

**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

Parâmetros genéticos e fenotípicos do perfil de ácidos graxos do leite de vacas da raça holandesa

Mary Ana Petersen Rodriguez

Tese apresentada para obtenção do título de Doutora em Ciências. Área de concentração: Ciência Animal e Pastagens

**Piracicaba
2013**

Mary Ana Petersen Rodriguez
Zootecnista

Parâmetros genéticos e fenotípicos do perfil de ácidos graxos do leite de vacas da raça holandesa

Orientador:
Prof. Dr. **GERSON BARRETO MOURÃO**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutora em Ciências. Área de concentração: Ciência Animal e Pastagens

**Piracicaba
2013**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - ESALQ/USP**

Rodriguez, Mary Ana Petersen

Parâmetros genéticos e fenotípicos do perfil de ácidos graxos do leite de vacas da raça holandesa / Mary Ana Petersen Rodriguez. - Piracicaba, 2013.
118 p: il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2013.

1. Ácidos graxos 2. Herdabilidade 3. Regressão linear bayesiana 4. Regressão aleatória I. Título

CDD 636.234
R696p

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

DEDICATÓRIA

Ofereço

À Deus, pela determinação, persistência e paciência necessárias na realização deste trabalho e, principalmente, por estar sempre ao meu lado dando-me forças e abrindo portas para que meus sonhos se concretizassem.

Ao meu pai, Dijalma (in memoriam), pela presença constante em meu coração e pelos ensinamentos que carrego sempre comigo.

À minha mãe, Lúcia, pelo exemplo de honestidade, pelo carinho, esforço, dedicação e apoio constante na busca dos meus sonhos.

Dedico

Ao Bily, Sarah, Léo e Gabi, pelo amor, companhia, carinho incondicional e por tornarem meus dias mais alegres.

AGRADECIMENTOS

À Deus por, nos momentos mais difíceis em que me senti enfraquecida, me dar coragem e muita força para continuar e aprender com os obstáculos; e conseguir que mais esta etapa da minha vida se concretizasse.

Aos meus pais, Maria Lucia Petersen Rodriguez e Dijalma Ribeiro Rodriguez (in memoriam), pela formação que me deram, transformando-me em uma pessoa de princípios e batalhadora.

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” e ao Programa de Pós-Graduação em “Ciência Animal e Pastagens” pela oportunidade de realização do doutorado.

Ao orientador Prof. Dr. Gerson Barreto Mourão, pela orientação, ensinamentos e confiança depositada para o desenvolvimento deste trabalho.

Ao amigo Fábio Pértile, pela imensa ajuda, dedicação, companheirismo e experiência transmitida nas análises de laboratório.

Ao amigo Gregori Rovadoscki, pelo incentivo, carinho e apoio nas análises computacionais realizadas.

Às queridas amigas Juliana Petrini, Johanna Ramírez Diaz e Laiza Helena de Souza lung, pela dedicação exclusiva na condução deste trabalho, pelo apoio profissional e pessoal, e por torcerem muito para que esta etapa fosse concluída.

Às amigas Aline Zampar, Ana Luisa Lopes da Costa, Andrezza Maria Felício, Ligia Uribe, Lilian Rezende e Mariana Peres pela amizade sincera e verdadeira, por se preocuparem comigo, pelo companheirismo, carinho e incentivo sempre.

À Elaine pela amizade, carinho, palavras de sabedoria e importante ajuda no meu crescimento espiritual.

Aos colegas que participaram das coletas de pelos dos animais nas fazendas: Gregori Rovadoscki, João Vitor Teodoro, Johanna Ramírez Diaz, Juliana Petrini, Laiza Helena de Souza lung e Mayara Salvian.

Aos colegas do Laboratório de Biotecnologia Animal da ESALQ Dênia Attílio, Gabriela Fuini, Gustavo Gasparin, Priscilla Marqui Schmidt Villela, Ricardo Brassaloti, Tassia Mangetti, Thais Godoy, Vinícius Henrique da Silva, pelas sugestões e ajuda nas análises laboratoriais.

Aos colegas do grupo de Melhoria Animal (GEMA), Aline Zampar, Amanda Abdo Pereira, Fabiane da Silva Lima, Gerson Oliveira Júnior, Gilson Silvério da Rocha, Gregori Rovadoski, João Vitor Teodoro, Johanna Ramírez Diaz, Laiza Helena de Souza Lung, Mayara Salvian, Simone Pértile e Tiago Almeida de Oliveira, pela amizade, experiências compartilhadas, conversas, e apoio nas dificuldades surgidas.

À Luciana Mangeti Barreto Mourão e Evandro Maia Ferreira pela ajuda nas análises de cromatografia gasosa.

Aos docentes dos Departamentos de Zootecnia e Ciências Exatas, pelos ensinamentos e grande contribuição em minha formação acadêmica e científica.

Aos membros da banca de qualificação Prof. Dr. Luiz Lehmann Coutinho, Rachel Santos Bueno, Fernando Cardoso Flores, pela participação e contribuições no meu crescimento profissional.

Aos funcionários da Clínica do Leite, em especial ao Thiago Crivellari, pela ajuda e apoio na coleta das amostras de leite.

Ao Laerte Cassoli, pela atenção e disponibilidade sempre que precisei de alguma ajuda.

Aos funcionários e proprietários das fazendas Agrindus, Alvorada e da Mata, pela receptação nos dias de coletas de pelos, pela disponibilidade dos dados e pela disposição sempre que necessário.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão da bolsa de estudos no primeiro ano de doutorado.

Ao Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos no segundo ano de doutorado, colaborando para a formação acadêmica.

Aos funcionários do Departamento de Zootecnia pela dedicação e apoio.

À todos os familiares, amigos e aqueles que, de certa forma, contribuíram para que mais este objetivo fosse alcançado.

EPIGRAFE

"Para realizar grandes conquistas, devemos não apenas agir, mas também sonhar, não apenas planejar, mas também acreditar".

Anatole France

"Grandes batalhas só são dadas a grandes guerreiros".

Dons de Jah

"Às vezes quando Deus começa a trabalhar para nos dar a vitória, o inimigo parece vir com mais força contra nós e tudo parece piorar. Não desanimemos!!! Quando tudo parecer piorar, creia!!! Seu livramento está mais próximo do que você possa imaginar".

Ana Paula Valadão

SUMÁRIO

RESUMO	11
ABSTRACT.....	13
LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS	15
1 INTRODUÇÃO.....	17
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	21
2.1 Composição e qualidade do leite:.....	21
2.2 Parâmetros genéticos	28
2.2.1 Herdabilidade.....	29
2.2.2 Correlações entre as características.....	32
2.3 Modelos de Regressão Aleatória.....	36
3 MATERIAL E MÉTODOS	41
3.1 Análise de concordância e predição do conteúdo de ácidos graxos	41
3.1.1 Conjunto de Dados	41
3.1.2 Análise de Concordância	42
3.1.3 Equações de Predição	44
3.2 Estimativa de parâmetros genéticos	46
3.2.1 Conjunto de Dados	46
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	55
4.1 Análise de concordância entre cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho médio	55
4.2 Equações de Predição.....	60
4.3 Parâmetros genéticos	70
4.3.1 Critérios de ajuste dos modelos.....	72
4.3.2 Variâncias	77
4.3.3 Herdabilidades:	91
4.4 Produção de leite:.....	99
4.3 Considerações finais.....	103
REFERÊNCIAS	105

RESUMO

Parâmetros genéticos e fenotípicos do perfil de ácidos graxos do leite de vacas da raça holandesa

Durante as últimas décadas, o melhoramento genético em bovinos leiteiros no Brasil baseou-se somente na importação de material genético, resultando em ganhos genéticos de pequena magnitude para as características de interesse econômico. Dessa forma, existe a necessidade eminente de avaliações genéticas dos animais sob condições nacionais de ambiente, de maneira a se prover um aumento na produção de leite aliado à qualidade. Neste contexto, o conhecimento sobre a composição do leite é de extrema importância para o entendimento de como alguns fatores ambientais e, principalmente genéticos podem influenciar no aumento dos conteúdos de proteína (PROT), gordura (GOR) e ácidos graxos (AG) benéficos e na redução da contagem de células somáticas, visando a melhoria da qualidade nutricional deste produto. Diante disso, o objetivo desse trabalho foi prever os teores de AG de interesse usando regressão linear bayesiana, bem como estimar componentes de variância, coeficientes de herdabilidade e comparar modelos de diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, sob modelos de regressão aleatória. Amostras de leite foram submetidas a análises de cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho médio para determinação dos ácidos graxos. A comparação dos resultados obtidos por ambos os métodos foi realizada por meio da correlação de Pearson, análise de Bland-Altman e regressão linear bayesiana e, posteriormente, equações de predição foram desenvolvidas para os ácidos graxos mirístico (C14:0) e linoléico conjugado (CLA), a partir de regressões lineares simples e múltipla bayesiana considerando-se *prioris* não-informativas e informativas. Polinômios ortogonais de Legendre de 1ª a 6ª ordens foram utilizados para o ajuste das regressões aleatórias das características. A predição dos AG por meio da aplicação da regressão linear foi viável, com erros de predição variando entre 0,01 e 4,84g por 100g de gordura para o C14:0 e 0,002 e 1,85 por 100g de gordura para o CLA, sendo neste caso os menores erros de predição obtidos quando adotada a regressão múltipla com *priori* não informativa. Os modelos que melhor se ajustaram para GOR, PROT, C16:0, C18:0, C18:1c9, CLA, saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO) e poliinsaturados (POLI) foi o de 1ª ordem, e para score de célula somática (ESC) e C14:0 o de 2ª ordem. As estimativas de herdabilidade obtidas variaram de 0,08 a 0,11 para GOR; 0,28 a 0,35 para PROT; 0,03 a 0,22 para ECS; 0,12 a 0,31 para C16:0; 0,08 a 0,14 para C18:0; 0,24 a 0,43 para C14:0; 0,07 a 0,17 para C18:1c9; 0,13 a 0,39 para CLA; 0,14 a 0,31 para SAT; 0,04 a 0,14 para INSAT; 0,04 a 0,13 para MONO; 0,09 a 0,20 para POLI e 0,12 para PROD, nos modelos que melhor se ajustaram. Conclui-se que melhorias na qualidade nutricional do leite podem ser obtidas por meio da inclusão das características produtivas e do perfil de ácidos graxos em programas de seleção genética.

Palavras-chave: Ácidos graxos; Herdabilidade; Regressão linear bayesiana; Regressão aleatória

ABSTRACT

Genetic and phenotypic parameters of the fatty acid profile of milk from Holstein cows

During the last decades, genetic improvement in dairy cattle in Brazil was based only on the importation of genetic material, resulting in small genetic gains for economic interest traits. There is a perceived need for genetic evaluation under national environment conditions to provide an increase in milk production allied to quality. In this context, the knowledge of the milk composition is very important for understanding how certain environmental factors and especially genetic factors may influence the increase in protein content (PROT), fat (FAT), beneficial fatty acids (FA) and in reducing somatic cell count, aiming to improve the nutritional quality of this product. The aim of this study was to predict the levels of interest FA using Bayesian linear regression and estimate the components of variance, coefficients of heritability and compare models with different orders of adjustment by Legendre polynomials functions, in random regression models. Milk samples were subjected to gas chromatography analysis and mid-infrared spectrometry for the determination of fatty acids. The comparison of the results obtained by both methods was performed using Pearson's correlation, Bland-Altman analysis and Bayesian linear regression, subsequently, prediction equations were developed for the fatty acids myristic (C14:0) and conjugated linoleic (CLA) from simple linear regressions and multiple Bayesian considering non-informative and informative *priors*. Legendre orthogonal polynomials from 1st to 6th orders were used to fit the random regression of the traits. That was viable the prediction of FA by applying the linear regression with prediction errors ranging from 0.01 to 4.84 g per 100 g of fat for C14:0 and 0.002 to 1.85 per 100 g of fat for CLA, in this case the smaller prediction errors obtained when adopted the multiple regression with non-informative *priori*. The models that best fit for FAT, PROT, C16:0, C18:0, C18:1_{c9}, CLA, saturated (SAT), unsaturated (UNSAT), monounsaturated (MONO) and polyunsaturated (POLY) was the one of 1st order and for somatic cell scores (SCS) and C14:0 the one of 2nd order. The estimates of heritability ranged from 0.08 to 0.11 for FAT; 0.28 to 0.35 for PROT; 0.03 to 0.22 for SCS; 0.12 to 0.31 for C16:0; 0.08 to 0.14 for C18:0; 0.24 to 0.43 for C14:0; 0.07 to 0.17 for C18:1_{c9}; 0.13 to 0.39 for CLA; 0.14 to 0.31 for SAT; 0.04 to 0.14 for UNSAT; 0.04 to 0.13 for MONO, 0.09 to 0.20 for POLY and 0.12 for PROD, in the models that best fit. We conclude that improvements in the nutritional quality of milk can be obtained through the inclusion of productive traits and fatty acid profile in genetic selection programs.

