via polinômios lineares do tipo *spline* pode ser uma alternativa viável em relação ao uso de modelos multicaracterísticos, pois permitem a avaliação de um grande número de grupos genéticos, mesmo daqueles com poucos dados.

2.3. Polinômios lineares do tipo *spline*

Polinômios *splines* são funções de regressão segmentadas sujeitas à restrições para que sejam interligadas em determinados pontos chamados de nós (Boor, 1978). Desta forma, cada coeficiente de uma função *spline* atua somente em uma parte da trajetória estudada (Misztal, 2006). A função *spline* mais simples é a linear, na qual os segmentos são ajustados por polinômios lineares (Bohmanova et al., 2005) e o ajuste destes pode ser realizado como proposto por Misztal (2006), cuja descrição é apresentada na sequência.

Assumindo n nós nos pontos $T_i (i = 1, \dots, n)$, e que $T_i \leq t < T_{i+1}$, tem-se que as covariáveis podem ser obtidas nos nós i e $i+1$ por meio das equações $\varphi_i(t) = \frac{T_{i+1} - t}{T_{i+1} - T_i}$ e

$\varphi_{i+1}(t) = 1 - \frac{T_{i+1} - t}{T_{i+1} - T_i}$, respectivamente. Para outros valores fora dos intervalos delimitados por

T_i e T_{i+1} , $\varphi_i(t) = 0$. Assumindo que o valor observado para o grupo genético corresponde

$$\text{exatamente ao nó ajustado, } \varphi_i(T_k) = \begin{cases} 1 & \text{se } i = k \\ 0 & \text{se } i \neq k \end{cases}.$$

Na função linear do tipo *spline* com cinco intervalos equidistantes pode-se observar que cada polinômio é diferente de zero no máximo para dois intervalos subjacentes (Figura 2.1).

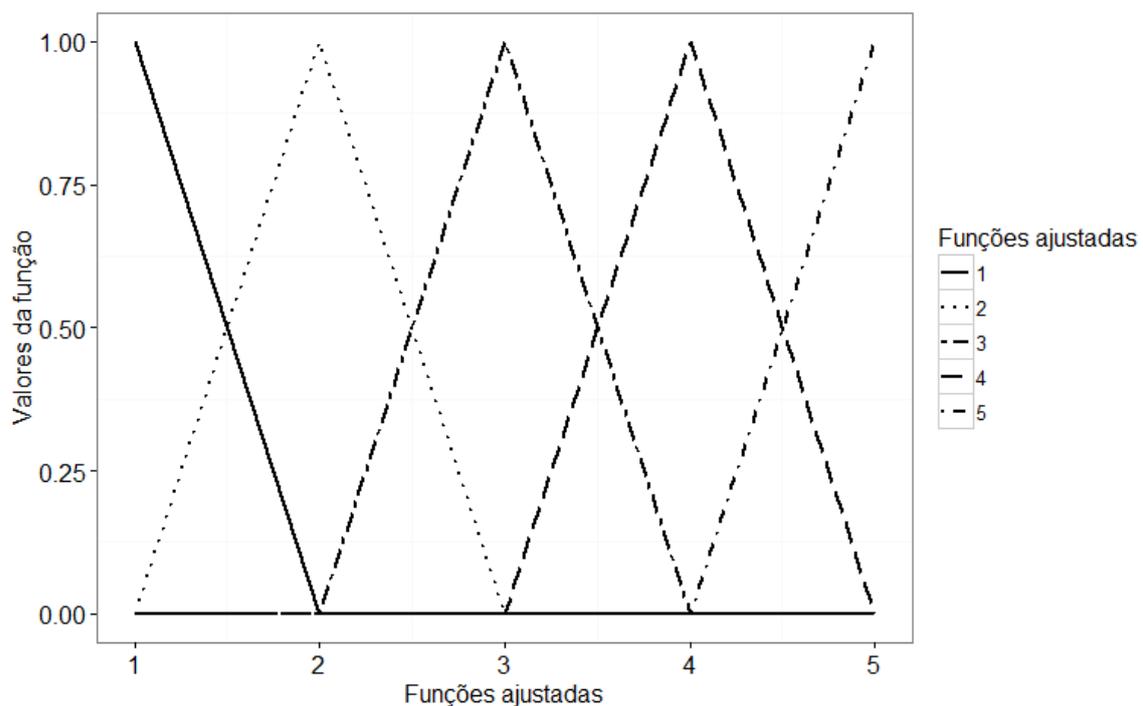


Figura 2.1 Valores das cinco funções de polinômios lineares *spline* ajustadas

Conforme demonstrado por Misztal (2006), quando polinômios lineares do tipo *spline* são utilizados para modelar os efeitos genéticos, as soluções para os coeficientes de regressão aleatória de cada animal representam os valores genéticos dos animais para cada nó especificado e as variâncias na matriz de covariâncias dos coeficientes de regressão aleatória representam as variâncias nos pontos representados pelos nós. Neste contexto, é possível obter valores genéticos dos animais em cada grupo ajustado pelos nós, inclusive em grupos com poucas informações. Além disso, é possível obter parâmetros genéticos tais como variâncias,

covariâncias e herdabilidades para cada grupo genético individualmente e desta forma verificar a existência de heterogeneidade de variâncias genéticas entre os diferentes grupos avaliados.

Com a aplicação de polinômios lineares tipo *spline* às avaliações genéticas multirraciais será possível predizer o valor genético de reprodutores e obter soluções distintas para cada grupo genético de progênes de maneira mais simples e com melhor aproveitamento dos dados, possibilitando melhoria da qualidade das avaliações genéticas.

3. ANÁLISE GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS EM POPULAÇÕES MULTIRRACIAIS DE BOVINOS LEITEIROS

3.1. Resumo

Os objetivos deste trabalho foram verificar se o modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* (MRAPLS) é adequado para a obtenção de parâmetros genéticos para as características de idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305), em uma população multirracial de bovinos leiteiros, bem como investigar a influência do grupo genético da progênie sobre o mérito genético do touro. Foram utilizados modelos multicaracterísticos (MULT) e MRAPLS com nós ajustados aos grupos genéticos, para obtenção dos parâmetros genéticos. O MRAPLS apresentou os melhores ajustes. As variâncias aditivas e residuais estimadas pelos modelos MULT e MRAPLS foram semelhantes. As herdabilidades variaram de 0,20 a 0,33 (IPP), 0,09 a 0,22 (DLAC) e 0,15 a 0,35 (P305), conforme a composição genética das vacas. Os MRAPLS são adequados para estimar parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em populações multirraciais de bovinos leiteiros. O mérito genético do touro é influenciado pelo grupo genético da progênie por meio do qual ele é avaliado.

Palavras chaves: correlação, herdabilidade, heterose, seleção

3.2. Introdução

O sucesso de um programa de melhoramento genético depende da definição do objetivo de seleção e da escolha dos genótipos mais adequados ao sistema de produção. A utilização de animais provenientes de diferentes estratégias de cruzamento para produção leiteira tem aumentado em função da possibilidade de melhorias em características produtivas (Heins et al., 2011), reprodutivas (Dhakal et al., 2013; Yao et al., 2014) e de adaptação (Berman, 2011), advindas do cruzamento.

Para que os resultados das avaliações genéticas desses animais sejam mais precisos, diferenças nas composições raciais, em termos de efeitos aditivos e não-aditivos e da heterogeneidade das variâncias, devem ser consideradas (Oliveira et al., 2001; Cardoso e Tempelman, 2004; VanRaden et al., 2007). Além disso, a existência de interação entre o valor genético do touro e o grupo genético de suas progênies (Vallée et al., 2013; Lukaszewicz et al., 2015) têm implicações no estabelecimento das estratégias de acasalamento que resultarão em maior benefício para as gerações futuras. Desse modo, realizar a avaliação genética considerando-se as características avaliadas em cada grupo genético de maneira distinta pode contribuir para melhoria da qualidade das avaliações em populações multirraciais.

Os modelos multicaracterísticos (MULT) permitem considerar uma característica qualquer (p.ex. a produção de leite) como sendo características diferentes de acordo com o grupo genético no qual ela é medida. Essa abordagem já foi utilizada por outros autores (Vallée et al., 2013; Lukaszewicz et al., 2015) e permite considerar diferenças nas variâncias e covariâncias. Entretanto, esses modelos tornam-se mais parametrizados à medida que o número de grupos genéticos aumenta. Uma alternativa para a redução dessa parametrização é o uso de modelos de regressão aleatória nas avaliações genéticas multirraciais.

O uso de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* (MRAPLS) é uma alternativa para situações onde o uso do modelo MULT é limitado. Misztal (2006) demonstrou que polinômios lineares do tipo *spline* podem ser utilizados para ajuste do efeito de uma variável contínua, como o percentual esperado de alelos de uma determinada raça. Esse autor também demonstrou que as (co)variâncias dos coeficientes de regressão aleatória dos polinômios são equivalentes as (co)variâncias entre as características avaliadas nos níveis definidos pelos nós dos polinômios. Ou seja, se os nós forem posicionados ao longo dos possíveis valores para o percentual de alelos provenientes de uma raça (p.ex. 0, 0,5, 0,75 e 1), as (co)variâncias dos coeficientes de regressão aleatória serão equivalentes as (co)variâncias entre a característica avaliada em animais com as quatro composições genéticas do exemplo (0, 0,5, 0,75 e 1). No MRAPLS, os nós podem ser posicionados em pontos de interesse ou com base na análise de critérios estatísticos. Sendo assim, esse modelo pode ser menos parametrizado que o modelo MULT para casos em que as (co)variâncias para alguns grupos intermediários (com pequeno número de observações) puderem ser obtidas por interpolação.

Os objetivos deste trabalho foram verificar se o modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* é adequado para a obtenção de parâmetros genéticos para as características de idade ao primeiro parto, duração da primeira lactação e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação em uma população multirracial de bovinos leiteiros, bem como investigar a influência do grupo genético da progênie sobre o mérito genético do touro.

3.3. Material e Métodos

Os dados fenotípicos foram provenientes do Serviço de Controle Leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando e compõem o Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Leite, gerenciado pela Embrapa Gado de Leite. As características analisadas foram idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305). Foram considerados os registros de vacas 1/2 Holandesa + 1/2 Gir (1/2HG), 5/8 Holandesa + 3/8 Gir (5/8HG) e 3/4 Holandesa + 1/4 Gir (3/4HG), provenientes de diferentes esquemas de cruzamento (Tabela 3.1).

Tabela 3.1. Esquemas de cruzamentos de touros e vacas de diferentes grupos genéticos, e suas respectivas progênes, e número de registros para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305) em uma população multirracial Holandesa – Gir

Cruzamentos ¹			IPP		DLAC		P305	
Touro	Vaca	Progênie	NT ²	NP ³	NT	NP	NT	NP
Gir	Holandesa	1/2HG	163	1.357	167	1.276	172	1.349
Sub-Total		-	163	1.357	167	1.276	172	1.349
5/8HG	3/8HG	1/2HG	25	36	25	35	25	36
5/8HG	5/8HG	5/8HG	169	1.140	167	1.106	171	1.152
5/8HG	7/8HG	3/4HG	81	455	80	428	82	447
Sub-total		-	185	1.631	184	1.569	189	1.635
3/4HG	1/4HG	1/2HG	10	12	9	11	9	11
3/4HG	1/2HG	5/8HG	60	279	58	272	60	286
3/4HG	3/4HG	3/4HG	93	719	88	685	90	718
Sub-total		-	103	1.010	98	968	101	1.015
Holandesa	Gir	1/2HG	460	2.490	438	2.295	454	2.459
Holandesa	1/4HG	5/8HG	437	1.578	440	1.499	450	1.589
Holandesa	1/2HG	3/4HG	684	3.748	668	3.551	693	3.757
Sub-total		-	1.008	7.811	980	7.345	1.013	7.805
Total		-	1.459	11.809	1.429	11.158	2.206	11.804

¹A fração na frente das letras HG representa o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa.