Keywords: Bayesian linear regression; Fatty acids; Heritability; Random regression

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

CCS	Contagem de células somáticas
ECS	Escore de célula somática
AG	Ácidos graxos
CLA	Ácido linoleico conjugado
C4:0	Ácido butírico
C6:0	Ácido capróico
C8:0	Ácido caprílico
C12:0	Ácido láurico
C14:0	Ácido mirístico
C16:0	Ácidos palmítico
C18:0	Ácido esteárico
C18:1c9	Ácido oléico
C18:2 <i>cis-9, trans-11</i>	Ácido rumênico
SAT	Ácido graxo saturado
INSAT	Ácido graxo insaturado
MONO	Ácido graxo monoinsaturado
POLI	Ácido graxo poliinsaturado
LDL	Colesterol de baixa densidade
SCD1	Enzima estearoil-CoA dessaturase 1
C18:1 <i>trans-11</i>	Ácido vacênico
C18:2	Ácido linoléico
C18:3 ω -3	Ácido linolênico
DEL	Dias em lactação
GC	Grupos de contemporâneos
GOR	Gordura
PROT	Proteína
IDA	Idade da vaca
MRA	Modelo de regressão aleatória

1 INTRODUÇÃO

A produção de leite com reduzida contagem de células somáticas e aumento dos conteúdos de proteína, gordura e ácidos graxos benéficos são características que vem ganhando importância nos programas de melhoramento genético em bovinos leiteiros. A crescente relevância dada a essas características surge como resposta às exigências da indústria por uma matéria-prima que ofereça maior rendimento de derivados. Igualmente, o mercado consumidor tem influenciado o planejamento destes programas através da preferência por produtos de melhor qualidade nutricional.

Segundo Hayes e Khosla (1992) e Pascal (1996), a combinação de lipídios no leite mais favorável à saúde humana corresponde a 30% de ácidos graxos saturados (C4:0 a C18:0), 60% de monoinsaturados (C18:1) e 10% de poliinsaturados (C18:2). Distante destas proporções, o leite se caracteriza pela predominância de ácidos graxos saturados (70%), associados com um aumento de colesterol no sangue e, conseqüentemente, com o aumento do risco de aterosclerose e doença arterial coronariana em humanos (KROMHOUT et al., 2002). Tais efeitos são devidos exclusivamente ao ácido láurico (C12:0), ácido mirístico (C14:0) e ácido palmítico (C16:0), enquanto outros ácidos graxos saturados (C4:0 a C10:0 e C18:0) são neutros. No entanto, a fração de ácidos graxos do leite contém vários componentes benéficos, como os ácidos graxos insaturados, principalmente C18:1 *cis*-9, e o ácido linoléico conjugado (CLA). Dá-se especial atenção ao CLA devido ao seu suposto papel na modulação das concentrações de lipídeos plasmáticos, e os seus efeitos anticarcinogênico e antiinflamatório (HAUG et al., 2007).

Visto que a composição atual do leite está longe de ser a ideal, evidencia-se a necessidade da manipulação da composição da gordura do leite. Para tanto é necessário a utilização de um método rápido, barato e preciso para quantificar os teores dos AG do leite, possibilitando que estes resultados sejam utilizados na estimativa de parâmetros genéticos e posteriormente em programas de seleção genética.

A determinação da proporção de AG presentes no leite é realizada por meio de metodologias como a cromatografia gasosa e a espectrometria em infravermelho médio. Comumente utilizada (COLLOMB e BUHLER, 2000; SOYEURT et al., 2006) por sua eficácia, a cromatografia gasosa permite quantificar cada AG apresentando,

contudo, como desvantagem a necessidade de preparação de um composto esterificado, é um método demorado e requer mão de obra especializada. Por sua vez, a espectrometria em infravermelho médio surge como um método alternativo à cromatografia gasosa, possibilitando análise de um maior número de amostras (aproximadamente 500 amostras por hora; SOYEURT et al. 2006) com relação à cromatografia.

A espectrometria em infravermelho analisa os movimentos vibracionais das moléculas, podendo ser utilizada para determinação de AG em diferentes meios. Como não há a necessidade de um pré-preparo da amostra para análise, este método torna-se vantajoso pela economia de reagentes, tempo e mão-de-obra.

Devido às especificidades de cada metodologia, torna-se interessante a avaliação da equivalência dos resultados produzidos por cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho médio, de maneira a se verificar a possibilidade de comparação das estimativas obtidas por ambas, bem como da substituição de um método por outro.

Desta maneira, frente ao aumento do número de análises de leite durante a lactação, visando a melhoria da qualidade do produto, muitos dados estão disponíveis. Com isso, a utilização de metodologias estatísticas que se adequem a dados dessa natureza e forneçam estimativas mais acuradas de parâmetros genéticos com consequente melhoria da avaliação genética, devem ser priorizadas. Atualmente os modelos de regressão aleatória (MRA) tem sido uma ferramenta muito utilizada em trabalhos que abordam características medidas repetidamente ao longo do tempo.

Os efeitos fixos e aleatórios considerados nos RRM são descritos por funções matemáticas, sendo preferidos os Polinômios de Legendre (LIU et al., 2006), os quais evitam a superestimação de variâncias genéticas e herdabilidade nos extremos da curva de lactação (SCHAEFFER, 2004). A ordem do polinômio deve ser considerada, visto que as estimativas das variâncias e, consequentemente dos parâmetros genéticos podem variar de acordo com a ordem utilizada (MISZTAL et al., 2000).

Características referentes à composição de leite, com exceção de PROT, GOR e CCS têm sido pouco estudadas no Brasil. A literatura científica é escassa em relação a estudos genéticos associados ao perfil de ácidos graxos, tais como os monoinsaturados (MONO) e o ácido linoleico conjugado (CLA) que são de grande

interesse para a saúde humana. Alguns autores têm relatado valores de herdabilidades para diferentes ácidos graxos entre 0,20 – 0,40 (Bobe et al., 2008; Stoop et al., 2008) indicando que existe variabilidade genética entre e dentro de raças (KELSEY et al., 2003; SOYEURT et al., 2006).

Diante disso, o objetivo deste trabalho foi comparar as mensurações obtidas por meio da cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho utilizando metodologias de validação e posteriormente predizer os teores de AG de interesse usando regressão linear bayesiana; bem como estimar componentes de variância, coeficientes de herdabilidade e comparar modelos de diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, sob modelos de regressão aleatória.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Composição e qualidade do leite:

Atualmente é notória a preocupação em se adotar e alcançar um estilo de vida mais saudável. O conhecimento cada vez mais difundido de que a nutrição desempenha um papel primordial e de extrema importância na conquista de uma vida salutar tornou constante a busca por alimentos de qualidade e que contenham nutrientes necessários para a realização e manutenção das funções vitais.

Desta forma, por conter em sua composição elementos indispensáveis ao desenvolvimento, crescimento e proteção do organismo, o leite é considerado um dos alimentos mais completos disponíveis e sua inclusão à dieta vem sendo adotada por um número cada vez maior de pessoas. Com relação ao consumo mundial de leite e produtos lácteos, deve haver um crescimento em torno de 30% entre os anos de 2010 e 2020 (Tetra Pak, 2011). No Brasil, o consumo per capita teve alta de 3%, passando de 173 litros por habitante em 2011 para 177 litros por habitante em 2012 (Rubez, 2013).

Os componentes do leite bovino incluem água, carboidratos (basicamente lactose), gordura, proteína (principalmente caseína e albumina), minerais e vitaminas. O conhecimento da sua composição é essencial para o estabelecimento da qualidade mínima a ser exigida, tanto para o consumo in natura quanto para o uso como matéria-prima de produtos tais como queijos, manteiga e iogurtes.

A água é o componente presente em maior proporção no leite, representando aproximadamente 87% a 90%. Para a remoção do leite da glândula mamária é extremamente importante que a água esteja presente em quantidade adequada. Desta forma, deve-se fornecer água de qualidade e em quantidade suficiente aos animais, principalmente àqueles que estão em lactação, contribuindo para o bem estar do animal e evitando quedas da produção (LAGGER et al., 2000).

Os sais minerais estão em concentrações em torno de 0,7% no leite. No que diz respeito aos aspectos nutricionais, o cálcio e fósforo são considerados nutrientes essenciais. Sendo o leite uma das melhores fontes de cálcio, nutriente fundamental na formação e manutenção dos ossos e dentes, evidencia-se a importância da ingestão do leite durante a fase de crescimento e na prevenção da osteoporose. Outro aspecto importante a ser considerado refere-se à interação dos sais minerais,

principalmente do cálcio, com as proteínas do leite, particularmente com a caseína, exercendo influência sobre a estabilidade do leite e derivados (PINHEIRO; MOSQUIM, 1991). Por sua vez, o cobre e o ferro catalisam reações de oxidação da gordura do leite. Pode-se dizer também que o poder tampão, manutenção do pH e pressão osmótica do leite são influenciados pelos sais minerais ali presentes (RIVERA et al., 1982).

O leite bovino contém ainda vitaminas hidrossolúveis (C, B1, B2, B6, B12, ácido pantotênico, niacina, biotina e ácido fólico) e lipossolúveis (A, D, E e K), porém em quantidades que não suprem as necessidades diárias recomendadas. Deste modo, considera-se que o leite é somente uma excelente fonte de vitamina A, riboflavina (B2) e cianocobalamina (B12) (ABRANCHES et al., 2008).

As vitaminas lipossolúveis encontram-se associadas aos glóbulos de gordura e, portanto, perdem-se com a eliminação desta; as demais ocorrem na porção não gordurosa (aquosa) do leite. A concentração das vitaminas lipossolúveis no leite está relacionada à alimentação fornecida ao animal. Por outro lado, a maioria das hidrossolúveis (complexo B) não depende exclusivamente da dieta, pois são sintetizadas pelos microrganismos do rúmen (CAPPA, 1993; FRASER et al., 1996).

Com relação aos carboidratos, a lactose é o principal encontrado no leite. Formada a partir da glicose e galactose, a lactose está presente em concentrações que variam de 4,4% a 5,2%, sendo considerado o constituinte mais abundante e constante. Em oposição ao que ocorre com a gordura no leite, a concentração de lactose nas diferentes raças são similares e a dieta tem pouca influência na alteração do seu teor (SUTTON, 1989).

A concentração de lactose influencia a osmolaridade do leite, regulando a quantidade de água liberada no alvéolo e, portanto, o volume de leite produzido (WATTIAUX, 2013). Desta forma, este carboidrato é considerado um fator limitante da produção de leite. Com relação ao valor nutritivo da lactose, por favorecer a retenção de cálcio este nutriente auxilia na formação dos ossos e previne a osteoporose, tornando-se benéfica também pelo fato dos níveis de glicemia, com sua ingestão, serem baixos quando comparados ao consumo de glicose (ORDÓÑEZ, 2005). A lactose é considerada um constituinte do leite de grande importância na produção de derivados lácteos, visto que está associada aos processos de fermentação e maturação do leite, influenciando ainda a cor e sabor dos produtos (OLIVEIRA; CARUSO, 1996).

Os compostos nitrogenados presentes no leite bovino são representados predominantemente pelas proteínas (95%) e em menor quantidade por compostos nitrogenados não-protéicos (5%). A concentração de proteína no leite varia de 3,0 a 4,0%, sendo que as mais abundantes (cerca de 77% a 82%) são as caseínas (α_{s1} , α_{s2} , β e K). No leite, as caseínas encontram-se sob a forma de dispersão coloidal, formando partículas de tamanho variável denominadas micelas. A digestão do leite, tanto no estômago quanto no intestino, é influenciada pela estrutura da micela de caseína (partícula coloidal hidratada, porosa, formada por submicelas e superfície rica em K-caseínas), a qual exerce influência no processo de industrialização de derivados do leite (GONZÁLEZ, 2001).

Além de sua ingestão estar relacionada beneficemente a saúde (formação, crescimento e manutenção de músculos, ossos, órgãos e produção de anticorpos e hormônios), as proteínas têm se tornado um importante indicador da qualidade do leite para as indústrias de derivados lácteos. De acordo com a Instrução Normativa 51 (IN51) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, estabeleceu-se que o leite comercializado tenha um teor de proteína mínimo de 2,9% (MAPA, 2002). Neste contexto, existe uma crescente intensificação de estudos voltados à proteína láctea, tanto relacionados à sua produção quanto aos fatores que podem influenciar seu teor.

Dentre os componentes do leite a gordura apresenta a maior variação, em torno de 3,2% a 6%, tanto entre espécies quanto entre raças. Na composição da fração lipídica do leite de vaca, os triglicerídeos (lipídeos apolares) constituem cerca de 98% do total. Os outros 2% correspondem a diglicerídeos, monoglicerídeos, ácidos graxos livres, colesterol livre e seus ésteres, fosfolipídeos, vitaminas lipossolúveis e outros. Os triglicerídeos são formados por três ácidos graxos, cada um em ligação éster com o mesmo glicerol. A molécula de ácido graxo (AG) é constituída por uma cadeia hidrocarbonada (com um grupamento metila final) e por um grupamento carboxila, o qual é formado pela hidroxila (OH) e pela carbonila (C=O). Os ácidos graxos são classificados de acordo com o tamanho da cadeia carbônica (curta, média ou longa), número de duplas ligações (saturados, monoinsaturados e poliinsaturados), posição e isomerismo geométrico (*cis* ou *trans*) das duplas ligações. Os ácidos graxos saturados (SAT) não possuem duplas ligações na molécula; os insaturados (INSAT) possuem uma (sendo denominados de monoinsaturados) ou mais duplas ligações (chamados de poliinsaturados - POLI)

dentro da cadeia. A maior parte do peso molecular dos triglicerídeos, em torno de 90% do peso total da molécula, é representada pelos ácidos graxos. Por isso, pode-se dizer que as características dos triglicerídeos são atribuídas aos AG.

Os AG presentes no leite podem ser sintetizados pela própria glândula mamária, ou seja, dentro das células epiteliais (chamada síntese *de novo*) e/ou serem absorvidos da corrente sanguínea, providos pela dieta ou oriundos da mobilização das reservas corpóreas. De acordo com Machado (1999), a contribuição das fontes de ácidos graxos pode ser resumida na Tabela 1.