²NT = número de touros.

³NP = número de progênes.

Foram considerados apenas os registros de vacas com IPP entre 560 e 1.650 dias, nascidas entre os anos de 1997 e 2010 e que pariram entre os anos de 1998 e 2013. Foram considerados os dados de lactações encerradas por baixa produção ou pela proximidade do parto, sem registro de anormalidade. Apenas os dados de grupos de contemporâneas com pelo menos três registros e com filhas de pelo menos dois touros foram considerados (Tabela 3.2). Os grupos de contemporâneas foram formados pelas variáveis rebanho e ano de nascimento (para IPP) e rebanho e ano de parto (para DLAC e P305).

Tabela 3.2. Estatísticas descritivas da idade ao primeiro parto (IPP, em dias), duração da primeira lactação (DLAC, em dias) e produção leite em até 305 dias na primeira lactação (P305, em kg) em uma população multirracial de vacas 1/2 Holandesa + 1/2 Gir (1/2HG), 5/8 Holandesa + 3/8 Gir (5/8HG) e 3/4 Holandesa + 1/4 Gir (3/4HG)

Grupo genético ¹	Observações	NGC ²	Média	Desvio	Mínimo	Máximo
IPP						
1/2HG	3.895	813	1.024,24	187,40	564,00	1.637,00
5/8HG	2.997	781	1.075,05	192,50	590,00	1.619,00
3/4HG	4.917	832	1.041,57	191,17	574,00	1.611,00
DLAC						
1/2HG	3.617	753	278,04	94,67	61,00	684,00
5/8HG	2.877	690	274,49	100,41	61,00	695,00
3/4HG	4.664	934	301,70	106,65	61,00	700,00
P305						
1/2HG	3.855	788	4.243,47	2.268,63	200,65	15.354,70
5/8HG	3.027	711	3.580,09	1.985,46	200,54	13.182,96
3/4HG	4.922	867	4.497,60	2.079,47	200,54	14.088,00

¹A fração na frente das letras HG representa o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa.

²NGC= Número de grupos de contemporâneas.

Um modelo multicaracterístico (MULT), com três características, foi utilizado para análises de IPP, DLAC e P305. A mesma característica avaliada nos grupos genéticos 1/2HG, 5/8HG e 3/4HG foi considerada como sendo três características distintas. O modelo multicaracterístico pode ser representado como:

$$y_{ijklmn} = gc_i + m_j + b_1PHet_k + b_2PHol_l + b_3iv_m + b_4iv_m^2 + a_n + e_{ijklmn}$$

em que: y_{ijklmn} , representa o fenótipo da característica; gc_i , representa o efeito do grupo de contemporâneas i ; m_j , representa o efeito do mês j (mês do parto para DLAC e P305 ou mês do nascimento para IPP); b_1 , b_2 , b_3 e b_4 , representam os coeficientes de regressão que ajustam os efeitos de heterozigose, de percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa e idade da vaca ao parto (linear e quadrático), respectivamente; $PHet_k$ e $PHol_l$, representam os percentuais esperados de heterozigose k e de alelos de origem da raça Holandesa l , respectivamente; iv_m , representa a idade da vaca ao parto m ; a_n , representa o valor genético aditivo do animal n ; e e_{ijklmn} , representa o erro associado a cada observação. Os efeitos de idade da vaca ao parto (linear e quadrático) foram ajustados apenas para as características DLAC e P305.

O percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa ($PHol$) de cada animal foi obtido pela média do $PHol$ de seus pais, a partir do ancestral mais antigo. O percentual esperado de heterozigose ($PHet$) foi obtido por meio da expressão:

$$PHet = PHolp \times (1 - PHolm) + PHolm \times (1 - PHolp),$$

em que: $PHolp$ é o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa do pai, e $PHolm$ é o percentual esperado de alelos da raça Holandesa da mãe.

O modelo MULT pode ser representado sob a seguinte forma matricial:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ \sim \\ y_2 \\ \sim \\ y_3 \\ \sim \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \Phi & \Phi \\ \Phi & X_2 & \Phi \\ \Phi & \Phi & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \sim \\ \beta_2 \\ \sim \\ \beta_3 \\ \sim \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \Phi & \Phi \\ \Phi & Z_2 & \Phi \\ \Phi & \Phi & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ \sim \\ a_2 \\ \sim \\ a_3 \\ \sim \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ \sim \\ e_2 \\ \sim \\ e_3 \\ \sim \end{bmatrix},$$

em que: \tilde{y}_h representa o vetor de observações da característica h ($h = 1, 2$ e 3); X_h , a matriz de incidência dos efeitos fixos da característica h ; $\tilde{\beta}_h$, o vetor de soluções para os efeitos fixos; Z_h , a matriz de incidência dos efeitos genéticos aditivos diretos; $\tilde{\alpha}_h$, o vetor de soluções para os efeitos genéticos aditivos diretos; e \tilde{e}_h , o vetor de erros.

As características IPP, DLAC e P305 também foram avaliadas por modelos de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* (MRAPLS). Nestes modelos, os nós foram posicionados nos pontos 0,5, 0,625 e 0,75, que correspondem aos percentuais esperados de alelos de origem da raça Holandesa nos grupos genéticos 1/2HG, 5/8HG e 3/4HG. As variâncias residuais foram consideradas heterogêneas, sendo uma classe de variância para cada um dos três grupos genéticos.

Para ajuste dos MRAPLS, os percentuais esperados de alelos de origem da raça Holandesa ($PHol$) e de heterozigose ($PHet$) foram transformados em (co)variáveis ($\varphi_i(PHol)$) e ($\varphi_i(PHet)$), respectivamente. Assumindo n nós nos pontos T_i ($i = 1, \dots, n$), e que $T_i \leq t < T_{i+1}$, tem-se que as (co)variáveis podem ser obtidas nos nós i e $i + 1$ por meio das equações $\varphi_i(t) = \frac{T_{i+1} - t}{T_{i+1} - T_i}$ e $\varphi_{i+1}(t) = 1 - \frac{T_{i+1} - t}{T_{i+1} - T_i}$, respectivamente. Para outros valores fora dos intervalos delimitados por T_i e T_{i+1} , $\varphi_i(t) = 0$. Assumindo que o valor observado para o grupo genético corresponde exatamente ao nó ajustado, $\varphi_i(T_k) = \begin{cases} 1 & \text{se } i = k \\ 0 & \text{se } i \neq k \end{cases}$.

As trajetórias médias também foram ajustadas por polinômios lineares do tipo *spline*. Para $PHol$, os nós foram posicionados nos mesmos pontos definidos para ajuste dos efeitos genéticos. Para $PHet$, os nós foram posicionados nos pontos 0,375, 0,5 e 1. O modelo de regressão aleatória pode ser representado como:

$$y_{ijklmn} = gc_i + m_j + b_{1(he)} \sum_{he=1}^{H_3} \varphi_{he}(PHet_k) + b_{2(ho)} \sum_{ho=1}^{H_3} \varphi_{ho}(PHol_l) + b_3 iv_m + b_4 iv_m^2 + a_{n(ho)} \sum_{ho=1}^{H_3} \varphi_{ho}(PHol_l) + e_{ijklmn},$$

em que: $b_{1(he)}$, $b_{2(ho)}$, b_3 , b_4 , representam os coeficientes de regressão associados aos efeitos de heterozigose, percentual de alelos de origem da raça Holandesa e idade da vaca ao parto (linear e quadrático), respectivamente; $\varphi_{he}(PHet_k)$ e $\varphi_{ho}(PHol_l)$ representam os polinômios associados aos nós he e ho ; $a_{n(ho)}$, representa o coeficiente de regressão aleatória genético aditivo do animal n associado ao nó ho ; H_3 representa o número de nós associados aos efeitos de heterozigose e percentual de alelos de origem Holandesa; e e_{ijklmn} , representa o erro associado a cada observação, e os demais termos conforme a descrição anterior. O efeito da idade da vaca ao parto não foi incluído na análise de IPP. Também foram considerados os efeitos de grupo de contemporâneas e mês de nascimento (IPP) ou mês de parto (DLAC e P305).

Sob forma matricial, o modelo de regressão utilizado pode ser representado por:

$$\underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\beta} + \underset{\sim}{Z} \underset{\sim}{a} + \underset{\sim}{e},$$

em que: $\underset{\sim}{y}$, representa o vetor com os fenótipos observados; $\underset{\sim}{X}$, a matriz de incidência de efeitos fixos; $\underset{\sim}{\beta}$, o vetor com as soluções para os efeitos fixos; $\underset{\sim}{Z}$, a matriz de incidência dos coeficientes dos polinômios para modelar os efeitos genéticos aditivos diretos; $\underset{\sim}{a}$, um vetor com as soluções para os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos genéticos aditivos diretos; e $\underset{\sim}{e}$, um vetor com os resíduos.

As seguintes pressuposições foram assumidas para os efeitos incluídos no modelo

$$\text{MULT: } \begin{bmatrix} \underset{\sim}{\beta}_1 & \underset{\sim}{\beta}_2 & \underset{\sim}{\beta}_3 \end{bmatrix}^t \sim \text{constante}; \begin{bmatrix} \underset{\sim}{a}_1 & \underset{\sim}{a}_2 & \underset{\sim}{a}_3 \end{bmatrix}^t | A, G_0 \sim N\left(\begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}^t, G_0 \otimes A\right), \text{ e}$$

$\begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} | R_0 \sim N(\begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}^t, R_0 \otimes I)$; e para o modelo MRAPLS foram assumidas as seguintes pressuposições a priori $\beta \sim \text{constante}$, $a | A, G_0^* \sim N(0, G_0^* \otimes A)$, e $e/R^* \sim N(0, R^*)$.

Para ambos os modelos foram assumidas distribuições Wishart invertidas para as matrizes de (co)variância genéticas e residuais, sendo $G \sim IW(\Sigma_a^2, n_a)$ e $R \sim IW(\Sigma_e^2, n_e)$, em que: Σ_a^2 , Σ_e^2 , n_a e n_e representam os hiperparâmetros das distribuições Wishart invertidas. Informações sobre as distribuições condicionais completas a posteriori estão disponíveis em Sorensen e Gianola (2002).

As amostras das distribuições condicionais completas dos componentes de covariância foram obtidas por meio do amostrador de Gibbs utilizando o programa GIBBS3F90 (Misztal et al., 2014). Foram consideradas cadeias de 1.100.000 amostras, com descarte inicial de 100.000 amostras e amostragens dos valores dos componentes de (co)variância a cada 100 ciclos. O tamanho da cadeia foi definido em análises preliminares, segundo o método de Raftery e Lewis (1992), disponíveis no pacote BOA (Smith, 2005) do software R (The R Foundation for Statistical Computing, 2015). A convergência das cadeias definitivas foi avaliada por intermédio do critério proposto por Geweke (1992) disponível no mesmo programa e por inspeção visual dos valores amostrados a cada iteração.

3.4. Resultados e discussão

Os MRAPLS foram equivalentes aos modelos MULT, pois as médias das variâncias aditivas e residuais obtidas pelos dois modelos foram, de modo geral, semelhantes nos três

grupos genéticos em função da sobreposição dos intervalos de alta densidade (Tabela 3.3). Esse resultado está de acordo com o esperado, conforme demonstração de Misztal (2006).

Tabela 3.3. Médias *a posteriori* e limites dos intervalos de alta densidade, com 90% das amostras (entre parênteses), das variâncias genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2) e herdabilidades (h^2), estimadas por meio dos modelos multicaracterísticos (MULT) e regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* (MRAPLS), para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305) em vacas 1/2 Holandesa + 1/2 Gir (1/2HG), 5/8 Holandesa + 3/8 Gir (5/8HG) e 3/4 Holandesa + 1/4 Gir (3/4HG)

Grupo genético	σ_a^2	σ_e^2	h^2
MULT			
IPP ¹			
1/2HG	558 (335; 786)	1.461 (1.268; 1.659)	0,27 (0,17; 0,38)
5/8HG	245 (97; 372)	1.872 (1.716; 2.018)	0,11 (0,05; 0,17)
3/4HG	193 (74; 290)	1.741 (1.625; 1.856)	0,09 (0,04; 0,15)
DLAC ²			
1/2HG	1.043(413; 1.569)	5.605 (5.108; 6.202)	0,15 (0,06; 0,23)
5/8HG	1.051 (607; 1.511)	6.431(5.903; 6.929)	0,14 (0,08; 0,20)
3/4HG	804 (398; 1.175)	7.880 (7.425; 8.330)	0,09 (0,04; 0,13)
P305 ³			
1/2HG	684 (430; 948)	2.018 (1.795; 2.260)	0,25 (0,16; 0,34)
5/8HG	320 (200; 438)	1.626 (1.492; 1.756)	0,16 (0,10; 0,22)
3/4HG	284 (192; 377)	1.982 (1.871; 2.091)	0,12 (0,08; 0,16)
MRAPLS			
IPP ¹			
1/2HG	730 (488; 970)	1.448 (1.252; 1.660)	0,33 (0,16; 0,38)
5/8HG	283 (117; 428)	1.862 (1.704; 2.026)	0,13 (0,04; 0,19)
3/4HG	422 (268; 585)	1.627 (1.483; 1.770)	0,20 (0,13; 0,27)
DLAC ²			
1/2HG	1.549 (925; 2.139)	5.385 (4.815; 5.927)	0,22 (0,13; 0,30)
5/8HG	864 (528; 1.202)	6.599 (6.161; 7.053)	0,11 (0,07; 0,16)
3/4HG	826 (338; 1.275)	7.893 (7.398; 8.388)	0,09 (0,01; 0,20)
P305 ³			
1/2HG	1.042 (743; 1.324)	1.884 (1.161; 2.080)	0,35 (0,26; 0,44)
5/8HG	356 (227; 488)	1.541 (1.493; 1.764)	0,17 (0,11; 0,24)
3/4HG	362 (237; 491)	1.987 (1.856; 2.112)	0,15 (0,07; 0,16)

¹ Variâncias expressas em dias²x10⁻¹.

² Variâncias expressas em dias².

³ Variâncias expressas em kg²x10⁻³.

Os valores do *Deviance Information Criterion* (DIC) para os MRAPLS foram iguais a 41,88 (IPP); 29,88 (DLAC) e 98,25 (P305), e para os modelos MULT foram iguais a 79,40 (IPP); 43,20 (DLAC), e 246,24 (P305), e indicaram que MRAPLS apresentaram os melhores ajustes. A superioridade do MRAPLS em relação ao MULT, em termos de ajuste estatístico e de aplicabilidade, seria maior ainda se o número de grupos genéticos fosse maior. No caso do MULT, poderia haver problemas de estimabilidade e convergência para os componentes de (co)variância de grupos genéticos com poucos registros. Os dados desses grupos genéticos menos representativos poderiam ser excluídos para garantir estimabilidade e convergência no modelo MULT. No caso do MRAPLS, não há necessidade de incluir um nó para cada grupo genético. Os nós podem ser incluídos apenas para os grupos genéticos mais representativos e de maior interesse, ou com base em critérios estatísticos. Sendo assim, não haveria necessidade de excluir os registros daqueles grupos genéticos menos importantes se os dados fossem analisados com MRAPLS.

Outros trabalhos sobre avaliações multirraciais foram realizados com dados de bovinos de corte (Cardoso e Tempelman, 2004; Lukaszewicz et al., 2015) e de leite (Elzo et al., 2004; Heins et al., 2011; VanRaden et al., 2011). Nesses trabalhos ficou demonstrado que as variâncias e as herdabilidades são específicas para cada grupo genético. Os resultados do presente trabalho corroboram aqueles obtidos pelos autores supracitados, pois as variâncias genéticas aditivas e herdabilidades de IPP e P305 diferiram entre os grupos 1/2HG e 5/8HG e entre os grupos 1/2HG e 3/4HG (Tabela 3.3). As menores médias *a posteriori* foram observadas nos grupos 5/8HG e 3/4HG. Essas diferenças podem ser consequência dos diferentes processos e intensidades de seleção aos quais foram submetidos os diferentes grupos genéticos (Toral et al., 2012).

A intensa seleção exercida sobre a raça Holandesa para aumento da produção de leite (Heins et al., 2011; Sorensen et al., 2008) e o uso de um número pequeno de touros de maior

valor genético podem ter causado alterações na frequência dos alelos em de um curto período de tempo (Kim et al., 2013). Esses autores também afirmaram que houve aumento nas médias dos coeficientes de endogamia da raça Holandesa e consequente redução da variabilidade genética. Por isso, menores valores de variâncias genéticas foram encontrados, em geral, nos grupos com maior fração de alelos de origem da raça Holandesa (Tabela 3.3). Além disso, parcelas significativas das diferenças nas variâncias e herdabilidades entre grupos podem estar associadas a coleta de dados seletiva. Na prática, alguns grupos genéticos têm seus dados incluídos nos programas de melhoramento de populações multirraciais e outros grupos não possuem dados registrados. Também pode haver controle leiteiro seletivo em função do nível de produção da vaca.

As médias a *posteriori* das variâncias residuais de IPP, DLAC e P305 não diferiram nos três grupos genéticos em ambos os modelos (Tabela 3.3), pois houve sobreposição dos intervalos de alta densidade. Este resultado foi verificado como consequência da formação dos grupos de contemporâneas, onde animais de diferentes composições raciais fizeram parte de um mesmo grupo. Neste caso, seria impossível verificar as diferenças nas variâncias residuais em função das diferenças de ambiente impostas aos diferentes grupos genéticos. Como consequência das semelhanças nas variâncias residuais, as herdabilidades de IPP, DLAC e P305 seguiram as mesmas tendências já descritas para as variâncias genética aditivas.

As correlações entre os coeficientes de regressão aleatória utilizados para ajustar os valores genéticos para IPP e DLAC entre os grupos 1/2HG e 3/4HG e entre 5/8HG e 3/4HG não diferiram de zero, para ambos os modelos (Tabela 3.4). As correlações genéticas entre grupos 1/2HG e 5/8HG também não foram diferentes de zero com a utilização do modelo MULT (Tabela 3.4).

Tabela 3.4. Médias *a posteriori* e limites dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras (entre parênteses) das correlações entre os valores genéticos para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305) em uma população multirracional Holandesa – Gir de bovinos leiteiros, estimadas por meio dos modelos multicaracterísticos (MULT) e regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* (MRAPLS)

Grupos genéticos	IPP	DLAC	P305
MULT			
1/2HG - 5/8HG	0,55 (0,13; 0,96)	0,63 (0,37; 0,87)	0,33 (-0,10; 0,74)
1/2HG - 3/4HG	-0,35 (-0,84; 0,08)	0,10 (-0,83; 0,54)	0,64 (0,40; 0,84)
5/8HG -3/4HG	-0,15 (-0,84; 0,55)	0,81 (0,67; 0,95)	0,88 (0,80; 0,98)
MRAPLS			
1/2HG - 5/8HG	0,55(0,18; 0,94)	0,77 (0,33; 0,98)	0,52 (0,18; 0,89)
1/2HG - 3/4HG	-0,26 (-0,58; 0,07)	0,09 (-0,29; 0,47)	0,41 (0,14; 0,70)
5/8HG -3/4HG	0,23 (-0,24; 0,89)	0,52 (0,20; 0,85)	0,87 (0,73; 0,99)

No caso de P305, as correlações entre todos os grupos genéticos foram diferentes de zero quando o MRAPLS foi utilizado, sendo que a maior correlação foi verificada entre os grupos 5/8HG e 3/4HG (Tabela 3.4). As médias *a posteriori* das correlações genéticas entre os grupos 1/2HG e 5/8HG e entre 1/2HG e 3/4HG foram semelhantes entre si. Quando estimada pelo modelo MULT, a correlação entre os grupos 1/2HG e 5/8HG não foi diferente de zero (Tabela 3.4).

Os intervalos de alta densidade das correlações que incluem o valor zero merecem atenção, uma vez que as classificações de touros utilizados na formação desses genótipos podem variar em função do grupo genético das filhas que se pretende produzir. Neste caso, pode haver distorções ao selecionar animais de mérito genético superior como reprodutores quando avaliados por meio de dados de progênes de diferentes grupos. Por isso, a predição de valores genéticos para os touros de acordo com a composição genética das progênes poderá contribuir para a melhoria na qualidade da avaliação genética em populações multirraciais.

As reclassificações ocorridas entre os três touros com maior número de filhas, como consequência do grupo genético da progênie por meio do qual estes foram avaliados (Figura 1), corroboram os resultados obtidos por Martinez et al. (2000). Esses autores demonstraram que a seleção de touros Gir avaliados com base na produção de leite de suas filhas puras não resultou na seleção dos mesmos touros, quando estes foram avaliados pelo desempenho de suas filhas mestiças. É possível que diferenças nas capacidades específicas de combinação (Falconer e Mackey, 1996) de cada touro sejam responsáveis por parte das interações ocorridas entre os grupos genéticos de touros e vacas. Mesmo sob esse cenário de interação do valor genético do touro com o grupo genético da progênie, é importante considerar que a inclusão dos registros produtivos de animais provenientes de populações multirraciais pode levar ao aumento da acurácia das avaliações genéticas dos reprodutores de raça pura (VanRaden et al., 2007), como no caso das raças Holandesa e Gir.