Tabela 1 – Contribuição proporcional das fontes de ácidos graxos no leite de vaca

Ácido Graxo	Proporção de Ácidos Graxos (%)	
	Síntese <i>de novo</i>	Corrente sanguínea
C4:0 – C10:0	100	0
C12:0	80 – 90	10 – 20
C14:0	30 – 40	60 – 70
C16:0	20 – 30	70 – 80
C18:0	0	100

C4:0 (butírico); C10:0 (cáprico); C12:0 (láurico); C14:0 (mirístico); C16:0 (palmítico); C18:0 (esteárico)

Aproximadamente, 25% dos AG do leite são derivados da dieta e 50% do plasma sanguíneo, sendo o restante formado na glândula mamária a partir de precursores, principalmente o acetato e β -hidroxibutirato (GONZÁLEZ et al., 2001).

Predominam na gordura do leite bovino os ácidos graxos mirístico (C14:0 - 8 a 15%), palmítico (C16:0 - 20 a 32%), esteárico (C18:0 - 7 a 15%) e oleico (C18:1 - 15 a 30%). Em torno de 70% são saturados, 25% são monoinsaturados (MONO) e 5% POLI (GRUMMER, 1991). Os baixos teores de POLI no leite ocorrem devido à biohidrogenação de cerca de 90% destes no rúmen por bactérias ali presentes (KHANAL e DHIMAN, 2004).

De acordo com Hayes e Khosla (1992) a combinação de lipídios no leite com potencial efeito positivo para a saúde humana deveria ser correspondente a 30% de ácidos graxos saturados, 60% de monoinsaturados e 10% de poliinsaturados. Desta forma, distante das proporções tidas como benéficas, a predominância de ácidos graxos saturados leva a associação do leite a altos níveis de colesterol de baixa densidade (LDL) e, conseqüentemente, ao aumento do risco de doenças cardiovasculares (KROMHOUT et al., 2002) relacionando negativamente este alimento à saúde humana. O aumento do LDL deve-se à redução da atividade dos receptores de LDL pelos AGS, elevando o nível de colesterol na corrente sanguínea.

Dentre os AG, o ácido láurico (C12:0), C14:0 e C16:0 são os principais relacionados ao aumento do colesterol sanguíneo (BONANOME e GRUNDY, 1988).

No entanto, outros AG presentes no leite são benéficos, como os ácidos graxos insaturados (MENSINK et al, 2003), principalmente o ácido oleico (C18:1 *cis*-9) e o ácido linoléico conjugado (CLA).

A composição dos AG do leite é influenciada significativamente pela enzima estearoil-CoA dessaturase 1 (SCD1). Esta enzima catalisa a conversão dos SAT (com 10 a 18 átomos de carbono) nos seus isômeros monoinsaturados e também está relacionada com a síntese de grande parte do CLA na glândula mamária de ruminantes (KGWATALALA et al., 2009).

O CLA tem sido alvo de muitos estudos por estar relacionado a vários efeitos benéficos à saúde humana, entre eles à inibição do desenvolvimento de carcinomas, principalmente ao mamário (IP et al., 1999; CORL et al., 2001), ação anticarcinogênica e antiaterosclerótica (PARIZA et al., 1979), podendo ainda reduzir a deposição de gordura corporal, aumenta a mineralização óssea e modular do sistema imune (PARIZA et al, 1999;. MACDONALD, 2000). O ácido rumênico (C18:2 *cis*-9, *trans*-11), que representa 75 a 90% do total de CLA na gordura do leite, é o seu isômero mais ligado à atividade anticarcinogênica (Bauman et al., 1999) enquanto o isômero C18:2 *trans*-10, *cis*-12 é o responsável pela inibição da síntese de gordura do leite em bovinos (BAUMGARD et al., 2001).

Desta forma, evidencia-se a crescente necessidade do conhecimento e utilização de ferramentas que contribuam para o aumento nos teores de AG no leite bovino favoráveis à saúde humana. Entre as ferramentas disponíveis e que possibilitam a modificação da composição do leite, encontram-se a alimentação fornecida aos animais e o melhoramento genético, dado que há variação genética na composição de gordura do leite entre e dentro de raças bovinas (SOYEURT et al., 2006). A suplementação da dieta é o meio mais eficiente e rápido de alterar esta composição (JENKINS; McGUIRE, 2006). Por sua vez o melhoramento genético ocasiona mudanças mais lentas, requerendo planejamento em longo prazo para a obtenção de resultados expressivos; contudo, torna-se mais importante por seus avanços serem permanentes.

Outro fator de grande importância na qualidade do leite é a contagem de células somáticas (CCS), pois afeta diretamente a composição do leite, o rendimento industrial e durabilidade dos derivados lácteos (BUENO et al., 2005).

As células somáticas são células encontradas no leite, podendo ser do tipo epitelial ou de defesa. As epiteliais provêm do processo normal de descamação do tecido secretor da glândula mamária, correspondendo a apenas 1% das células encontradas no leite (PHILPOT; NICKERSON, 2002) enquanto as células de defesa são os leucócitos (macrófagos, linfócitos e neutrófilos) que migram do sangue para o úbere quando ocorre algum processo inflamatório, a fim de combater os agentes infecciosos presentes. Na glândula mamária infectada, as células de defesa perfazem aproximadamente 99% das células presentes no leite (MACHADO et al., 2000). Sendo assim, em resposta ao processo inflamatório no interior da glândula mamária, ocorre aumento da contagem de células somáticas. Deve-se ressaltar que, segundo a Instrução Normativa 51 (IN 51/2002) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (BRASIL, 2002), a CCS não deve ultrapassar 6×10^5 células/ml de leite.

Além do aumento da CCS, a mastite, que é o nome dado a esse processo inflamatório, pode acarretar alterações na composição da secreção láctea e redução da capacidade produtiva do animal, diminuindo a quantidade de leite produzido. Por isso, a mastite é tida como uma das doenças infecciosas que mais trazem prejuízos econômicos à cadeia leiteira (COSTA et al., 2000; SANTOS, 2002).

O aumento da CCS interfere nas proporções de alguns dos principais nutrientes do leite, como gordura, proteína, lactose e alguns minerais, reduzindo a qualidade do mesmo. Quanto à porcentagem de gordura, em geral há diminuição como resultado do aumento da contagem de células somáticas (KITCHEN, 1981). Entretanto, quando a produção de leite é reduzida em maiores proporções do que a quantidade de gordura devido à infecção do úbere, pode-se dizer que há aumento no teor de gordura em animais com altas CCS pelo fato do leite tornar-se mais concentrado (PEREIRA et al. 1999). Em estudo realizado por Pereira et al. 1999, objetivando-se verificar as alterações nas concentrações de gordura e proteína em decorrência do aumento de CCS do leite, constataram que a concentração de gordura média no leite mastítico foi 3,69%, e no leite não-mastítico foi 3,58% ($p < 0,0001$).

Com o aumento da CCS, há diferentes variações no teor de proteína dependendo da origem destas. Um incremento na CCS normalmente gera um aumento na concentração de proteínas de origem sanguínea (albumina sérica e imunoglobulinas) e uma redução naquelas sintetizadas na glândula mamária

(caseína). A caseína tem sua quantidade reduzida devido às proteases de origem bacteriana que a degrada. Sua diminuição também ocorre em virtude das lesões ocasionadas pelos microrganismos infectantes do tecido secretor, o que prejudica a capacidade de síntese da caseína (OLIVER; CALVINHO, 1995). Em suma, pode-se dizer que o conteúdo de proteína total do leite permanece constante; entretanto, sua qualidade não atende à exigida para a fabricação de derivados (BLOWEY e EDMONDSON, 2010).

Em estudo realizado com amostras de leite de tanque, Ballou et al. (1995) verificaram que a porcentagem de caseína foi maior quando o leite pertencia a um grupo de vacas com baixa CCS em relação a grupos de maiores contagens. De acordo com Pereira et al. (1999), a concentração de proteína média foi de 3,36% para leite mastítico e 3,26% para o leite não-mastítico. Entretanto, segundo os autores, esse aumento observado nos níveis de proteína em leite com alta CCS não pode ser considerado favorável à qualidade do leite, visto que durante o processamento industrial estas proteínas são perdidas, enquanto a caseína, realmente interessante ao processo industrial, é diminuída pela ocorrência da mastite.

Altas quantidades de células somáticas no leite também estão relacionadas à diminuição da concentração de lactose. A redução da quantidade deste nutriente resulta da sua utilização pelos patógenos presentes na glândula mamária e do consequente aumento do fluxo da lactose do ambiente intramamário para o sangue, decorrente do aumento da permeabilidade das membranas (MACHADO et al., 2000). Como a lactose exerce influência sobre a osmolaridade do leite, a concentração da mesma sendo reduzida em função da mastite ocasiona aumento dos níveis de sódio e cloreto a fim de manter a pressão osmótica do leite. Isso explica o fato do leite mastítico apresentar sabor amargo e levemente salgado (BLOWEY e EDMONDSON, 2010).

Em estudo cujo objetivo foi caracterizar a composição do leite segundo sua CCS, Machado et al. (2000) observaram que o leite de tanques com CCS mais altas apresentou menores porcentagens de lactose, sendo significativa a redução da porcentagem de lactose acima de 500.000 células/ml. Pode-se dizer, então, que como a lactose tem papel fundamental no controle do volume de leite produzido, a incidência de mastite com consequente aumento de células somáticas, ao diminuir a concentração de lactose estará afetando também a quantidade de leite produzido.

As perdas na produção de leite resultantes do aumento da CCS vêm sendo comprovadas em várias pesquisas (HORTET et al., 1999; FETROW et al., 2000; HAILE-MARIAM et al., 2001). Segundo Marques (2003) a mastite pode ocasionar redução da produção de leite na ordem de 10 a 26% do total produzido, dependendo do grau e intensidade da infecção e do estágio da lactação em que ocorre o processo inflamatório.

Especial atenção deve ser dada ao processo de seleção dos animais quando o critério de seleção é a produção de leite. Correlações genéticas positivas entre mastite clínica e produção de leite e, também, entre produção e CCS (SHOOK, 2001) foram constatadas. Sendo assim, evidencia-se que a seleção para produção de leite pode, conseqüentemente, ocasionar aumento na susceptibilidade genética para mastite.

Compreende-se, portanto, que o controle da mastite deve ser considerado quando o objetivo é a obtenção de leite com reduzida CCS. Desta forma, pode-se dizer que benefícios são adquiridos por toda a cadeia produtiva leiteira. Entretanto, não deve ser ignorado o fato de que a expressão das características envolvidas na composição e qualidade deste produto depende de fatores ambientais e genéticos. O fornecimento de uma dieta balanceada e de qualidade, o manejo adequado e a garantia do bem-estar aos animais são maneiras de contribuir para obtenção de um produto adequado. Com vistas ao melhoramento genético, é de extrema importância o conhecimento das correlações entre os componentes do leite e o quanto estes constituintes são herdáveis. Isso contribuirá para obtenção de ganhos permanentes e cumulativos em cada geração, no que diz respeito à alteração da composição e melhoria da qualidade do leite, alcançados por meio da seleção de reprodutores, utilizando-se da diferença dentro e entre raças.

2.2 Parâmetros genéticos

Em tempos onde o consumidor busca cada vez mais por produtos de qualidade e que apresentem características benéficas à saúde, torna-se necessário a utilização de ferramentas que viabilizem tais mudanças nos alimentos.

Sabe-se que a possibilidade de manipulação da composição dos ácidos graxos (AG) do leite tem se tornado alvo de pesquisas (SOYEURT et al., 2006, 2007 e 2008; STOOP et al., 2008), objetivando entender os fatores (ambientais e,

principalmente genéticos) que podem influenciar o perfil dos ácidos graxos neste alimento e torná-lo mais saudável e atraente ao consumidor.

Uma das ferramentas passíveis de ser utilizada para este propósito é o melhoramento genético. Como já foi relatado a existência de diferenças no perfil de ácidos graxos entre e dentro de raças em bovinos leiteiros (KELSEY et al., 2003; SOYEURT et al., 2006), indicando a existência de variabilidade genética nesta característica, torna-se possível alterar a composição de AG do leite por meio da seleção genética.

A obtenção de parâmetros genéticos, bem como a predição dos valores genéticos permitem a identificação de animais geneticamente superiores e a quantificação da contribuição destes nas próximas gerações (KINGHORN; WERF; RYAN, 2006). Desta forma, o conhecimento das estimativas dos parâmetros genéticos, como a herdabilidade e correlações genéticas, é uma ferramenta importante e útil para a tomada de decisão no que diz respeito ao método e/ou critério de seleção a serem adotados.

2.2.1 Herdabilidade

A herdabilidade (h^2) é a fração da variância fenotípica que é atribuída às diferenças entre os genótipos dos indivíduos de uma população, ou seja, expressa a proporção da variância total que é atribuída ao efeito médio dos genes (variância genética aditiva) (KINGHORN, WERF, RYAN; 2006).

Em relação ao perfil de ácidos graxos do leite bovino, um dos primeiros trabalhos em que a herdabilidade foi estimada foi realizado por Edwards et al. (1973). Estes autores verificaram valores muito altos de h^2 , variando de 0,64 a 0,98. (EDWARDS et al., 1973 apud SOYEURT et al., 2007).

É importante ressaltar que as estimativas da herdabilidade variam com a composição genética da população (SOYEURT et al., 2006), com as condições do ambiente onde são avaliadas (CIENFUEGOS-RIVAS et al., 1999) e, até mesmo, com o decorrer da lactação dos animais (BASTIN et al., 2012).