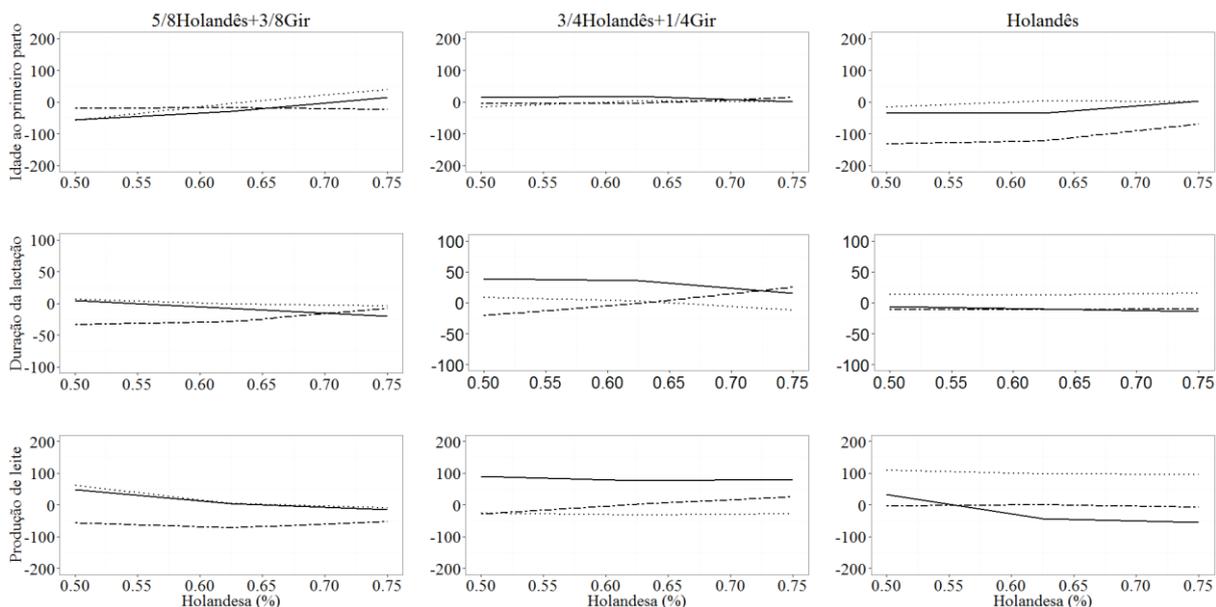


Figura 3.1. Valores genéticos para idade ao primeiro parto (IPP, em dias), duração da primeira lactação (DLAC, em dias) e produção de leite em até 305 dias de lactação (P305, em kg $\times 10^{-1}$) para os três touros 5/8Holandesa + 3/8Gir (5/8HG), 3/4Holandesa + 1/4Gir (3/4HG) e da raça Holandesa com maiores números de filhas avaliadas por meio do modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline*, de acordo com o grupo genético das filhas.

Verificou-se neste trabalho que a utilização de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline*, para avaliação genética de uma população multirracial de bovinos leiteiros, permite predizer o valor genético de reprodutores e obter soluções distintas para cada grupo genético de progênes. Além disso, o uso de polinômios *splines* garante simplificação das avaliações quando os nós são ajustados exatamente nos grupos genéticos que se pretende avaliar.

3.5. Conclusões

Modelos de regressão aleatória, via polinômios lineares do tipo *spline*, são adequados para estimar parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em populações multirraciais de bovinos leiteiros.

O mérito genético do touro é influenciado pelo grupo genético da progênie por meio do qual ele é avaliado.

4. AVALIAÇÃO GENÉTICA MULTIRRACIAL DE BOVINOS HOLANDÊS – GIR POR MEIO DA REGRESSÃO ALEATÓRIA COM POLINÔMIOS LINEARES DO TIPO *SPLINE*

4.1. Resumo

O objetivo deste trabalho foi modelar as variâncias genéticas da idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação (P305) de vacas mestiças Holandesa - Gir, e verificar a existência de interação entre o mérito genético do touro e o grupo genético da progênie. Os valores genéticos dos animais foram modelados via regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline*, com três, cinco e sete nós, dispostos de acordo com a fração da raça Holandesa em cada grupo genético. As variâncias residuais foram consideradas homogêneas ou heterogêneas. O modelo com sete nós para ajuste das trajetórias médias e efeitos genéticos, com variância residual homogênea, apresentou o melhor ajuste para IPP e DLAC. Já o modelo com cinco nós e variância residual homogênea foi o que apresentou o melhor ajuste para P305. As médias *a posteriori* de herdabilidade variaram de 0,21 a 0,48; 0,21 a 0,38 e de 0,10 a 0,33 para IPP, DLAC e P305 respectivamente. As correlações entre os valores genéticos dos touros para IPP, DLAC e P305 nos diferentes grupos genéticos avaliados não diferiram de zero. As avaliações genéticas multirraciais devem considerar a heterogeneidade de variâncias entre os diferentes grupos. Existe interação entre o touro avaliado e o grupo genético de sua progênie.

Palavras chaves: correlação, herdabilidade, parâmetros genéticos, seleção

4.2. Introdução

O uso de cruzamentos de raças leiteiras contribui para aumento do desempenho produtivo e econômico dos sistemas de produção (Dal Zotto et al., 2009; Sorensen et al., 2008; Wolfova et al., 2007). Além disso, a rusticidade dos animais *Bos indicus* aliada a alta produtividade dos animais *Bos taurus*, em condições de clima tropical (Berman, 2011), tem aumentado a utilização de animais mestiços nos sistemas de produção e suscitado a necessidade de desenvolvimento de alternativas para avaliação genética de populações multirraciais.

As avaliações genéticas fornecem informações que permitem identificar os animais de maior mérito genético e sua utilização racional permite modificar as médias das características de interesse ao longo das gerações. Populações multirraciais são formadas a partir da seleção e do cruzamento de animais de diferentes grupos genéticos, sendo provável que existam variâncias heterogêneas entre os grupos genéticos (Oliveira et al., 2001). Neste sentido, modelar corretamente as médias genotípicas e as covariâncias genéticas entre parentes (Lo et al., 1993), bem como considerar a existência de variâncias genéticas específicas para cada grupo (Elzo e Borjas, 2004; Facó et al., 2007; Vallée et al., 2013; Lukaszewicz et al., 2015) é relevante para avaliações genéticas multirraciais.

Misztal (2006) demonstrou que modelos de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* (PLS) podem ser utilizados para obtenção dos valores genéticos dos candidatos à seleção em pontos específicos, chamados nós. Os nós podem estar dispostos ao longo do gradiente definido por uma variável contínua de interesse (p.ex. idade ou dia de lactação), de modo que as covariâncias e as soluções dos coeficientes de regressão aleatória representam diretamente as variâncias e os valores genéticos para as características de interesse nesses nós (Misztal, 2006). Então, esses modelos de regressão aleatória com PLS também poderiam ser utilizados para avaliação genética multirracial porque a composição genética dos

animais pode ser expressa como uma variável contínua, ou seja, pode ser expressa como o percentual esperado de uma determinada raça nos animais com dados disponíveis.

O objetivo neste trabalho foi modelar as variâncias genéticas da idade ao primeiro parto, duração da primeira lactação e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação de vacas mestiças Holandesa – Gir, por meio de um modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* e verificar a existência de interação entre o mérito genético do touro e o grupo genético da progênie por meio do qual este é avaliado.

4.3. Material e Métodos

Os dados fenotípicos foram provenientes do Serviço de Controle Leiteiro da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando e compõem o Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Leite, gerenciado pela Embrapa Gado de Leite. As características analisadas foram idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305).

Foram considerados apenas os registros de vacas com IPP entre 560 e 1.650 dias, nascidas entre os anos de 1997 e 2010 e que pariram entre os anos de 1998 e 2013. Foram considerados os dados de lactações encerradas por baixa produção ou pela proximidade do parto, sem registro de anormalidade. Apenas os dados de grupos de contemporâneas com pelo menos três registros e com filhas de pelo menos dois touros foram considerados (Tabela 4.2). Os grupos de contemporâneas foram formados pelas variáveis rebanho e ano de nascimento (para IPP) e rebanho e ano de parto (para DLAC e P305). As composições raciais das vacas com dados válidos (Tabelas 4.1 e 4.2) variaram de Gir até 7/8 Holandesa + 1/8 Gir (7/8HG).

Tabela 4.1 – Esquemas de cruzamentos de touros e vacas de diferentes grupos genéticos, e suas respectivas progênes, e número de registros para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção leite em até 305 dias na primeira lactação (P305) em uma população multirracial Holandesa – Gir

Cruzamentos ¹			IPP		DLAC		P305	
Touro	Vaca	Progênie	NT ²	NP ³	NT	NP	NT	NP
Gir	G	G	50	132	49	128	51	134
Gir	1/2HG	1/4HG	144	516	133	433	139	488
Gir	3/4HG	3/8HG	142	472	139	441	145	465
Gir	7/8HG	7/16HG	65	138	60	126	62	134
Gir	H	1/2HG	169	1.398	171	1.318	175	1.391
Sub- Total			312	2.656	308	2.446	314	2.612
5/8HG	1/4HG	7/16HG	14	19	12	17	15	20
5/8HG	3/8HG	1/2HG	25	37	23	33	24	35
5/8HG	7/16HG	1/2HG	2	2	2	2	2	2
5/8HG	5/8 HG	5/8HG	174	1.155	168	1.120	172	1.163
5/8HG	7/8 HG	3/4HG	82	465	80	437	83	455
5/8HG	H	13/16HG	27	56	25	50	26	53
Sub- Total			200	1.734	191	1.659	199	1.728
3/4HG	G	3/8HG	2	3	2	3	2	3
3/4HG	1/4HG	1/2HG	10	12	9	11	9	11
3/4HG	1/2HG	5/8HG	61	284	58	273	60	287
3/4HG	3/4HG	3/4HG	94	736	91	702	93	734
3/4HG	7/8HG	13/16HG	20	41	20	39	21	42
3/4HG	H	7/8HG	14	31	13	29	13	30
Sub- Total			108	1.107	104	1.057	107	1.107
Holandesa	G	1/2HG	467	2.517	444	2.329	458	2.489
Holandesa	1/4HG	5/8HG	449	1.621	445	1.537	456	1.630
Holandesa	7/16HG	3/4HG	6	7	4	5	6	7
Holandesa	1/2HG	3/4HG	697	3.817	680	3.630	704	3.839
Holandesa	5/8HG	13/16HG	36	51	36	49	37	51
Holandesa	3/4HG	7/8HG	410	1.234	396	1.164	416	1.233
Sub- Total			1.129	9.247	1.089	8.714	1.127	9.249
Total			1.749	14.744	1.692	13.876	1.747	14.696

¹A fração na frente das letras HG representa o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa.

²NT = número de touros.

³NP = número de progênes.

Touros de quatro grupos raciais foram avaliados, sendo eles: Gir, 5/8 Holandesa + 3/8

Gir (5/8HG), 3/4 Holandesa + 1/4 Gir (3/4HG) e Holandesa.