Por exemplo, Soyeurt et al. (2008), em trabalho cujo objetivo foi verificar os efeitos da estação do ano e do estágio da lactação sobre o perfil de AG do leite, bem como estimar parâmetros genéticos referentes ao conteúdo de ácidos graxos saturados (SAT) e monoinsaturados (MONO) em vacas da raça holandesa,

verificaram que os valores da h^2 para os conteúdos de ácidos graxos saturados e monoinsaturados presentes na gordura do leite sofreram grande alteração ao longo da lactação. Estes valores variaram de 0,09 a 0,42 para SAT e de 0,14 a 0,43 para MONO, com as maiores h^2 sendo observadas ao início e final da lactação.

Herdabilidades próximas a esses valores para SAT ($h^2 = 0,14$) e MONO ($h^2 = 0,24$) também foram encontradas por Soyeurt et al. (2007), em estudo com 7700 amostras de leite de animais pertencentes a sete raças diferentes. Para os AG C12:0, C14:0, C16:0, C18:0, C18:1 e C18:2 cis-9, as h^2 foram 0,09; 0,20; 0,28; 0,15 e 0,14; respectivamente. Estas herdabilidades se referem ao conteúdo dos ácidos graxos presentes na gordura do leite (g/100g de gordura).

Os resultados encontrados por Bastin et al. (2011), utilizando informações da composição e produção de leite de vacas holandesas de primeira lactação, indicaram que os ácidos graxos saturados apresentaram maiores coeficientes de herdabilidade que os insaturados (INSAT). As herdabilidades foram 0,43 para SAT; 0,22 para INSAT; 0,21 para MONO e 0,30 para poli-insaturados (POLI). Quando os AG foram agrupados de acordo com o tamanho da cadeia, as estimativas das h^2 para os AG de cadeia curta, média e longa foram 0,44; 0,43 e 0,20, respectivamente. As h^2 de cada ácido graxo estavam em concordância com as estimativas obtidas em cada grupo de AG: as herdabilidades individuais dos saturados de cadeia curta e média variaram de 0,35 para C4:0 a 0,44 para C8:0, enquanto que para os monoinsaturados de cadeia longa foi aproximadamente 0,18.

Segundo estes mesmos autores, pelo fato da concentração dos AG de cadeia longa no leite ser mais influenciada pela dieta consumida do que os AG de cadeia curta e média, as h^2 para os de cadeia longa foram menores do que para os AG sintetizados *de novo*. No entanto, estas h^2 não foram iguais a zero, indicando que os processos envolvidos na inclusão dos AG de cadeia longa na gordura do leite (ou seja, biohidrogenação no rúmen, absorção dos AG de cadeia longa no intestino, ou mobilização de AG a partir do tecido adiposo) pode estar parcialmente sob controle genético.

Os ácidos graxos presentes no leite são provenientes de duas fontes principais: 40% resultam da síntese *de novo* na glândula mamária e 60% absorvidos a partir do sangue (CHILLIARD et al., 2000). Desta forma, a h^2 dos ácidos graxos é um parâmetro genético que pode variar de acordo com a origem do AG em questão (ROCHE et al., 2009; BASTIN et al., 2012).

Em trabalho realizado por Bastin et al. (2012), as estimativas de herdabilidade foram maiores para os AG sintetizados *de novo* e para os saturados ($h^2 = 0,37$ a $0,47$) do que para C18:0, C18:1 cis-9, poliinsaturados, monoinsaturados e de cadeia longa ($h^2 = 0,22$ a $0,31$) os quais têm sua origem principalmente a partir da dieta e da mobilização de gordura corporal. Resultados semelhantes foram encontrados em estudos anteriores (BOBE et al., 2008, STOOP et al., 2008).

Um ponto importante a ser discutido é a comparação das estimativas de herdabilidades entre os trabalhos. Deve-se ter cautela na comparação dos resultados e posterior inferência sobre eles, pois vários fatores devem ser levados em conta quando se trata deste parâmetro genético. Um fator importante a ser observado é a maneira como os trabalhos expressam as concentrações dos ácidos graxos. Existem trabalhos em que o conteúdo dos AG é expresso em gramas por litro de leite ou em porcentagem do peso (isto é, o peso do AG como porcentagem do peso total de gordura) (BOBE et al., 2008). Alguns trabalhos estimaram parâmetros genéticos para as concentrações de AG em gordura (g/100 g de gordura) e no leite (g/100 g de leite) e concluíram que as concentrações de AG no leite, geralmente, estão sob maior controle genético do que aquelas presentes na gordura do leite (Bobe et al., 2008; Soyeurt et al., 2008; Mele et al., 2009); fato possivelmente devido à alta herdabilidade do teor de gordura do leite bovino (ARNOULD; SOYEURT, 2009).

As estimativas da herdabilidade também podem variar entre trabalhos devido aos diferentes modelos que são usados. Alguns autores utilizam modelo touro ou modelo animal (BASTIN et al., 2011), rebanho como efeito aleatório (SCHOPEN et al., 2009) ou fixo (MELE et al., 2009), inclusão de regressão aleatória (Bastin et al. 2011), entre outros.

Segundo Mele et al. (2009), a metodologia analítica utilizada para medir o conteúdo de ácidos graxos pode influenciar as diferentes estimativas de herdabilidade obtidas entre os estudos. Desta forma, ao se comparar as h^2 obtidas entre os trabalhos deve-se também considerar se a técnica utilizada na determinação do teor dos ácidos graxos foi cromatografia gasosa ou espectrometria de infravermelho médio, por exemplo.

Diante de tais considerações, pode-se observar que há variação genética na proporção de ácidos graxos (tanto presente no leite quanto na gordura do leite) sugerindo, desta forma, a possibilidade de inclusão desta característica como critério

de seleção animal. Entretanto, a fim de se obter estimativas mais precisas e confiáveis, deve-se realizar estudos que incluam um maior número de animais e medições ao longo da lactação.

2.2.2 Correlações entre as características

Sabe-se que as duas principais ferramentas utilizadas para a melhoria das características são a seleção e os sistemas de acasalamentos. Em relação a seleção, uma das principais dificuldades encontradas na sua utilização se refere ao relacionamento que pode existir entre as características. Em outras palavras, ao selecionar um animal com base no seu desempenho em uma característica, podem ocorrer variações em outros caracteres (KINGHORN; WERF; RYAN, 2006).

Essa associação entre as características é medida pelas correlações entre os caracteres. Desta forma, torna-se importante conhecer a direção (positiva ou negativa) e a magnitude desse parâmetro para se obter sucesso nos programas de seleção. Estes valores podem ser obtidos do ponto de vista genético, ambiental e fenotípico, dando origem a três tipos de correlação: correlação genética (r_g), correlação ambiental (r_E) e correlação fenotípica (r_P).

A correlação fenotípica resulta dos efeitos combinados do genótipo e do meio ambiente, ou seja, tem causas genéticas e ambientais. Assim sendo, embora haja correlação fenotípica positiva entre duas características, a seleção para uma delas não resultará necessariamente em uma resposta ou ganho genético na outra, pois o ambiente pode estar agindo sobre as características (BOURDON, 2000).

A correlação entre duas características também pode ocorrer devido ao ambiente comum ao qual elas estão submetidas, sendo classificada como correlação ambiental. Este tipo de correlação, quando presente em uma geração, não terá efeito sobre a correlação entre as características na geração seguinte (BOURDON, 2000).

Por sua vez, a correlação genética pode ser definida como sendo a correlação entre os valores genéticos dos animais, e descreve o quanto duas características compartilham da mesma base genética, ou seja, a extensão com que são afetadas pelos mesmos locus (KINGHORN; WERF; RYAN, 2006).

Desta forma, mudanças genéticas que ocorrem em uma ou mais características resultantes da seleção em outra, são chamadas de respostas

correlacionadas à seleção. Uma das principais causas da resposta correlacionada é a pleiotropia, fenômeno em que um único gene afeta mais de uma característica (BOURDON, 2000). As correlações genéticas também podem ocorrer devido à ligação dos genes, afetando duas características. Se a correlação é causada por pleiotropia, não há possibilidade de mudança na relação entre as características, enquanto que se for por ligação, a relação pode decrescer dependendo de crossing-over entre os genes ligados (KINGHORN; WERF; RYAN, 2006).

No melhoramento genético, quando duas características apresentam correlação genética positiva, a seleção pode ser realizada dando enfoque somente em uma delas visto que o melhoramento ocorrerá em ambas. Se não há correlação entre as características, a seleção aplicada em uma não terá efeito sobre a outra. Entretanto, se a correlação entre elas é negativa, a seleção para melhoria de uma pode não ser vantajosa, visto que ocorrerá prejuízo na outra (FALCONER; MACKAY, 1996).

Um exemplo de correlação genética negativa ocorre entre as características de produção de leite e teor de gordura do leite em bovinos leiteiros. Em geral, a seleção visando aumento na produção de leite causa redução no teor de gordura. (GLANTZ et al., 2009). Em outras palavras, os programas de melhoramento genético em bovinos de leite têm priorizado, por um longo tempo, o aumento da produção de leite e, de fato, houve algum efeito desta estratégia sobre o perfil de ácidos graxos do leite.

As correlações estimadas entre o teor de gordura (g por 100g de leite) e os ácidos graxos (g por 100g de gordura) foram -0,06 para C14:0, 0,55 para C12:0, 0,60 para C16:0, 0,84 para C18:0, -0,78 para C18:1 e -0,37 para CLA. Em geral, um aumento no conteúdo de gordura resulta em aumento dos teores de C16:0 e redução de C18:1 e CLA na composição de gordura do leite (SOYEURT et al., 2007). A correlação encontrada para o ácido mirístico (C14:0) e o grupo monoinsaturado foi altamente negativa ($r_g = -0,84$). Dado seu efeito negativo sobre a saúde humana (Hu et al., 1999), a seleção genética para aumentar ácidos graxos monoinsaturados deverá ter um efeito benéfico, ou seja, reduzirá o conteúdo de C14:0 na gordura.

Correlações genéticas negativas entre produção de leite e teor de ácidos graxos também foram constatadas em trabalho de Bastin et al. (2011). Estas correlações variaram de -0,43 a -0,27. Estes autores verificaram que estas

correlações se alteraram no decorrer da lactação, entretanto, sua magnitude foi sempre negativa. Desta forma, concluíram que a seleção para aumento da produção de leite durante todo o período de lactação pode afetar os conteúdos dos AG no leite de maneira semelhante. Correlações negativas entre produção de leite e AG também foram observadas por Bastin et al. (2012) (r_g variando de -0,40 a -0,25) e Soyeurt et al. (2008) (r_g de -0,55 a -0,20).

Os valores estimados por Roman e Wilcox (2000) para correlações entre a produção de leite e teor de gordura foi -0,21 e entre produção e teor de proteína foi -0,56. Neste mesmo estudo, a correlação entre gordura e proteína foi 0,63.

Verificou-se correlações positivas e de moderadas à altas entre conteúdo de gordura e teor de AG no leite: de 0,67 para C18:1 *cis*-9 a 0,97 para AG saturados. Altas correlações entre gordura e AG saturados, de cadeia média e entre o C16:0 foram esperadas pois estes são os principais AG presentes na gordura. Tais resultados indicam que a seleção para maior teor de gordura aumentaria em maiores proporções os conteúdos de saturados, AG de cadeia curta e cadeia média no leite com relação ao conteúdo dos monoinsaturados, poliinsaturados e de cadeia longa. Já as correlações genéticas entre teor de proteína e AG foram positivas variando de 0,18 a 0,60 (BASTIN et al., 2011).

Bastin et al. (2012) estimaram correlações genéticas positivas entre gordura e conteúdo de AG no leite, variando de 0,64 a 0,91. Neste trabalho os autores também verificaram a correlação entre escore de células somáticas e teor de AG no leite, a qual apresentou valor de -0,11 a 0,03.

Em Stoop et al. (2008), o conteúdo de gordura (g por 100g de leite) foi positivamente correlacionado com o C16:0 ($r_g = 0,65$), e negativamente correlacionado com C14:0 ($r_g = -0,43$) e com todos os ácidos graxos insaturados de cadeia longa ($r_g = -0,43$ a $-0,78$). Resultados semelhantes foram obtidos para correlações entre conteúdo de gordura e os grupos de AG: a correlação entre gordura e os AG de cadeia média foi positiva (C14:0 e C16:0, $r_g = 0,65$), e negativas com AG insaturados de cadeia longa (C18, $r_g = -0,74$). O conteúdo de proteína (g por 100g de leite) e produção de gordura (g) também apresentaram correlações positivas com C16:0 e com o grupo de AG de cadeia média, e correlações negativas com AG insaturados de cadeia longa.

Diante da observação dos resultados obtidos em trabalhos de estimativas de parâmetros genéticos, constatou-se que as correlações genéticas podem ser

interpretadas biologicamente, pois refletem os processos que estão envolvidos na produção dos ácidos graxos (BOBE et al., 1999; CHILLIARD et al., 2001 apud SOYEURT et al., 2007). Os ácidos graxos podem ser sintetizados *de novo* na glândula mamária (células epiteliais) ou podem ser originados no sangue. As células epiteliais da glândula mamária de vacas em lactação são muito ativas na biossíntese de triacilgliceróis (98% do total da gordura) à partir do acetato e β -hidroxibutirato, sendo as enzimas acetil-CoA carboxilase e ácido graxo sintetase fundamentais para esta rota metabólica (CLEGG et al., 2001). Os triglicerídeos presentes no sangue são hidrolisados pela lipase no endotélio capilar e uma parte dos ácidos graxos hidrolisados é usada pela glândula mamária. Os ácidos graxos não esterificados são também incorporados no leite, mas em menor quantidade (CLEGG et al., 2001).