Tabela 4.2 – Estatísticas descritivas da idade ao primeiro parto (IPP, em dias), duração da primeira lactação (DLAC, em dias) e produção leite em até 305 dias na primeira lactação (P305, em kg) de vacas Holandesa – Gir

Grupo Genético ¹	Observações	Média	Desvio	Mínimo	Máximo
IPP					
Gir	132	1.161,08	168,11	804,00	1.539,00
1/8HG	516	1.156,00	164,32	737,00	1.619,00
3/8HG	475	1.163,00	159,31	600,00	1.581,00
7/16HG	157	1.098,89	152,95	785,00	1.442,00
1/2HG	3.966	1.025,42	187,81	564,00	1.637,00
5/8HG	3.060	1.075,16	192,52	590,00	1.619,00
3/4HG	5.025	1.040,76	191,76	574,00	1.611,00
13/16HG	148	990,41	184,47	713,00	1.452,00
7/8HG	1.265	1.045,31	186,85	562,00	1.645,00
DLAC					
Gir	128	262,33	90,08	77,00	491,00
1/8HG	433	256,53	96,66	61,00	563,00
3/8HG	444	258,09	98,79	63,00	635,00
7/16HG	143	271,41	105,29	61,00	681,00
1/2HG	3.693	277,59	94,54	61,00	684,00
5/8HG	2.930	274,52	100,62	61,00	695,00
3/4HG	4.774	301,00	106,30	61,00	700,00
13/16HG	138	299,71	84,11	110,00	573,00
7/8HG	1.193	315,47	115,03	62,00	700,00
P305					
Gir	134	2.582,67	1.192,63	329,05	6.153,70
1/8HG	488	3.188,02	2.258,09	202,21	12.428,94
3/8HG	468	3.352,00	2.051,95	220,14	10.879,79
7/16HG	154	3.719,04	2.123,68	289,09	10.252,22
1/2HG	3.928	4.251,35	2.278,14	200,65	16.255,67
5/8HG	3.080	3.585,36	1.998,35	200,54	14.202,75
3/4HG	5.035	4.492,55	2.082,02	200,54	14.088,00
13/16HG	146	4.472,81	2.047,84	296,76	8.868,96
7/8HG	1.263	4.667,35	2.189,68	235,03	12.228,89

¹A fração na frente das letras HG representa o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa.

As características foram avaliadas por meio de seis modelos de regressão aleatória via polinômios lineares do tipo *spline* (MRAPLS) para modelar os valores genéticos dos touros em função da composição genética de suas filhas. As posições dos nós (Tabela 4.3) foram definidas

de acordo com os acasalamentos e número de observações existentes em cada grupo genético. Foram consideradas variâncias residuais homogêneas e heterogêneas para os modelos com três, cinco e sete nós. Foram definidas duas classes de variâncias residuais, de acordo com o grupo genético e por meio do número de observações em cada classe. A primeira classe foi composta por animais pertencentes aos grupos genéticos Gir até 5/8HG e a segunda classe composta por animais dos grupos genéticos 3/4HG até 7/8HG.

Tabela 4.3 – Posições dos nós para os modelos de regressão aleatória para análise da idade ao primeiro parto, duração da primeira lactação e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação de vacas provenientes de uma população multirracial Holandesa – Gir

Nós	Posição dos nós ¹
3	Gir, 1/2HG, 7/8HG
5	Gir, 1/4HG, 1/2HG, 3/4HG, 7/8HG
7	Gir, 3/8HG; 1/4HG, 1/2HG, 5/8HG 3/4HG, 7/8HG

¹ A fração na frente das letras HG representa o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa.

O percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa ($PHol$) de cada animal foi obtido pela média do $PHol$ de seus pais, a partir do ancestral mais antigo. O percentual esperado de heterozigose ($PHet$) foi obtido por meio da expressão:

$$PHet = PHol_p \times (1 - PHol_m) + PHol_m \times (1 - PHol_p),$$

em que: $PHol_p$ é o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa do pai, e $PHol_m$ é o percentual esperado de alelos da raça Holandesa da mãe.

Para ajuste dos MRAPLS, os valores ($PHol$) e ($PHet$) foram transformados em covariáveis ($\varphi_i(PHol)$) e ($\varphi_i(PHet)$), respectivamente. Assumindo n nós nos pontos $T_i (i = 1, \dots, n)$, e que $T_i \leq t < T_{i+1}$, tem-se que as covariáveis podem ser obtida nos nós i e $i + 1$ por meio das equações $\varphi_i(t) = \frac{T_{i+1} - t}{T_{i+1} - T_i}$ e $\varphi_{i+1}(t) = 1 - \frac{T_{i+1} - t}{T_{i+1} - T_i}$, respectivamente. Para outros

valores fora dos intervalos delimitados por T_i e T_{i+1} , $\varphi_i(t)=0$. Assumindo que o valor observado para o grupo genético corresponde exatamente ao nó ajustado,

$$\varphi_i(T_k) = \begin{cases} 1 & \text{se } i = k \\ 0 & \text{se } i \neq k \end{cases}.$$

O modelo de regressão aleatória utilizado pode ser representado como:

$$y_{ijklmn} = gc_i + m_j + b_{1(he)} \sum_{he=1}^{H_3} \varphi_{he}(PHet_k) + b_{2(ho)} \sum_{ho=1}^{H_n} \varphi_{ho}(PHol_l) + b_3 iv_m + b_4 iv_m^2 + a_{n(ho)} \sum_{ho=1}^{H_n} \varphi_{ho}(PHol_l) + e_{ijklmn},$$

em que: y_{ijklmn} , representa o fenótipo da característica; gc_i , representa o efeito do grupo de contemporâneas i ; m_j representa o efeito do mês de parto (para DLAC e P305) ou nascimento (para IPP); $b_{1(he)}$, $b_{2(ho)}$, b_3 , b_4 , representam os coeficientes de regressão associados aos efeitos de heterozigose, percentual de alelos de origem da raça Holandesa e idade da vaca ao parto (linear e quadrático), respectivamente; $\varphi_{he}(PHet_k)$ e $\varphi_{ho}(PHol_l)$ representam os polinômios associados aos nós he e ho ; iv_m , representa a idade da vaca ao parto m ; $a_{n(ho)}$, representa o coeficiente de regressão aleatória genético aditivo do animal n associado ao nó ho ; H_3 e H_n representam o número de nós para associado ao efeito de heterozigose e percentual de alelos de origem holandesa respectivamente, sendo H_n igual a 3, 5 ou 7; e_{ijklmn} , representa o erro associado a cada observação.

Sob forma matricial, o modelo de regressão utilizado pode ser representado por:

$$\tilde{y} = X \tilde{\beta} + Z \tilde{a} + \tilde{e},$$

em que: \underline{y} , representa o vetor com os fenótipos observados; X , a matriz de incidência de efeitos fixos; $\underline{\beta}$, o vetor com as soluções para os efeitos fixos; Z , a matriz de incidência dos coeficientes dos polinômios para modelar os efeitos genéticos aditivos diretos; \underline{a} , um vetor com as soluções para os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos genéticos aditivos diretos; e \underline{e} , um vetor com os resíduos.

Foram assumidas as seguintes pressuposições a priori: $\underline{\beta} \sim \text{constante}$, $\underline{a} | A, G_0^* \sim N(0, G_0^* \otimes A)$, e $\underline{e} | R^* \sim N(0, R^*)$. Distribuições Wishart invertidas foram assumidas para as matrizes de (co)variância genéticas e residuais, sendo $G \sim IW(\Sigma_a^2, n_a)$ e $R \sim IW(\Sigma_e^2, n_e)$, em que: Σ_a^2 , Σ_e^2 , n_a e n_e representam os hiperparâmetros das distribuições Wishart invertidas. Informações sobre as distribuições condicionais completas a posteriori estão disponíveis em Sorensen e Gianola (2002).

As amostras das distribuições condicionais completas foram obtidas por meio do amostrador de Gibbs utilizando o programa GIBBS3F90 (Misztal et al., 2014). Foram consideradas cadeias de 1.100.000 amostras, com descarte inicial de 100.000 amostras e amostragens dos valores dos componentes de covariância a cada 100 ciclos. O tamanho da cadeia foi definido em análises preliminares, segundo o método de Raftery e Lewis (1992), disponíveis no pacote BOA (Smith, 2005), do software R (The R Foundation for Statistical Computing, 2015). A convergência das cadeias definitivas foi avaliada por intermédio do critério proposto por Geweke (1992) disponível no mesmo programa e por inspeção visual dos valores amostrados a cada iteração.

As comparações entre os modelos foram realizadas com base no critério de ajuste, *Deviance Information Criterion* (DIC) proposto por Spiegelhalter et al. (2002):

$DIC = 2\overline{D}(\theta) - D(\theta)$, em que: $\overline{D}(\theta) = E_{\theta|y}[D(\theta)]$, representa a esperança a *posteriori* dos desvios bayesianos e $D(\theta) = -2 \log p(y | \theta)$, indica a qualidade de ajuste do modelo.

4.4. Resultados

O modelo com sete nós para ajuste das trajetórias médias e efeitos genéticos, com variância residual homogênea, apresentou o melhor ajuste para IPP e DLAC (Tabela 4.4). Para P305, o modelo de melhor ajuste das trajetórias médias e efeitos genéticos foi aquele com cinco nós (trajetórias médias e efeitos genéticos) e variância residual homogênea (Tabela 4.4).

Tabela 4.4 – Valores do *Deviance Information Criterion* ($\times 10^{-3}$) dos modelos de regressão aleatória para análise da idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação (P305) de vacas mestiças Holandesa – Gir

Nós	Variância residual	IPP	DLAC	P305
3	Homogênea	53,22	36,79	122,24
3	Heterogênea	53,13	36,70	121,96
5	Homogênea	52,60	36,72	121,76
5	Heterogênea	53,17	37,16	122,28
7	Homogênea	51,38	36,23	122,14
7	Heterogênea	52,22	36,27	121,80

As médias a *posteriori* das variâncias genéticas e herdabilidades para IPP reduziram à medida que a fração de alelos de origem da raça Holandesa aumentou (Figura 4.1). No caso da DLAC, as variâncias genéticas e herdabilidades foram constantes entre os grupos genéticos Gir e 5/8HG, pois houve sobreposição dos intervalos de alta densidade nestes grupos, com

tendência de aumento após esse segundo ponto. As médias a *posteriori* das variâncias e herdabilidades de P305 foram mais altas nos grupos genéticos 1/2HG e 7/8HG e, de modo geral, os menores valores para estes parâmetros foram observados nos grupos Gir e 3/4HG, com sobreposição dos intervalos de alta densidade. Estes resultados revelam que as respostas à seleção podem ser diferentes entre os grupos genéticos, caso seja considerada a mesma intensidade de seleção. As variâncias residuais para IPP, DLAC e P305 foram 14.521,00 dias²; 6.030,16 dias² e 1.728.560,00 kg², respectivamente.

Informações detalhadas das médias a *posteriori* e limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade para as variâncias genéticas aditivas e herdabilidades encontram-se no Anexo A.