Segundo Bobe et al. (1999), foi observado alta correlação genética entre C12:0, C14:0, C16:0 e C18:0. Isso pode ser explicado pela similaridade na origem destes AG, os quais são sintetizados *de novo* na glândula mamária e regulados por duas enzimas, a acetil-CoA carboxilase e ácido graxo sintetase (CHILLIARD et al., 2001 apud SOYEURT et al., 2007). Estes AG foram classificados pelos autores em um mesmo grupo. Um segundo grupo foi constituído por C18:1, C18:2 *cis*-9, *cis*-12, C16:0 e C18:0. Estes AG são extraídos a partir sangue. A presença do C16:0 e C18:0 em dois grupos pode ser explicada pela sua dupla origem. Estes AG são parcialmente extraídos do sangue e parcialmente sintetizados *de novo* pela glândula mamária. Finalmente, o terceiro grupo contém apenas C18:1 e C18:2 *cis*-9, *cis*-12. Estes AG são extraídos do sangue, e a biohidrogenação age pouco sobre eles (BOBE et al., 1999).

O ácido butírico (C4:0), correlacionado negativamente com a maioria dos outros ácidos graxos (STOOP et al., 2008), é formado parcialmente no rúmen por meio de processos microbiológicos, juntamente com acetato e propionato, e é o precursor da maioria dos outros ácidos graxos de cadeia curta e média. Por meio do seu aumento na síntese *de novo*, é possível converter mais C4:0 nestes AG e, por isso, uma menor quantidade de ácido butírico estará presente no leite, ocasionando uma correlação negativa.

Tendo sido constatado que as correlações genéticas entre cada ácido graxo permite agrupá-los de acordo com uma origem comum, conclui-se que a informação sobre cada AG individualmente não é necessária. De acordo com Soyeurt et al. (2007), um índice poderia ser criado para incluir os grupos de AG com similares

origens metabólicas. Por exemplo, poderia ser interessante usar um índice incluindo os AG para os quais a enzima $\Delta 9$ -dessaturase é necessária (C14:1, C16:1, C18:1). Baseado em tais índices, a seleção poderia ser usada no futuro para aumentar os AG monoinsaturados e CLA no leite bovino (SOYEURT et al., 2007).

Sendo assim, antes de iniciar o processo de seleção dos animais em uma população, deve-se ter o conhecimento sobre as correlações genéticas existentes entre as características. Os estudos sobre o perfil dos ácidos graxos do leite e, conseqüentemente, as estimativas dos parâmetros genéticos relacionados a eles, são recentes. Entretanto, a inclusão desta característica como critério de seleção já é um fator que deve ser considerado para melhoria da qualidade do leite e de seus derivados. As biotecnologias ligadas a genética molecular, como por exemplo, a identificação de marcadores moleculares para o perfil de ácidos graxos, surge como uma ferramenta que possibilita o melhor entendimento do controle genético das características ligadas a produção e qualidade do leite e auxilia nos programas de seleção.

2.3 Modelos de Regressão Aleatória

Na bovinocultura leiteira, características de produção e de qualidade do leite são fatores que retratam o êxito desta atividade. Diante disso, além da produção de leite, o teor de gordura e de proteína vem sendo utilizados como critérios de seleção em bovinos de leite. Por se tratarem de características mensuradas várias vezes em um mesmo animal ao longo de sua vida, a utilização de metodologias estatísticas que se adequem a dados dessa natureza e forneçam, com isso, estimativas mais acuradas de parâmetros genéticos com conseqüente melhoria da avaliação genética, vem sendo priorizada nas pesquisas recentes. Atualmente os modelos de regressão aleatória (MRA) tem sido uma ferramenta muito utilizada em trabalhos que abordam características medidas repetidamente ao longo do tempo, também denominadas características longitudinais, objetivando a estimação de parâmetros genéticos (JAMROZIK et al., 1997; ALBUQUERQUE; EL FARO, 2008; COSTA et al., 2008; PELICIONI et al., 2009; BIASSUS et al., 2011).

Sob o contexto do melhoramento genético animal, os modelos de regressão aleatória foram inicialmente utilizados por Schaeffer e Dekkers (1994). Esses autores conduziram as aplicações iniciais de MRA em avaliações genéticas de bovinos

leiteiros, utilizando dados de produção de leite no dia do controle para o ajuste de curvas de lactação.

Os MRA assumem que os registros tomados no mesmo animal pertencem a uma mesma característica, entretanto as correlações genéticas entre esses registros são consideradas diferentes (KIRKPATRICK et al., 1994). No caso de bovinos de leite, por exemplo, cada lactação é considerada uma característica e cada componente do leite, como proteína, gordura e contagem de células somáticas são características separadas dentro de cada lactação (ZAMPAR, 2012). O emprego dos MRA também possibilita que as variações ocorridas durante a vida do animal sejam consideradas e, com isso, se identifique a fase em que ocorre a maior variabilidade genética (JENSEN, 2001); além disso, permitem que a estimação de parâmetros genéticos seja realizada em qualquer fase da lactação (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003). Outro aspecto importante desse modelo é que, para cada animal, há o ajuste de curvas aleatórias, e essas curvas aleatórias são preditas como um desvio da curva média que é fixa e refere-se a população ou grupo de indivíduos (SCHAEFFER; JAMROZIK, 2008).

Além dos fatores citados acima, os MRA apresentam vantagens que podem ser consideradas na escolha da sua implementação:

- a estimação de componentes de covariância entre as medidas e, desta forma, a possível predição do valor genético dos animais em qualquer fase de uma mesma lactação em que foram realizadas as mensurações (para cada lactação e para cada dia de controle dentro da lactação) (LIDAUER et al., 2000). Isso contribui para que os animais geneticamente superiores sejam identificados, por exemplo, no início da primeira lactação, acelerando o processo de seleção e, conseqüentemente, reduzindo o intervalo de geração. Dessa forma, aumenta-se o ganho genético e evita-se gastos oriundos da manutenção de animais de baixa produção no rebanho;

- possibilidade de um animal ser avaliado com base em qualquer número de registros tomados durante a lactação, isto é, não há demanda de um número mínimo de medidas por animal. Assim, os custos relacionados ao controle leiteiro (coletas de dados e registros destas informações) podem ser reduzidos (SCHAEFFER et al., 2000).

- consideração dos efeitos ambientais que podem afetar diretamente as vacas durante a lactação quando utilizados em dados de produção no dia do controle

(SCHAEFFER; DEKKERS, 1994) proporcionando, assim, estimativas mais acuradas dos parâmetros genéticos (DIONELLO et al., 2006);

- consideração do parentesco entre os animais na estimação dos parâmetros (MEYER; HILL, 1997) o que também contribui para obtenção de uma avaliação genética mais precisa;

- possibilidade de incluir nas análises animais que foram retirados do rebanho e aqueles que ainda não tiveram a lactação encerrada, não sendo necessária a estimação de suas produções para os 305 dias de lactação (JENSEN, 2001).

Sendo assim, ao se optar pelo uso de modelos de regressão aleatória, deve-se escolher uma função que descreva as trajetórias dos efeitos fixos e aleatórios que agem sobre as características consideradas (MEYER; HILL, 1997; KIRKPATRICK et al., 1990). Entre essas funções, os polinômios ortogonais de Legendre têm sido os mais aplicados em estimativas de parâmetros genéticos de características produtivas em bovinos de leite (LIU et al., 2006), pois evitam a superestimação das variâncias genéticas e das herdabilidades nos extremos do período da lactação (SCHAEFFER, 2004). Em se tratando dos polinômios ortogonais de Legendre, a ordem do polinômio é um fator que deve ser considerado, visto que as estimativas dos parâmetros genéticos podem variar dependendo da ordem utilizada (MISZTAL et al., 2000). Em alguns trabalhos foi demonstrado que as ordens dos polinômios para os efeitos genéticos aditivos e de ambiente permanente não precisam ser iguais (MEYER, 2000; POOL et al., 2000). No estudo feito por Pool et al. (2000), verificou-se que os efeitos genéticos aditivos requerem menor ordem dos polinômios do que os efeitos de ambiente permanente.

Objetivando determinar a ordem do polinômio de Legendre necessária para descrever a trajetória da lactação de cada animal, Pool et al. (2000) concluíram que o modelo de regressão aleatória utilizando quarto grau do polinômio foi o que melhor descreveu as variações genética e ambiental das curvas de lactação. Este resultado é condizente ao relatado por Araujo et al. (2006), os quais afirmam que o polinômio de Legendre de ordem quatro ajustou-se melhor aos dados, fornecendo menor estimativa de variância residual e, conseqüentemente, estimativas mais acuradas de parâmetros genéticos.

Em relação às características de produção e qualidade do leite, recentemente Biassus et al. (2011) verificaram que os modelos com polinômios de Legendre de grau maior que quatro foram mais adequados para o ajuste da produção de leite,

gordura e proteína. Em Zampar (2012), visando à identificação do modelo mais adequado para descrever as mudanças nas variâncias associadas aos teores de gordura e proteína do leite, concluiu-se que os polinômios ortogonais de Legendre de quinta e sexta ordens foram os que melhor se adequaram aos teores de gordura e o de quarta ordem para teor de proteína. Neste mesmo estudo, a autora verificou que os modelos que melhor se ajustaram para escore de células somáticas foram os de quarta e sexta ordens. Em Bohmanova et al. (2008), também constatou-se que, para escore de células somáticas, os polinômios ortogonais de Legendre de quarta ordem foram os que melhor se adequaram.

Ressalta-se que, a utilização de um modelo com ordem de polinômio inadequada pode ter efeito sobre as variâncias, ou seja, a variância fenotípica pode ser dividida de forma errada entre as demais variâncias correspondentes aos efeitos incluídos no modelo (SARMENTO, 2007). Sendo assim, de maneira geral os melhores ajustes têm sido obtidos por MRA usando polinômios de Legendre de quarta a sexta ordens em estudos de estimação de parâmetros genéticos para em bovinos de leite (JAMROZIK et al., 1997; COBUCI et al., 2006; LIU et al., 2006; BIASSUS et al., 2010).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Análise de concordância e predição do conteúdo de ácidos graxos

3.1.1 Conjunto de Dados

Foram utilizadas 89 amostras de leite oriundas de coleta única de vacas da raça Holandesa com lactações variando entre um e seis. Estas amostras, conservadas com bronopol, foram submetidas a análises por cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho médio para a determinação das concentrações de ácidos graxos, expressas em gramas por 100 gramas de gordura do leite.

Os lipídeos totais na análise de cromatografia gasosa foram extraídos seguindo a metodologia descrita por Feng et al. (2004), sendo posteriormente metilados como descrito por Kramer et al. (1997). Após essa etapa, foi utilizado um cromatógrafo gasoso Agilent Technologies 7890A equipado com detector de ionização de chama para a quantificação e determinação dos ácidos graxos. 1µL da amostra foi injetada no aparelho com o auxílio de uma seringa de 10µL. A identificação dos ácidos graxos das amostras foi feita pela comparação do tempo de retenção dos éteres metílicos dos ácidos graxos dos padrões. O padrão utilizado foi o mix Supelco® de 37 compostos (Sigma Aldrich) e padrões individuais para a identificação dos ácidos graxos C18:1 *trans*-11, C18:2 *cis*-9, *trans*-11, C18:2 *trans*-10, *cis*-12 (Nu-CheckPrep) e C18:1-OH (Sigma Aldrich). A aquisição dos dados foi realizada por meio do software Chem Station (Agilent Technologies).

Por sua vez, as mensurações por espectrometria em infravermelho médio foram realizadas por meio do equipamento Delta Instruments CombiScope™ Filter, Advanced Instruments, Inc., Norwood, EUA. A partir destas análises foram determinadas as concentrações nas amostras dos ácidos graxos palmítico (C16:0), esteárico (C18:0), oléico (C18:1), grupos de ácidos graxos saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO), poliinsaturados (POLI), além dos ácidos mirístico (C14:0) e linoléico conjugado (CLA), os quais foram quantificados apenas por cromatografia gasosa. Destas informações, foram excluídos os valores discrepantes, identificados por apresentarem valores maiores ou menores a três desvios-padrão da média de cada ácido graxo (Tabela 2).

Tabela 2 - Número de observações (N), média, desvio-padrão, máximo e mínimo (em g/100g de gordura) dos teores de ácidos graxos obtidos por cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho médio

Ácido graxo	N	Média	Desvio-Padrão	Máximo	Mínimo
<i>Cromatografia gasosa</i>					
Mirístico	88	10,62	2,082	14,68	4,45
Palmítico	87	30,24	4,707	30,85	22,35
Esteárico	86	11,25	2,795	20,07	4,82
Oléico	86	23,68	4,480	37,16	16,66
Linoléico conjugado	88	1,80	0,616	3,76	0,88
Saturados	87	66,67	5,016	75,58	52,97
Insaturados	86	31,66	5,209	44,70	22,45
Monoinsaturados	86	28,50	4,749	41,08	19,67
Poliinsaturados	87	3,09	0,695	4,85	1,75
<i>Espectrometria em infravermelho</i>					
Palmítico	87	25,81	3,157	32,91	16,32
Esteárico	86	18,17	3,587	32,56	11,49
Oléico	86	15,02	3,771	26,17	7,60
Saturados	87	70,96	4,453	79,41	58,94
Insaturados	86	25,83	5,227	40,57	15,18
Monoinsaturados	86	21,35	4,336	32,75	11,63
Poliinsaturados	87	4,28	0,967	7,10	2,01

3.1.2 Análise de Concordância

A comparação dos resultados obtidos por ambos os métodos foi realizada por meio da correlação de Pearson, análise de Bland-Altman e regressão linear bayesiana.