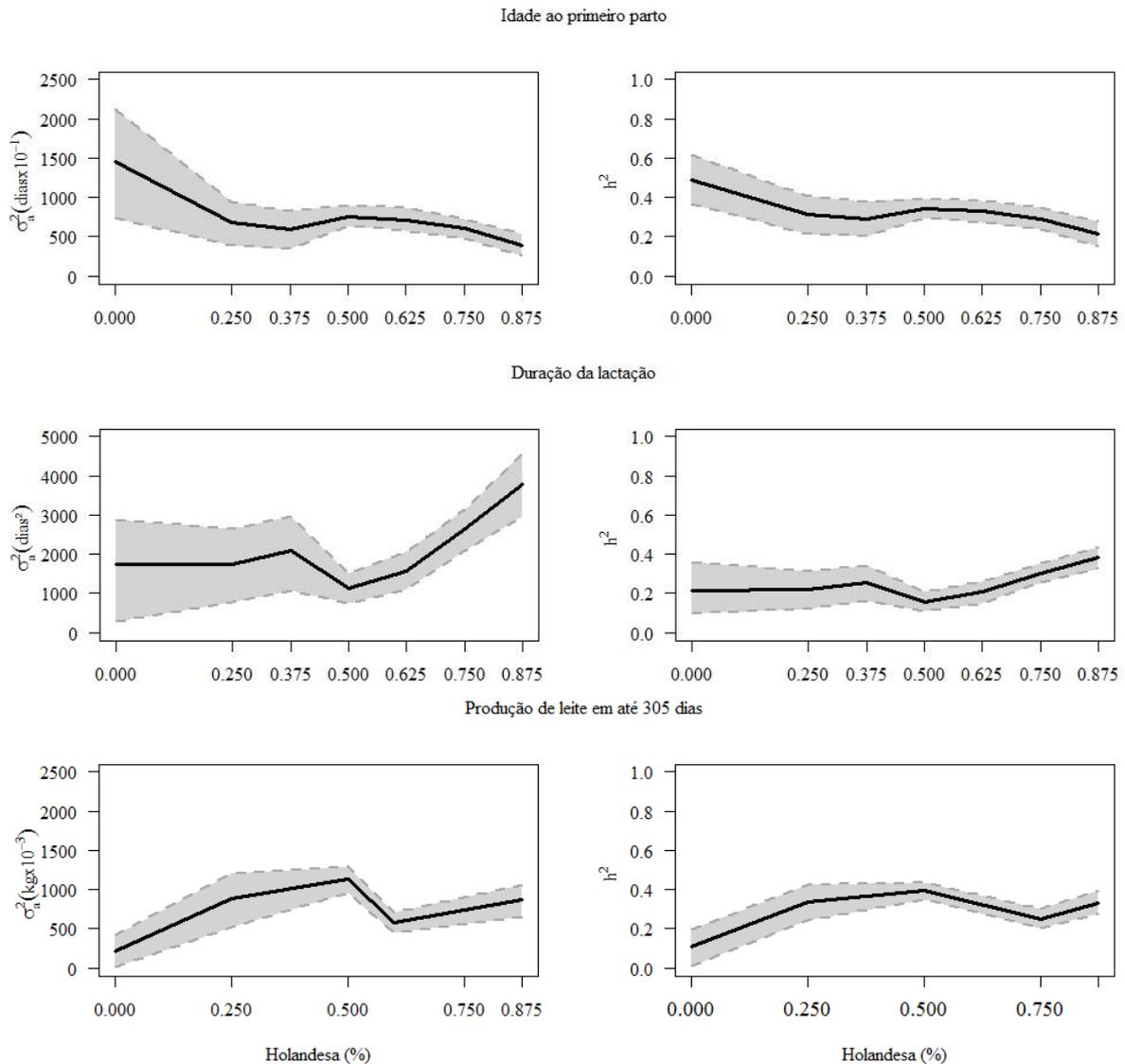


Figura 4.1 – Variâncias genéticas (esquerda) e herdabilidades (direita) para idade ao primeiro parto, duração da primeira lactação e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação de vacas mestiças Holandesa – Gir, em função do percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa. As marcas no eixo x representam os pontos (grupos genéticos) onde foram posicionados nós.

De maneira geral, as correlações entre os coeficientes de regressão aleatória utilizados para ajustar os valores genéticos para IPP, DLAC e P305 ao longo das diferentes composições raciais foram nulas (Tabela 4.5). Sendo assim, os valores genéticos e as classificações dos touros dos grupos genéticos G, 5/8HG, 3/4HG e Holandesa dependem dos grupos genéticos de

suas progênies. Informações detalhadas das médias *a posteriori* e limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade para as covariâncias genéticas encontram-se no Anexo B.

Tabela 4.5 – Médias *a posteriori* e limites dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras (entre parênteses) das correlações entre os coeficientes de regressão aleatória utilizados para ajustar os valores genéticos para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias na primeira lactação (P305) em uma população multirracial Holandesa – Gir

Grupos Genéticos ¹	IPP	DLAC	P305
Gir - 3/8HG	0,09 (-0,52; 0,69)	0,07 (-0,48; 0,61)	
Gir - 1/4HG	0,04 (-0,56; 0,57)	0,02 (-0,61; 0,61)	0,12(-0,73; 0,80)
Gir - 1/2HG	0,18 (-0,86; 0,38)	0,19 (-0,43; 0,80)	0,18 (-0,52; 0,80)
3/8HG - 1/4HG	-0,24 (-0,30; 0,76)	0,14 (-0,26; 0,68)	
3/8HG - 1/2HG	-0,13 (-0,60; 0,37)	0,11 (-0,37; 0,65)	
1/4HG - 1/2HG	-0,17 (-0,77; 0,30)	0,39 (0,00; 0,78)	0,36 (-0,02; 0,68)
1/4HG - 5/8HG	-0,02 (-0,61; 0,53)	0,35 (-0,47; 0,54)	
1/2HG - 5/8HG	0,10 (-0,26; 0,46)	0,20 (-0,17; 0,56)	
1/2HG - 3/4HG	-0,18 (-0,44; 0,07)	0,11 (-0,17; 0,41)	0,07 (-0,11; 0,26)
1/2HG - 7/8HG	0,06 (-0,44; 0,44)	0,42 (-0,35; 0,47)	0,36 (-0,03; 0,69)
5/8HG - 3/4HG	0,00 (-0,27; 0,38)	0,08 (0,12; 0,73)	
5/8HG - 7/8HG	0,00 (-0,39; 0,41)	0,06 (-0,31; 0,45)	
3/4HG - 7/8HG	0,13 (-0,20; 0,47)	0,06 (-0,22; 0,44)	0,14 (-0,20;0,46)

¹As frações representam o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa.

Na Figura 4.2 é possível observar as variações nos valores genéticos de alguns reprodutores para as características estudadas, de acordo com as composições genéticas de suas progênies. Apesar das mudanças observadas, juntamente com as correlações nulas apresentadas na Tabela 4.5, é possível observar que os valores genéticos de alguns reprodutores foram praticamente constantes, independente da composição genética de suas progênies.

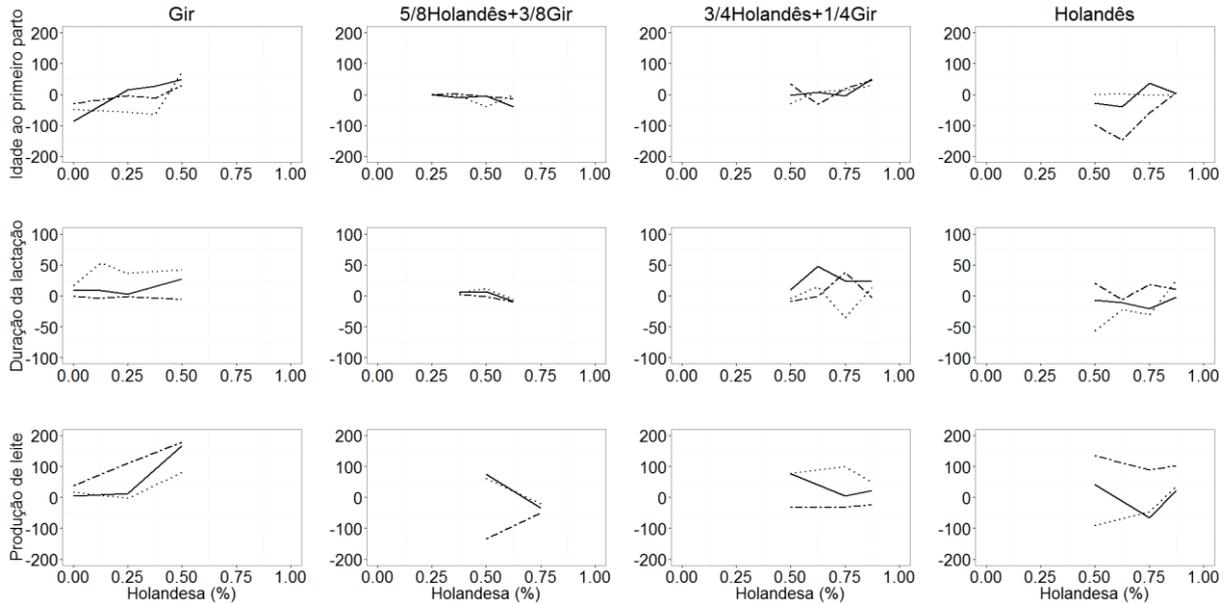


Figura 4.2 – Valores genéticos para idade ao primeiro parto (IPP, em dias), duração da primeira lactação (DLAC, em dias) e produção de leite em até 305 dias de lactação (P305, em kg $\times 10^{-1}$) para os três touros Gir, 5/8Holandesa + 3/8Gir (5/8HG), 3/4Holandesa + 1/4Gir (3/4HG) e da raça Holandesa com maiores números de filhas avaliadas, de acordo com o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa.

Os resultados apresentados na Tabela 4.5 e na Figura 4.2 evidenciaram que touros de composições raciais distintas, quando avaliados a partir de filhas de diferentes grupos genéticos, têm méritos genéticos distintos. Sendo assim, é necessário que as avaliações genéticas multirraciais sejam realizadas de maneira correta para que este fator seja considerado.

4.5. Discussão

Em função do uso de seleção e cruzamento para a formação de raças sintéticas, as diferentes gerações caracterizadas pelos diversos grupos genéticos apresentam heterogeneidade de variâncias (Facó et al., 2007). Por isso, os modelos mais adequados para estimação dos componentes de covariância de características mensuradas em animais provenientes de populações multirraciais são aqueles que consideram a existência de variâncias específicas para cada grupo genético (Oliveira et al., 2001; Caroso e Tempelman, 2004, Oliveira et al., 2010; Toral et al., 2012). Modelos de regressão aleatória, via polinômios lineares *spline*, permitem modelar variâncias heterogêneas (Bohmanova et al., 2005) e por isso são adequados para realização de avaliações genéticas multirraciais.

Trabalhos sobre avaliações multirraciais foram realizados com dados de bovinos de corte (Cardoso e Tempelman, 2004; Toral et al., 2012; Lukaszewicz et al., 2015) e de leite (Elzo et al., 2004; Facó et al., 2007; Heins et al., 2011; VanRaden, 2011). Ficou demonstrado, nestes trabalhos, que as variâncias e herdabilidades são específicas para cada grupo genético. As diferenças nas variâncias genéticas entre grupos podem ser atribuídas a diferentes processos de seleção e diferentes intensidades de seleção praticadas em cada grupo genético (Toral et al., 2012). Na prática, também pode haver coleta de dados seletiva, onde alguns grupos genéticos têm seus dados incluídos nos programas de melhoramento de raças sintéticas e outros grupos não possuem dados registrados. Esses dois fatores podem ser responsáveis por parcelas significativas das diferenças nas variâncias e herdabilidades entre grupos (Figura 4.1).