A correlação de Pearson (r) quantifica o grau de relacionamento linear entre duas variáveis (x e y). Valores de r próximos à -1 representam uma relação inversa entre duas variáveis, à 1 uma relação direta entre duas variáveis, enquanto r igual a zero significa que as variáveis não dependem linearmente uma da outra, não estando correlacionadas (GASPARINI et al., 2007; POLIT e HUNGLER, 1995).

A análise de Bland-Altman (BLAND; ALTMAN, 1999) baseia-se na construção de um gráfico de dispersão relacionando as médias entre os resultados dos dois métodos no eixo das abscissas com o viés no eixo das ordenadas, de maneira a se avaliar a dimensão das diferenças entre os métodos, a dispersão destas diferenças ao redor da média, além de possíveis *outliers* e tendências.

Assim, a média entre as medidas obtidas foi calculada por: $(x_i + y_i)/2$, em que x_i é a concentração de ácido palmítico (em g/100g de gordura) determinada pelo

método da espectrometria em infravermelho médio para a i -ésima amostra de leite e y_i é a concentração deste mesmo ácido mensurada por meio de cromatografia gasosa na i -ésima amostra de leite analisada.

Da mesma forma, o viés foi dado pela diferença entre as mensurações de cada método em uma mesma amostra, isto é, foi obtido por meio da equação: $(x_i - y_i)$. A partir do cálculo da média (\bar{d}) do viés e de seu desvio-padrão (s_d) foram estimados os limites de concordância (LC) por meio da equação $LC = \bar{d} \pm 1,96s_d$, os quais indicam a região em que devem se encontrar 95% das diferenças nos casos estudados.

A precisão dos valores do viés e dos limites de concordância foi calculada pelo erro-padrão ($EP_{\bar{d}}$) e intervalo de confiança (IC), sendo o primeiro dado por $EP_{\bar{d}} = s_d / \sqrt{n}$, em que n é o tamanho da amostra; e o segundo estimado por $IC = \bar{d} \pm t \times EP_{\bar{d}}$, sendo t o valor tabelado da distribuição t para $n-1$ graus de liberdade.

O terceiro método utilizado foi a regressão linear simples com abordagem bayesiana, para a qual o modelo pode ser descrito como (eq. 1):

$$y = \alpha + \beta x + \varepsilon \quad (1)$$

em que y é o vetor dos valores observados de concentração do ácido graxo pelo procedimento de cromatografia; α é o intercepto da regressão; β é o coeficiente angular de regressão; x é o vetor dos valores observados de concentração do mesmo ácido graxo considerado no vetor y , porém mensurado por espectrometria em infravermelho médio; ε é o vetor de resíduos ($\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$).

Para os vetores y e x , os ácidos graxos analisados foram: C16:0, C18:0, C18:1 e os grupos: SAT, INSAT, MONO e POLI. Para cada regressão linear foram realizadas análises considerando-se *prioris* não informativas e informativas para α (intercepto) e β (inclinação), e não-informativas para τ (precisão).

Adotou-se como *prioris* não informativas para α e β distribuições normais com média zero e variância igual a 10^6 enquanto para τ a *priori* utilizada foi uma distribuição gama com parâmetros forma e escala iguais a 10^{-3} . As *prioris* informativas para α e β foram selecionadas assumindo-se concordância entre y e x em cada regressão, sendo, portanto, $\alpha \sim N(0, 100)$, $\beta \sim N(1, 100)$.

A abrangência dos valores 0 e 1 pelos intervalos de credibilidade do intercepto e da inclinação, respectivamente, foi empregado como critério para se concluir sobre a similaridade entre os métodos na produção dos resultados.

As análises envolvendo regressão linear Bayesiana foram realizadas pelo método de Cadeias de Monte Markov empregando-se o Algoritmo de Gibbs (CASELLA; GEORGE, 1992; SORENSEN; GIANOLA, 2002) por meio do programa WinBUGS (LUNN et al., 2000).

Sendo assim, foram conduzidas três cadeias de Markov de 10.000 amostras com intervalos de amostragem de valor um, sendo as mil amostras iniciais descartadas. A falta de convergência em cada cadeia foi verificada pelo Geweke (1992), e dos testes de Heidelberger e Welch (1983), Gelman e Rubin (1992) e Raftery e Lewis (1992).

3.1.3 Equações de Predição

Equações de predição foram desenvolvidas para os ácidos graxos mirístico (C14:0) e linoléico conjugado. Estas equações foram construídas por meio do programa WinBUGS (LUNN et al., 2000) a partir de regressões lineares simples e múltipla Bayesiana considerando-se *prioris* não-informativas e informativas. Novamente, as análises foram realizadas pelo método de Cadeias de Monte Carlo Markov associado ao algoritmo de Amostragem de Gibbs (CASELLA, GEORGE; 1992; SORENSEN; GIANOLA, 2002), adotando-se três cadeias de Markov de 10.000 amostras com intervalos de amostragem de valor um, sendo as mil amostras iniciais descartadas. A falta de convergência em cada cadeia foi testada através do critério de Geweke (1992), e dos testes de Heidelberger e Welch (1983), Gelman e Rubin (1992) e Raftery e Lewis (1992; 1996).

Dessa forma, para o ácido graxo mirístico, a regressão linear simples foi baseada no seguinte modelo (eq. 2):

$$y = \alpha + \beta x + \varepsilon \quad (2)$$

em que y é o vetor de valores preditos para o ácido graxo mirístico; α é o intercepto da regressão; β é o coeficiente angular da regressão; x é o vetor de

mensurações do grupo de ácidos graxos saturados obtidos por espectrometria em infravermelho médio; ε é o vetor de resíduos da regressão, em que $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$.

Assumiu-se como *priori* não-informativa para α e β uma distribuição normal com média zero e variância igual a 10^6 , enquanto as *prioris* informativas para estes parâmetros foram $\alpha \sim N(10.64, 4.35)$ e $\beta \sim N(0, 2.67)$. Para ambos os casos, a *priori* para a precisão foi $\tau \sim G(0.001, 0.001)$. Por sua vez, a regressão linear múltipla para o ácido graxo mirístico baseou-se na equação (eq. 3):

$$y = \alpha + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \varepsilon \quad (3)$$

em que y é o vetor de valores preditos para o ácido graxo mirístico; α é o intercepto da regressão; β_i é o coeficiente angular da regressão da i -ésima variável x , em que $i=1,2$; x_1 é o vetor de mensurações do grupo de ácidos graxos saturados obtidos por espectrometria em infravermelho médio; x_2 é o vetor de mensurações do ácido graxo palmítico (C16:0) obtidos por espectrometria em infravermelho médio; ε é o vetor de resíduos da regressão, em que $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$. As *prioris* não informativas para α , β_1 e β_2 foram distribuições normais com média zero e variância igual a 10^6 , enquanto as *prioris* informativas adotadas foram $\alpha \sim N(10.64, 4.35)$, $\beta_1 \sim N(0, 2.67)$ e $\beta_2 \sim N(0, 4)$. Para ambos os casos, as *prioris* para a precisão foram não informativas, sendo descritas como: $\tau \sim G(0.001, 0.001)$.

A regressão linear simples para o ácido linoléico conjugado (CLA, y) foi realizada considerando-se como variável independente as mensurações do grupo de ácidos graxos poliinsaturados obtidas por espectrometria em infra-vermelho médio. A *priori* não-informativa empregada para os parâmetros α e β foram iguais às adotadas para o ácido mirístico, como descrito anteriormente, enquanto as *prioris* informativas para estes foram $\alpha \sim N(1.80, 0.23)$ e $\beta \sim N(0, 55.55)$. A regressão linear múltipla foi similar à descrita para o ácido graxo mirístico, considerando-se como variáveis independentes as mensurações do grupo de ácidos graxos poliinsaturados (x_1) ácido oléico (x_2) obtidas por espectrometria em infravermelho médio. Distribuições normais com média zero e variância média zero e variância igual a 10^6 assumidas como *prioris* não informativas. As *prioris* informativas para estes parâmetros foram $\alpha \sim N(1.80, 0.23)$, $\beta_1 \sim N(0, 55.55)$ e $\beta_2 \sim N(0, 0.0084)$.

Os valores atribuídos como média e variância dos parâmetros nas análises a partir de *prioris* informativas foram determinados de acordo com o sugerido em Bolstad (2007). Assim sendo, a média do intercepto (α) representou a média da variável dependente enquanto o desvio-padrão foi dado pela diferença entre os prováveis valores máximo e mínimo desta variável dividida por seis. Igualmente, assumiu-se para os coeficientes angulares (β_i) média igual a zero enquanto o desvio-padrão referiu-se à diferença entre os prováveis limiares superior e inferior da magnitude do efeito do acréscimo de uma unidade da variável independente sobre a variável dependente.

A qualidade do ajuste das equações foi avaliada pelo critério de informação da Deviance (DIC; SPIEGELHALTER et al., 2002), pelo erro quadrático médio (EQM) e graficamente pela dispersão dos erros (diferença entre os valores observados e preditos) e pela reta de ajuste.

3.2 Estimativa de parâmetros genéticos

3.2.1 Conjunto de Dados

Os dados utilizados foram obtidos em colaboração à Clínica do Leite, laboratório pertencente ao Departamento de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, da Universidade de São Paulo (LZT – ESALQ/USP) e financiado pela FAPESP e CNPq.

Amostras de leite de vacas holandesas oriundas de fazendas distribuídas pelo Estado de São Paulo foram analisadas por meio da espectrometria em infravermelho médio (Foss MilkoScan FT6000, Foss, Hillerød, Denmark) para a determinação dos teores dos ácidos graxos palmítico (C16:0 – g/100g de leite), esteárico (C18:0 – g/100g de leite), oleico (C18:1c9 – g/100g de leite), saturados (SAT - g/100g de leite), insaturados (INSAT - g/100g de leite), monoinsaturados (MONO - g/100g de leite), poliinsaturados (POLI - g/100g de leite); além das frações comumente realizadas, como contagem de células somáticas (CCS) e teor de proteína (g/100g de leite) e gordura (g/100g de leite).

O conteúdo dos ácidos graxos mirístico (C14:0 - g/100g de leite) e linoleico conjugado (CLA – g/100g de leite) foram obtidos por meio das seguintes equações

de predição (eq. 4 e 5, respectivamente) desenvolvidas a partir da regressão linear múltipla Bayesiana, com detalhes apresentados no capítulo anterior:

$$y_{C14:0} = -11,46 + 0,22x_1 + 0,26x_2 + \varepsilon \quad (4)$$

em que $y_{C14:0}$ é o vetor de valores preditos para o ácido graxo C14:0; x_1 é o vetor de mensurações do grupo de ácidos graxos saturados obtidos por espectrometria em infravermelho médio; x_2 é o vetor de mensurações do ácido graxo palmítico (C16:0) obtidos por espectrometria em infravermelho médio; ε é o vetor de resíduos da regressão, em que $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$.

$$y_{CLA} = 0,91 + 0,27x_1 - 0,02x_2 + \varepsilon \quad (5)$$

em que y_{CLA} é o vetor de valores preditos para o CLA; x_1 é o vetor de mensurações do grupo de ácidos graxos poliinsaturados obtidos por espectrometria em infravermelho médio; x_2 é o vetor de mensurações do ácido graxo oléico (C18:1c9) obtidos por espectrometria em infravermelho médio; ε é o vetor de resíduos da regressão, em que $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$.

A análise de consistência dos dados foi realizada utilizando-se o software *Statistical Analysis System (SAS)*, versão 9.2.

Desta forma, no banco de dados constavam as informações referentes à identificação dos animais, a data de nascimento, idade, os pais, os grupos de contemporâneos (GC), número da lactação, dias em lactação (DEL), além das características de interesse, referentes aos teores de gordura, proteína, ácidos graxos C16:0, C18:0, C18:1c9, C14:0, CLA, SAT, INSAT, MONO, POLI, produção de leite (kg) e CCS.

Foram mantidos no banco de dados somente animais com idade à partir de 24 meses, e consideradas 648, 560, 323, 171, 78, 23, 13 e 1 vacas de primeira à oitava lactação, respectivamente, pertencentes a três fazendas localizadas no Estado de São Paulo.

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados concatenando-se a estação de parto (abril a setembro – estação seca; outubro a março – estação das

águas), ano de parto e rebanho, de maneira que foram considerados 12 grupos de contemporâneos com número de animais entre 5 e 645.

A matriz de relacionamentos foi formada por 4.189 animais, 388 touros e 2.505 vacas de 6,26 gerações, considerando a primeira geração como um. O número de gerações foi calculado baseado na metodologia descrita em Brinks et al. (1961).

A CCS nas amostras de leite analisadas variou de 3.000 a 8.308.000 células/ml de leite. Como a contagem de células somáticas não apresenta normalidade dos dados, o escore de células somáticas (ECS) foi calculado de acordo com a expressão: $ECS = \text{Log}_2(\text{CCS}/100) + 3$, para então se obter as propriedades necessárias à utilização de métodos estatísticos convencionais (AKA; SHOOK, 1980; SHOOK; SCHUTZ, 1994).

Foram eliminadas do banco de dados as informações referentes aos animais:

- com pais e/ou mães desconhecidos;
- pertencentes a GC com menos de cinco animais;
- sem nenhum dado mensurado;
- sem data de nascimento e/ou idade e/ou número de lactações;
- com idade inferior a dois anos;
- com dias em lactação maior que 305 dias;
- com informação fora da amplitude aceitável (mais ou menos dois desvios-padrão, Tabela 3).

O montante de animais com determinado número de mensurações por características são apresentados na Tabela 4.

O estágio da lactação (t) foi padronizado de acordo com a equação (eq. 6) (GROENEVELD; KOVAC; MIELENZ, 2008):

$$t = \frac{2 * (DEL - t_{\min})}{(t_{\max} - t_{\min})} - 1 \quad (6)$$

em que DEL = dias em lactação e t_{\min} e t_{\max} são os dias mínimos e máximos de lactação, respectivamente, podendo variar de dois a 305 dias.

Tabela 3 – Número de observações (N), média, mínimo e máximo aceitável nas diferentes classes de lactação para a manutenção da informação do banco de dados para produção (PROD – kg), proteína (PROT - g/100g de leite), escore de células somáticas (ECS), gordura (GOR - g/100g de leite), ácidos graxos saturados (SAT - g/100g de leite), insaturados (INSAT - g/100g de leite), monoinsaturado (MONO - g/100g de leite), poliinsaturado (POLI - g/100g de leite), ácido palmítico (C16:0 - g/100g de leite), esteárico (C18:0 - g/100g de leite) e oléico (C18:1c9 - g/100g de leite)

Característica	Classe*	N	Média	Medida aceitável	
				Mínimo	Máximo
PROD	1	955	36,42	3,30	68,10
	2	991	32,67	8,00	60,30
	3	839	29,20	4,70	53,00
PROT	1	2109	2,86	2,45	3,32
	2	2385	2,98	2,57	3,40
	3	1857	3,15	2,64	3,69
ECS	1	2036	1,92	0,96	3,10
	2	2266	2,04	0,85	3,49
	3	1727	2,16	0,88	3,72
GOR	1	2127	3,46	2,06	4,93
	2	2366	3,27	2,13	4,45
	3	1808	3,33	2,16	4,55
SAT	1	2139	2,22	1,36	3,09
	2	2392	2,09	1,33	2,90
	3	1818	2,10	1,34	2,90
INSAT	1	2130	1,11	0,49	1,79
	2	2378	1,04	0,59	1,52
	3	1843	1,11	0,62	1,62
MONO	1	2129	0,93	0,40	1,53
	2	2391	0,88	0,49	1,29
	3	1842	0,93	0,52	1,38
POLI	1	2131	0,17	0,08	0,27
	2	2373	0,17	0,09	0,24
	3	1932	0,17	0,05	0,43
C16:0	1	2209	0,80	0,46	1,14
	2	2398	0,78	0,46	1,11
	3	1824	0,79	0,48	1,12
C14:0	1	1967	0,31	0,17	0,46
	2	2193	0,30	0,17	0,44
	3	1651	0,30	0,17	0,44
C18:0	1	2155	0,68	0,34	1,05
	2	2404	0,60	0,37	0,84
	3	1929	0,60	0,30	0,93
C18:1c9	1	2257	0,73	0,27	1,22
	2	2409	0,66	0,33	1,00
	3	1842	0,70	0,35	1,07
CLA	1	1909	0,06	0,04	0,09
	2	2098	0,06	0,04	0,08
	3	1656	0,06	0,04	0,08

* De acordo com os dias em lactação (DEL), as vacas foram agrupadas em três classes de lactação: 1 (menos que 100 dias em lactação), 2 (entre 100 e 200 dias em lactação) e 3 (mais que 200 dias em lactação)

Tabela 4 – Montante de animais com relação ao número de mensurações (de 1 a 7) por característica

Característica	Nº Mensurações						
	1	2	3	4	5	6	7
PROD	732	576	161	56	16	19	-
GOR	301	312	295	270	266	208	119
PROT	319	315	280	248	251	233	131
SAT	306	301	312	266	245	220	128
INSAT	281	330	284	253	254	230	128
MONO	282	325	280	258	254	232	128
POLI	296	328	278	256	237	226	155
C16:0	303	308	314	252	264	222	130
C14:0	351	318	304	282	249	169	75
C18:0	286	307	289	250	262	221	155
C18:1c9	288	316	297	266	259	238	130
CLA	366	323	295	264	230	169	78
ECS	332	328	258	242	238	194	135

PROD = produção de leite (kg); GOR = gordura (g/100g de leite); PROT = proteína (g/100g de leite); SAT = saturado (g/100g de leite); INSAT = insaturado (g/100g de leite); MONO = monoinsaturado (g/100g de leite); POLI = poliinsaturado (g/100g de leite); C16:0 = palmítico (g/100g de leite); C14:0 = mirístico (g/100g de leite); C18:0 = esteárico (g/100g de leite); C18:1c9 = oleico (g/100g de leite); CLA = linoleico conjugado (g/100g de leite); ECS = escore de célula somática.

As análises para obtenção de componentes de variância foram realizadas por meio de Modelos de Regressão Aleatória (MRA), sob modelo animal, com o uso do software WOMBAT (MEYER, 2006). As funções de covariância foram estimadas para os componentes genéticos aditivos e de ambiente permanente utilizando polinômios ortogonais de Legendre. O modelo usado incluiu como efeitos fixos o grupo de contemporâneo e o número de lactação da vaca. Como covariável, os dias em lactação (efeito cúbico), o qual foi considerado no modelo de regressão aleatória como sendo a regressão sobre o tempo, o que gerou a trajetória média da população (curva fixa). Desta forma, as curvas aleatórias para cada animal são estimadas como sendo desvios desta trajetória média (SCHAEFFER, 2004). Como aleatórios, foram considerados os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente.

Os teores de gordura, proteína, ácidos graxos SAT, INSAT, MONO, POLI, C16:0, C14:0, C18:0, C18:1c9, CLA e ECS foram modelados por regressão aleatória utilizando o modelo animal proposto por Meyer (1998) (eq. 7)

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_b-1} \beta_m \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_A-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_R-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}) + \varepsilon_{ij} \quad (7)$$

em que y_{ij} é dado j do animal i ; F é o conjunto dos efeitos fixos, incluindo o grupo de contemporâneo e número de lactação; β_m é o coeficiente de regressão dos teores de proteína, gordura, ácidos graxos e ECS de acordo com o estágio de lactação para a

média da população; α_{im} e Y_{im} são os coeficientes de regressão aleatório para efeito genético aditivo direto e de ambiente permanente, para o animal i ; k_b , k_a e k_r são as ordens dos polinômios; t_{ij} corresponde aos dias em lactação do animal i ; $\varphi_m(t_{ij})$ é o $m^{\text{ésima}}$ função polinomial de Legendre; ε_{ij} é o erro aleatório associado a cada dado j de cada animal i .

Em notação matricial e de forma generalizada, o modelo de regressão aleatória utilizado pode ser descrito como (eq. 8):

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e} \quad (8)$$

em que \mathbf{y} é o vetor das observações; \mathbf{X} é a matriz de incidência dos efeitos fixos associando \mathbf{b} a \mathbf{y} ; \mathbf{Z} corresponde a matriz de incidência do efeito aleatório genético aditivo associando \mathbf{a} com \mathbf{y} ; \mathbf{W} compõe a matriz de incidência do efeito aleatório de ambiente permanente associando os elementos de \mathbf{p} a \mathbf{y} ; \mathbf{b} é o vetor de efeitos fixos de GC e número de lactações; \mathbf{a} e \mathbf{p} são os vetores de soluções para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente do animal dos coeficientes da regressão aleatória, respectivamente; \mathbf{e} é o vetor de efeitos residuais inerentes às observações, NID $(0, \sigma^2)$.

Polinômios ortogonais de Legendre de primeira a sexta ordens (Leg1, Leg2, Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6, respectivamente) foram utilizados para o ajuste das regressões aleatórias das características em questão, sendo aplicada a mesma ordem simultaneamente para o componente genético aditivo e para o efeito ambiente permanente. A variância residual foi considerada heterogênea, dividindo os dias em lactação em três classes (de um a 100 dias, de 101 a 200 dias e de 201 a 305 dias). Intervalos similares para classe de dias em lactação foram adotados em Mele et al. (2009). A qualidade de ajuste do modelo aos dados foi avaliada por meio do Critério de Informação de Akaike (AIC), Critério Bayesiano de Informação de Schwarz (BIC), pela Máxima Verossimilhança Restrita (-2log(L)) e pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* – LRT). Os critérios AIC, BIC e -2log(L) permitem a comparação entre modelos não aninhados e penalizam modelos com maior número de parâmetros, sendo que para BIC essa penalidade é mais rigorosa, tendendo a favorecer modelos mais parcimoniosos (NUNEZ-ANTÓN; ZIMMERMAN, 2000; EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003). Para AIC o valor para comparação foi dado por (eq. 9):

$$AIC = -2\log(L) + 2p \quad (9)$$

e para BIC, o valor foi obtido por (eq. 10):

$$BIC = -2\log(L) + p \log(N - r) \quad (10)$$

Em que: p é o número de parâmetros do modelo; N é o número total de informações; r é o posto da matriz X (matriz de incidência para os efeitos fixos) (WOLFINGER, 1993). Valores menores de AIC, BIC e $-2\log(L)$ indicam melhor ajuste do modelo (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003; MENÉNDEZ-BUXADERA et al., 2010).

O LTR foi usado para verificar se os modelos diferem estatisticamente um do outro, devido à inclusão de parâmetros no modelo. A estimativa do LRT foi comparada com o valor do qui-quadrado tabelado, GL graus de liberdade e nível de significância de 5%, em que GL é a diferença entre o número de parâmetros do modelo completo e do modelo reduzido (modelo aninhado) (DOBSON, 2002). Desta forma, o LTR é dado por (eq. 11):

$$LRT = 2\log L(F) - 2\log L(R) \quad (11)$$

em que $L(F)$ é a verossimilhança do modelo mais parametrizado e $L(R)$ a verossimilhança do modelo com menor número de parâmetros.

Com relação a produção de leite, visto que aproximadamente 46% dos animais avaliados possuíam apenas uma mensuração para produção de leite, impossibilitando o ajuste de um modelo de regressão aleatória para a estimação dos componentes de variância associados a esta característica, a obtenção de tais estimativas foi dada pelo seguinte modelo, utilizando a metodologia da máxima verossimilhança restrita por meio do programa WOMBAT (MEYER, 2007) (eq. 12):

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \boldsymbol{\varepsilon} \quad (12)$$

em que: \mathbf{y} é o vetor da variável-resposta; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor dos efeitos fixos incluídos no grupo de contemporâneas (rebanho, ano e estação de parto) e ordem de lactação; \mathbf{X} é a matriz de incidência dos efeitos fixos; \mathbf{Z} é a matriz de incidência dos efeitos

aleatórios; \mathbf{a} é o vetor do efeito genético aditivo animal, com $N(\mathbf{0}, \mathbf{A}\sigma_a^2)$, em que \mathbf{A} é a matriz genética de relacionamentos; e $\boldsymbol{\varepsilon}$ é o vetor de efeito residual inerente a cada observação, NID $(0, \sigma^2)$. A variável-resposta considerada para a análise, no entanto, foi o resíduo obtido para cada animal por meio do ajuste do modelo de Wilmink (WILMINK, 1987) para a curva de lactação (eq. 13), de forma que:

$$P_{it} = a + b \cdot \exp(-k \cdot t) + c \cdot t + e_i \quad (13)$$

em que: P_t é a produção de leite do i -ésimo animal em t dias em lactação, t são os dias em lactação, a , b , c e k são os parâmetros do modelo, de maneira que a é a produção máxima, b descreve o início da lactação, c é inversamente relacionado à persistência de lactação e k está relacionado ao momento do pico de lactação; e e_i é o resíduo associado ao i -ésimo animal, com distribuição $N(0, \sigma_e^2)$.

Este ajuste foi realizado empregando-se o procedimento PROC NLMIXED do pacote estatístico SAS®.

Para cada característica, os coeficientes de herdabilidade (h^2) foram estimados pela razão entre a variância genética aditiva (σ_a^2) e a variância fenotípica (σ_Y^2), para cada dia da lactação (de 2 a 305 dias) (eq. 14).

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} \quad (14)$$

em que: $\sigma_Y^2 = \sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2$, sendo σ_p^2 a variância de ambiente permanente e σ_e^2 a variância residual.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise de concordância entre cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho médio

A correlação entre os resultados obtidos por cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho médio para os ácidos graxos estudados é apresentada na Tabela 5. Verifica-se que as correlações entre as medidas obtidas pelos dois métodos foram altas ($r = 0,60$ a $0,92$).