Em trabalhos anteriores, com gado de corte, tentou-se considerar as diferenças nas variâncias genéticas e residuais. Em estudo sobre a inferência heterocedástica em parâmetros e valores genéticos multirraciais, Oliveira et al. (2011) demonstraram que a variabilidade residual diminui com o aumento da proporção de uma raça de origem *Bos taurus* e ainda verificaram

que o incremento da heterozigosidade, reduz a variabilidade residual. Toral et al. (2012) sugeriram que as diferenças nas variâncias residuais em função do grupo genético podem ser atribuídas ao fato de que, em geral, animais de diferentes grupos genéticos são submetidos a diferentes sistemas de alimentação e de manejo para que o potenciais genéticos de cada grupo sejam devidamente explorados. Entretanto, na base de dados do presente trabalho, animais de grupos genéticos distintos geralmente fazem parte do mesmo grupo de contemporâneas e, desta forma, não seria possível identificar as diferenças inerentes às raças que poderiam contribuir para a identificação de diferenças nas variâncias residuais. Os resultados apresentados no capítulo anterior (Tabela 3.3) confirmam que não houve diferenças nas médias *a posteriori* para variâncias residuais observadas em diferentes grupos genéticos.

Os valores baixos, ou mesmo nulos, observados para as correlações entre os valores genéticos para uma mesma características em progênes puras ou mestiças podem estar relacionadas com os diferentes níveis de heterozigose existente nesses grupos, informações incompletas de genealogia e a inconsistência na distribuição de observações de progênes cruzadas de cada touro nos grupos de contemporâneos (Lukaszewicz et al., 2015). As correlações entre os valores genéticos verificadas no presente trabalho (Tabela 4.5) corroboram os resultados obtidos por Martinez et al. (2000). Os autores citados demonstraram que a seleção de touros Gir avaliados com base na produção de leite de suas filhas puras não resultaria na seleção dos mesmos touros, quando estes forem avaliados pelo desempenho de suas filhas mestiças, e vice-versa.

Resultados obtidos por Vallée et al. (2013) demonstraram que o valor genético do touro é influenciado pela composição genética da progênie por meio das quais estes touros são avaliados. Os resultados do presente trabalho corroboram aqueles de Vallé et al. (2013) como pode ser observado nas correlações entre os valores genéticos, em geral nulas (Tabela 4.5), e pelas reclassificações ocorridas entre os touros em função do grupo genético das progênes

(Figura 4.2). Os valores genéticos, com base na produção de leite da progênie, de touros obtidos em um arquivo contendo dados de progênes mestiças foram avaliados por Facó et al. (2007) e Martinez et al. (2000). Estes autores concluíram que a seleção de touros avaliados com base nos dados de filhas puras não resulta na seleção dos mesmos touros que seriam escolhidos a partir das avaliações genéticas dos dados de suas filhas mestiças, e o contrário também acontece.

A obtenção de valores genéticos para os touros em função da composição genética das progênes contribui para a melhoria na qualidade da avaliação genética de animais provenientes de populações multirraciais, pois as mudanças genéticas decorrentes da seleção são diferentes para cada grupo genético. Desta maneira, a classificação e utilização dos animais pode ser realizada de maneira mais eficiente, levando ao direcionamento mais preciso dos touros a serem utilizados nos cruzamentos, garantindo maior progresso genético.

A utilização de regressão aleatória via polinômios lineares do tipo *spline* em substituição aos de modelos multicaracterísticos é uma alternativa viável para a realização de avaliações genéticas multirraciais. Os PLS permitem modelar a heterogeneidade de variâncias e obter parâmetros específicos para cada nó (Bohmanova et al., 2005). Em avaliações multirraciais, cada nó pode representar um grupo genético. Os parâmetros e valores genéticos resultantes das análises que utilizam PLS são obtidos de maneira simplificada, pois as soluções destes coeficientes já fornecem diretamente o valor genético dos animais nos grupos genéticos nos quais os nós foram ajustados.

4.6. Conclusões

As estimativas dos parâmetros e valores genéticos preditos para idade ao primeiro parto, duração da primeira lactação e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação em bovinos leiteiros multirraciais dependem da composição genética das progênes a partir das quais são realizadas as avaliações.

Os valores genéticos dos touros são influenciados pelo grupo genético da progênie por meio do qual os touros são avaliados.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Em um programa de melhoramento genético, o principal objetivo é alterar a média das características de interesse econômico, de forma a elevar o lucro do sistema produtivo. Estas alterações podem ser obtidas por meio da utilização racional das avaliações genéticas. Portanto, é fundamental que essas avaliações sejam realizadas de maneira apropriada.

Grande parte das populações de bovinos leiteiros no Brasil é formada por animais de diferentes grupos genéticos provenientes de cruzamentos entre animais *Bos indicus* e *Bos taurus*. Por isso, avaliações genéticas que levam em consideração o caráter multirracial de populações compostas por duas ou mais raças são apropriadas e necessárias. É importante ressaltar que touros de diferentes composições raciais não competem entre si, pois o que determina a escolha do grupo genético destes touros é o grupo genético de progênes que se pretende produzir e as fêmeas disponíveis para reprodução na ocasião. Por isso, a comparação entre touros de grupos genéticos diferentes não é relevante, mas sim como reprodutores de um mesmo grupo genético podem contribuir para diferentes respostas a seleção na produção de um mesmo grupo genético de progênes.

Avaliações que identificam e classificam reprodutores de genética superior de maneira mais acurada contribuem para aumentar a resposta a seleção da população como um todo. Por isso, avaliações genéticas de populações multirraciais devem ser realizadas por meio de modelos estatísticos que sejam capazes de ajustar a heterogeneidade de variâncias genéticas de diferentes grupos e, ainda, modelos que sejam capazes de identificar a interação existente entre os valores genéticos de reprodutores e o grupo genético da progênie a partir do qual estes são avaliados.

Avaliações genéticas multirraciais podem ser realizadas por meio de modelos multicaracterísticos, pois estes permitem modelar variâncias heterogêneas e diferenças nas correlações entre os grupos genéticos, como demonstrado no primeiro trabalho. Entretanto, em situações com muitos grupos genéticos ou de grupos com poucas informações, o uso deste modelo é limitado. Neste sentido, demonstrou-se no segundo trabalho que polinômios lineares do tipo *spline* podem ser úteis para avaliações genéticas multirraciais por se adequarem as limitações dos modelos multicaracterísticos, pois permitem a avaliação de um maior número de grupos genéticos, inclusive daqueles com poucos dados ou intermediários aos nós.

A utilização de regressão aleatória via polinômios lineares do tipo *spline*, para avaliação genética multirracial permite predizer o valor genético de reprodutores e obter soluções distintas para cada grupo genético da progênie. Além disso, foi demonstrado que o uso de polinômios *splines* garante simplificação das avaliações, pois os nós podem ser ajustados exatamente nos grupos genéticos que se pretende avaliar, obtendo-se os valores genéticos dos reprodutores diretamente.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARNOLD, J.W.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Animal model for genetic evaluation of multibreed data. *J Anim Sci.*, v.70, p. 3322-3332, 1992.

BERMAN, A. Invited review: Are adaptations present to support dairy cattle productivity in warm climates? *J Dairy Sci.*, v. 94, p. 2147-2158, 2011.

BOHMANOVA, J.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Studies on multiple trait and random regression models for genetic evaluation of beef cattle for growth. *J Anim Sci.*, v. 83, p.62-67, 2005.

BOOR, C. (Ed). A practical guide to splines. Estados Unidos: Springer. 1978. 348p.

CANAZA-CAYO, A.W.; LOPES, P.S.; SILVA, M.V.G.B.; et al. Estrutura populacional da raça Girolando. *Cien Rural*, v. 44, p. 2072-2077, 2014.

CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Hierarchical bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. *J Anim Sci.*, v.82, p. 1589-1601, 2004.

CARVALHEIRO, R. FRIES, L.A.; SCHENKEL, F.S.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeitos da heterogeneidade de variância residual entre grupos de contemporâneos na avaliação genética de bovinos de corte. *R Bras Zootec.*, v. 31, p. 1680-1688, 2002.

DAL ZOTTO, R.; PENASA, M.; DE MARCHI, M. et al. Use of crossbreeding with beef bulls in dairy herds: Effect on age, body weight, price, and market value of calves sold at livestock auctions. *J Anim Sci.*, v. 87, p. 3053-3059, 2009.

DHAKAL, K.; MALTECCA, C.; CASSADY, J.P. et al. Calf birth weight, gestation length, calving ease, and neonatal calf mortality in Holstein, Jersey, and crossbred cows in a pasture system. *J Dairy Sci.*, v. 96, p. 690-698, 2013.

DICKERSON, G.E. Experimental approaches in utilizing breed resources. *Anim Breed Abstracts*, v.37, p. 91-202, 1969.

DICKERSON, G.E. Inbreeding and heterosis in animals. In: Proceedings of the animal breeding and genetics simposium in honor of dr. J. L. Lush (Ed). American Society Animal Science. Champaign, 1973. p. 54 – 77.

ELZO, M.A.; BORJAS, D.L.R. Perspectivas da avaliação genética multirracial em bovinos no Brasil. *Ciec Anim Bras.*, v. 5, p. 171-185, 2004.

ELZO, M.A.; JARA, A.; BARRIA, N. Genetic parameters and trends in the Chilean multibreed dairy cattle population. *J Anim Sci.*, v. 87, p. 1506-1518, 2004.

FACÓ, O.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, N.B. et al. Heterogeneidade de (co)variância para a produção de leite nos grupos genéticos formadores da raça Girolando. *Rev Ciênc Agron.*, v. 38, p. 304-309, 2007.

FACÓ, O.; LÔBO, R.N.B.; FILHO, R.M. et al. Efeitos genéticos aditivos e não-aditivos para características produtivas e reprodutivas em vacas mestiças Holandesa × Gir. *R Bras Zootec.*, v. 37, p. 48-53, 2008.

FALCONER, D.S.; MAKAY, T.F.C. Introduction to Quantitative Genetics. Essex: Longman Scientific & Technical, 1996. 464p.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: Bayesian statistics. (Ed). Oxford: Oxford University Press, 1992. p. 1-31.

GUIMARÃES, J.D.; ALVES, N.G.; COSTA, E.P. et al. Eficiências reprodutiva e produtiva em vacas das raças Gir, Holandesa e cruzadas Holandesa x Zebu. *R Bras Zootec.*, v. 31, p. 641-647, 2002.

HEINS, B.J.; HANSEN, L.B.; HAZEL, A.R. et al. Birth traits of pure Holstein calves versus Montbeliarde-sired crossbred calves. *J Dairy Sci.*, v. 93, p. 2293-2299, 2010.

HEINS, B.J.; HANSEN, L.B.; HAZEL, A.R. et al. Short communication: Jersey × Holstein crossbreeds compared with pure Holsteins for production, mastitis, and body measurements during the first 3 lactations. *J Dairy Sci.*, v.94, p. 501-506, 2011.

HEINS, B.J.; HANSEN, L.B.; HAZEL, A.R. et al. Short communication: Jersey × Holstein crossbreeds compared with pure Holsteins for body weight, body condition score, fertility, and survival during the first three lactations. *J Dairy Sci.*, v. 95, p. 4130-4135, 2012.

KIM, E.S.; COLE, J.B.; HUSON, H. et al. Effect of artificial selection on runs of homozygosity in U.S. Holstein cattle. *Plos One*, v. 8, p. 808-813, 2013.

LO, L.L.; FERNANDO, R.L.; GROSSMAN, M. Covariance between relatives in multibreed populations: additive model. *Theor Appl Genet.*, v. 87, p. 423-430, 1993.

LUKASZEWICZ, M.; DAVIS, R.; BERTRAND, J.K. et al. Correlations between purebred and crossbred body weight traits in Limousin and Limousin-Angus populations. *J Anim Sci.*, v. 93, p. 1490- 493, 2015.

MADALENA, F.E.; TEODORO, R.L.; LEMOS, A.M.; MONTEIRO, J.B.N. Evaluation of strategies for crossbreeding of dairy cattle in Brazil. *J Dairy Sci.*, v. 73, p. 1881-1901, 1990.

MARTINEZ, M.L.; VERNEQUE, R.S.; TEODORO, R.L. et al. Relações entre as capacidades preditas de transmissão de touros Gir e a produção de leite de suas filhas puras e mestiças. *R Bras Zootec.*, v. 29, p. 692-699, 2000.

MISZTAL, I. Properties of random regression models using linear splines. *J Anim Breed Genet.*, v. 123, p. 74-80, 2006.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENÇO, D. et al. Manual for BLUPF90 family of programs. Georgia: Athens: University of Georgia, 2014, 125p.

OLIVEIRA, C.A.L.; MARTINS, E.N.; FREITAS, A.R.; ALENCAR, M.M. Heterogeneidade de variâncias nos grupos genéticos formadores da raça Canchim. *R Bras Zootec.*, v. 30, p. 1212-1219, 2001.

OLIVEIRA, M.M.; CARDOSO, F.F.; OSÓRIO, J.C.S. Componentes de variância e parâmetros genéticos em uma população multirracial Nelore-Angus sob enfoque Bayesiano. *R Bras Zootec.*, v. 39, p. 2426-2433, 2010

OLIVEIRA, M.M.; CARDOSO, F.F.; OSÓRIO, J.C.S. Inferência robusta e heterocedástica em componentes de variância, parâmetros e valores genéticos multirraciais. *R Bras Zootec.*, v. 40, p. 772-780, 2011.

PANETTO, J.C.C.; VERNEQUE, R.S.; PEIXOTO, M.G.C.D. et al. Programa nacional de melhoramento do gir leiteiro (PNMGL) – sumário brasileiro de touros – resultado do teste de progênie – 7^a prova de pré- seleção de touros – maio 2016. Juiz de Fora, 2016. Disponível em: <http://girleiteiro.org.br/arquivos/1950.pdf>. Acesso em: 12 set. 2016.

PRYCE, J.E.; DAETWYLER, H.D. Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: a review of international research. *Anim Prod.*, v. 52, p. 107-114, 2012.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. 2015. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

RAFTERY, A.L; LEWIS, S. One long run with diagnostics: implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. *Stat Sci.*, v. 7, p. 493-497, 1992.

SILVA, M.V.G.B.; MARTINS, M.F.; PAIVA, L.C. et al. Programa de melhoramento genético da raça Girolando – sumário de touros – resultado do teste de progênie – 3^a prova de pré- seleção de touros – julho 2015. Juiz de Fora, 2015.

SMITH, B.J. Bayesian Output Analysis program (BOA) version 1.1 user's manual. 2005. Disponível em: <<http://www. public-health.uiowa.edu/boa/ BOA.pdf>>. Acessado em: 29 Jul. 2013.

SORENSEN, D.; GIANOLA, D. Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics. *Springer*. 2002. 740 p.

SORENSEN, M.K.; NORBERG, E.; PEDERSEN, J.; CHEISTENSENS, L.G. Invited review: crossbreeding in dairy cattle: A Danish Perspective. *J Dairy Sci.*, v. 91, p. 4116-4128, 2008.

SPIEGELHALTER, D.J.; BEST, N.G.; CARLIN, B.P. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. *J Roy Statist Soc Ser B.*, v. 64, p. 583-639, 2002.

TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Estruturas de variância residual para estimação de funções de covariância para o peso de bovinos da raça Canchin. *R Bras Zootec.*, v. 38, p. 2152-2160, 2009.

TORAL, F.L.B.; TORRES JÚNIOR, R.A.A.; LOPES, P.S. et al. Heteroskedasticity for weaning weight of Charolais-Zebu crossbred calves. *R Bras Zootec.*, v. 41, p. 1163-1172, 2012.

DAIRY: world markets and trade. United States Department of Agriculture (USDA), 2014. Disponível em: <http://www.fas.usda.gov/data/dairy-world-markets-and-trade>. Acesso em: 25 nov. 2015.

VALLÉE, A.; VAN ARENDONK, J.A.M.; BOVENHUIS, H. Genetic parameters for calving and conformation traits in Charolais × Montbéliard and Charolais × Holstein crossbred calves. *J Anim Sci.*, v. 91, p. 5582-5588, 2013.

VANRADEN, P.M.; OLSON, K.M.; WIGGANS, G.R. et al. Genomic inbreeding and relationships among Holsteins, Jerseys, and Brown Swiss. *J Dairy Sci.*, v. 94, p. 5673-5682, 2011.

VANRADEN, P.M.; TOOKER, M.E.; COLE, J.B. et al. Genetic evaluations for mixed-breed populations. *J Dairy Sci.*, v. 90, p. 2434-2441, 2007.

WOLFOVA, M.; WOLF, J.; KVAPILÍK, J.; KICA, J. Selection for profit in cattle: II. Economic effects for dairy and beef sires in crossbreeding systems. *J Dairy Sci.*, v. 90, p. 2456-2467, 2007.

YAO, C.; WEIGEL, K.A.; COLE, J.B. Short communication: genetic evaluation of stillbirth in US Brown Swiss and Jersey cattle. *J Dairy Sci.*, v. 97, p. 2474-2480, 2014.

7. ANEXOS

Anexo A – Médias *a posteriori* e limites dos intervalos de alta densidade, com 90% das amostras (entre parênteses), das variâncias genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2) e herdabilidades (h^2) para idade ao primeiro parto (IPP), duração da primeira lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação (P305) de vacas mestiças Holandesa - Gir

Grupo	σ_a^2	σ_e^2	h^2
IPP ¹			
Gir	1.449,31 (743,00; 2.131,00)	1.452,16 (1.362; 1.536,00)	0,48 (0,36; 0,61)
1/4HG	675,71 (384,30; 9.507,00)	1.452,16 (1.362; 1.536,00)	0,31 (0,21; 0,40)
3/8HG	598,39 (349,00; 832,30)	1.452,16 (1.362; 1.536,00)	0,28 (0,20; 0,37)
1/2HG	761,71 (631,10; 902,80)	1.452,16 (1.362; 1.536,00)	0,34 (0,29; 0,39)
5/8HG	712,94 (573,00; 871,90)	1.452,16 (1.362; 1.536,00)	0,32 (0,27; 0,38)
3/4HG	603,03 (477,20; 728,90)	1.452,16 (1.362; 1.536,00)	0,29 (0,23; 0,34)
7/8HG	396,88 (257,30; 530,50)	1.452,16 (1.362; 1.536,00)	0,21 (0,15; 0,27)
DLAC ²			
Gir	1.739,11 (273,00; 2.893,00)	6.030,16 (5.725,00; 6.346,00)	0,21 (0,10; 0,36)
1/4 G	1.729,72 (794,30; 2.657,00)	6.030,16 (5.725,00; 6.346,00)	0,21 (0,12; 0,31)
3/8HG	2.091,08 (1.070,00; 2.979,00)	6.030,16 (5.725,00; 6.346,00)	0,25 (0,16; 0,34)
1/2HG	1.134,35 (750,00; 1.513,00)	6.030,16 (5.725,00; 6.346,00)	0,15 (0,10; 0,20)
5/8HG	1.577,05 (1.098,00; 2.069,00)	6.030,16 (5.725,00; 6.346,00)	0,20 (0,15; 0,26)
3/4HG	2.635,39 (2.008,00; 3.54,00)	6.030,16 (5.725,00; 6.346,00)	0,30 (0,25; 0,35)
7/8HG	3.774,96 (2.958,00; 4.573,00)	6.030,16 (5.725,00; 6.346,00)	0,38 (0,32; 0,43)
P305 ³			
Gir	221,25 (13,92; 437,00)	1.728,56 (1.638,00; 1.818,00)	0,10 (0,01; 0,19)
1/4 G	885,57 (521,40; 1.203,00)	1.728,56 (1.638,00; 1.818,00)	0,33 (0,24; 0,42)
1/2HG	1.128,26 (955,20; 1,290,00)	1.728,56 (1.638,00; 1.818,00)	0,39 (0,34; 0,43)
3/4HG	584,00 (451,60; 713,50)	1.728,56 (1.638,00; 1.818,00)	0,25 (0,20; 0,30)
7/8HG	867,55 (658,85; 1.067,00)	1.728,56 (1.638,00; 1.818,00)	0,33 (0,27; 0,39)

¹ Variâncias expressas em diasX10⁻¹

² Variâncias expressas em dias

³ Variâncias expressas em kgX10⁻³

Anexo B – Médias *a posteriori* e limites dos intervalos de alta densidade, com 90% das amostras (entre parênteses), das covariâncias genéticas para idade ao primeiro parto (IPPx10³dias), duração da primeira lactação (DLAC x 10⁻² dias) e produção de leite em até 305 dias da primeira lactação (P305 x 10⁻⁵ kg) de vacas mestiças Holandesa - Gir

Grupos Genéticos ¹	IPP	DLAC	P305
	Covariância		
G - 3/8HG	0,92 (-5,40; 6,95)	0,10 (-0,84; 1,17)	
G - 1/4HG	0,41 (-5,03; 5,65)	0,02 (-1,23; 1,28)	0,75 (-2,70; 4,12)
G - 1/2HG	-2,56 (-9,05; 5,03)	0,18 (-0,76; 1,10)	1,03 (-2,46; 4,80)
3/8HG - 1/4HG	1,18 (-2,21; 4,62)	0,38 (-0,46; 1,43)	
3/8HG - 1/2HG	-9,96 (-4,36; 2,63)	0,14 (-0,55; 0,90)	
1/4HG - 1/2HG	-1,20 (-4,08; 3,51)	0,60 (-0,09; 1,21)	3,52 (-0,30; 7,04)
1/4HG - 5/8HG	-0,14 (-2,07; 4,14)	0,06 (-0,88; 0,10)	
1/2HG - 5/8HG	0,72 (-2,40; 3,33)	0,26 (-0,25; 0,77)	
1/2HG - 3/4HG	-1,25 (-2,95; 0,57)	0,20 (-0,34; 0,69)	0,58 (-1,02; 2,07)
1/2HG - 7/8HG	-0,03 (-2,52; 2,23)	0,16 (-0,71; 0,10)	3,55(-0,20; 6,91)
5/8HG - 3/4HG	0,41 (-1,73; 2,68)	0,86 (0,01; 1,54)	
5/8HG - 7/8HG	0,04 (-2,05; 2,28)	0,16 (-0,78; 0,10)	
3/4HG - 7/8HG	0,65 (-0,91; 2,39)	0,19 (-0,76; 0,12)	1,05 (-1,42; 3,39)

¹As frações representam o percentual esperado de alelos de origem da raça Holandesa.