Tabela 5 – Correlação de Pearson (r), valores da média (M), desvio-padrão (DP), intervalo de credibilidade (IC) para o intercepto (α) e a inclinação (β) da equação obtidos por regressão linear bayesiana, de acordo com a priori usada

Ácido Graxo	r	Regressão linear bayesiana						
		Priori não-informativa			Priori informativa			
		M	DP	IC	M	DP	IC	
Palmítico	0,75	α	1,29	2,799	(-4,20; 6,82)	1,20	2,692	(-4,09; 6,51)
		β	1,12	0,108	(0,91; 1,33)	1,13	0,104	(0,92; 1,33)
Esteárico	0,75	α	0,66	1,055	(-1,42; 2,74)	0,65	1,049	(-1,41; 2,72)
		β	0,58	0,057	(0,47; 0,70)	0,58	0,057	(0,47; 0,70)
Oléico	0,83	α	8,90	1,138	(6,67; 11,16)	8,79	1,130	(6,57; 11,02)
		β	0,98	0,073	(0,84; 1,13)	0,99	0,073	(0,85; 1,13)
Saturado	0,86	α	-1,65	4,555	(-10,61; 7,36)	-1,37	4,132	(-9,48; 6,79)
		β	0,96	0,064	(0,84; 1,09)	0,96	0,058	(0,84; 1,07)
Insaturado	0,92	α	8,08	1,16	(5,80; 10,37)	7,97	1,152	(5,70; 10,25)
		β	0,91	0,044	(0,83; 1,00)	0,92	0,044	(0,83; 1,00)
Monoinsaturado	0,89	α	7,61	1,184	(5,29; 9,96)	7,51	1,175	(5,19; 9,83)
		β	0,98	0,054	(0,87; 1,09)	0,98	0,054	(0,88; 1,09)
Poliinsaturado	0,60	α	1,25	0,278	(0,71; 1,80)	1,25	0,278	(0,71; 1,80)
		β	0,43	0,063	(0,30; 0,55)	0,43	0,063	(0,31; 0,55)

Nas Figuras 1 e 2 pode-se visualizar também o grau de relacionamento entre os teores de ácidos graxos obtidos pelos métodos em questão. Pode-se verificar que os grupos de ácidos graxos saturados ($r = 0,86$), insaturados ($r = 0,92$) e monoinsaturados ($r = 0,89$) foram os que apresentaram a dispersão da concentração mais próxima da linha diagonal de concordância, indicando alto grau de relacionamento linear entre as metodologias em questão.

O grupo dos poliinsaturados, apesar de apresentar alta correlação ($r = 0,60$), entre os AG estudados, foi o que apresentou maior dispersão da concentração.

Deve-se ressaltar que, o coeficiente de correlação de Pearson quantifica o grau de associação linear entre os dois métodos utilizados na obtenção da concentração dos ácidos graxos e não a concordância entre eles. Segundo Bland e Altman (1986), há concordância perfeita somente se os pontos se encontrarem na linha de igualdade (“linha zero” – visualização gráfica obtida na metodologia de Bland-Altman) e correlação perfeita é encontrada se os pontos estiverem em qualquer linha reta. Desta forma, uma alta correlação não indica, necessariamente, que as medidas obtidas por cromatografia e espectrometria sejam similares.

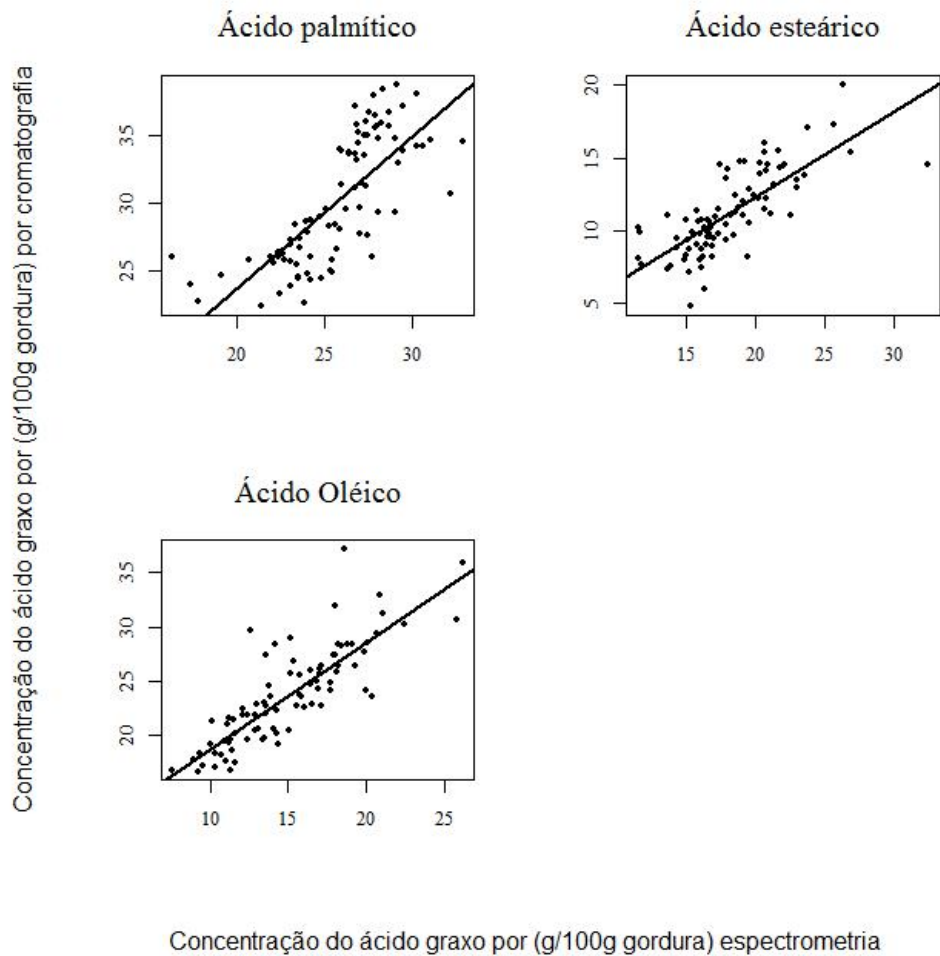


Figure 1 - Dispersão da concentração dos ácidos graxos (g/100 g de gordura), determinada por cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho (linha preta representa a reta diagonal de concordância)

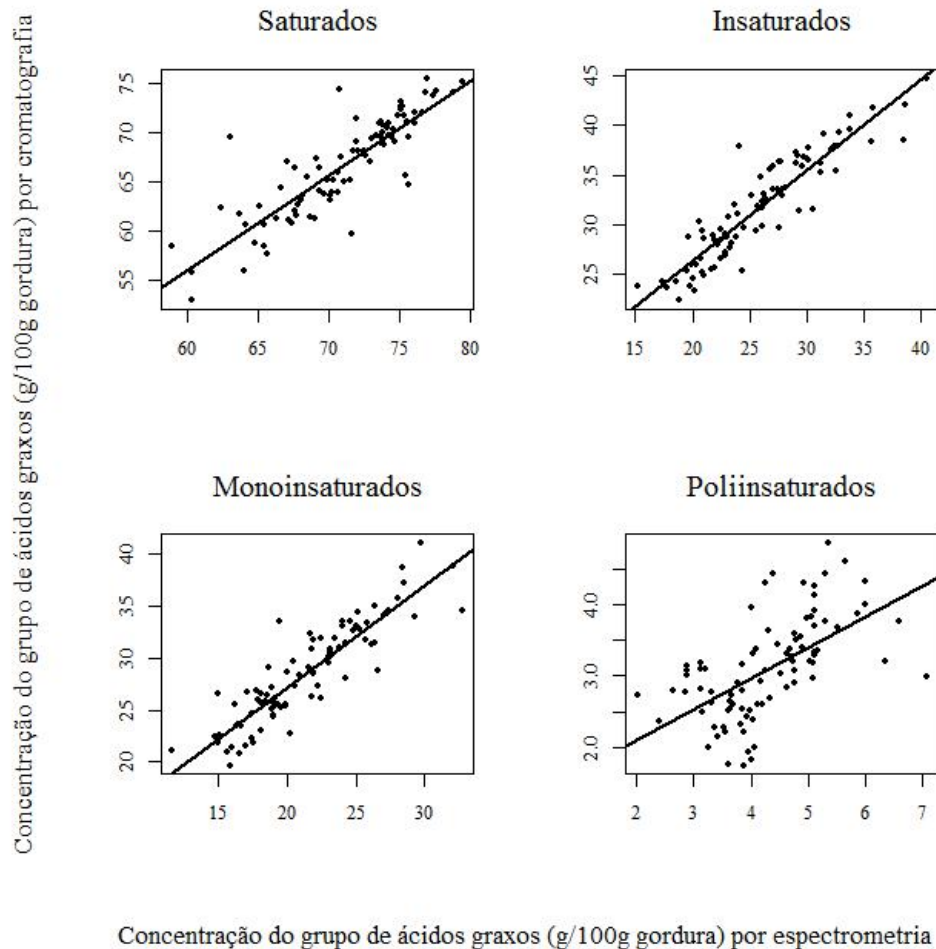


Figura 2 - Dispersão da concentração dos ácidos graxos (g/100 g de gordura), determinada por cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho (linha preta representa a reta diagonal de concordância)

Na análise de regressão linear simples bayesiana, independente da priori empregada, por meio dos valores estimados para o intercepto (α) e para a inclinação (β), pode-se verificar que não houve similaridade entre os métodos de determinação do conteúdo de ácidos graxos no leite (Tabela 5).

Somente foi constatado a abrangência dos valores zero e 1 pelos intervalos de credibilidade referentes ao intercepto e à inclinação dos ácidos palmítico e do grupo saturado. Entretanto, deve-se considerar que, apesar de incluir o valor zero, o intervalo de credibilidade para o intercepto, referente ao grupo de ácidos graxos saturados foi amplo, indicando baixa precisão do resultado e consequentemente, impossibilitando conclusões definitivas acerca do mesmo.

Também, por meio da análise de regressão linear simples bayesiana, verificou-se que para os ácidos graxos oleico, insaturados e monoinsaturados, as mensurações fornecidas por cromatografia gasosa são maiores que as

determinadas por espectrometria. Enquanto que para o ácido esteárico, saturado e poliinsaturado, estas são menores para cromatografia (Tabela 2 e Tabela 5).

Por meio das Figuras 3 e 4 obtidas na análise de Bland-Altman, observa-se, no entanto, que há boa concordância entre as estimativas fornecidas pelos métodos de cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho médio, havendo discrepância entre 3 a 5 amostras dos ácidos graxos estudados, o que corresponde a aproximadamente 3,5 a 5,8% do total de amostras, índices próximos ao tolerado (5%).

Entretanto, deve-se dizer que os teores de ácidos graxos obtidos pelos dois métodos não são iguais, uma vez que os valores encontrados para o viés na metodologia de Bland-Altman não são próximos de zero (uma das condições necessárias para se assumir similaridade entre os métodos) (Figuras 3 e 4, Tabela 6).

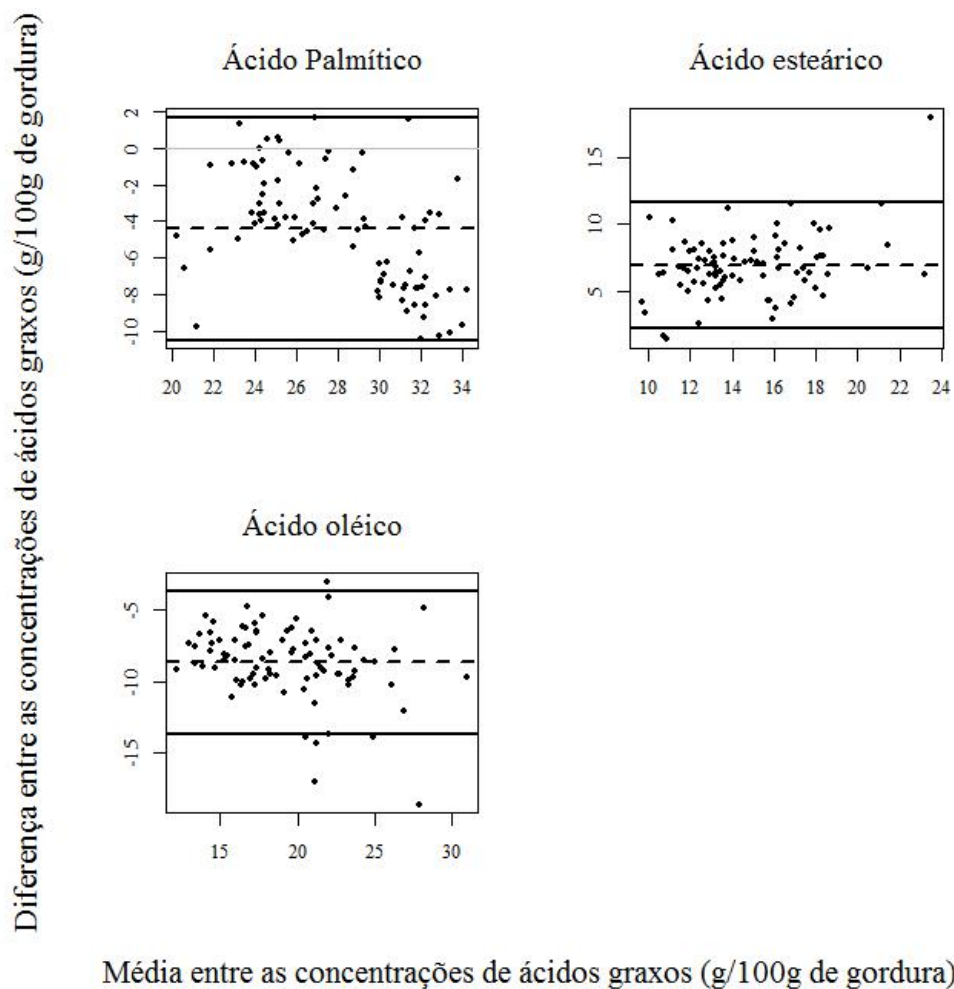


Figura 3 – Dispersão para a diferença e média entre os valores obtidos por cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho médio (as linhas pretas representam os limites superior e inferior de concordância; a linha pontilhada representa o valor médio do viés)

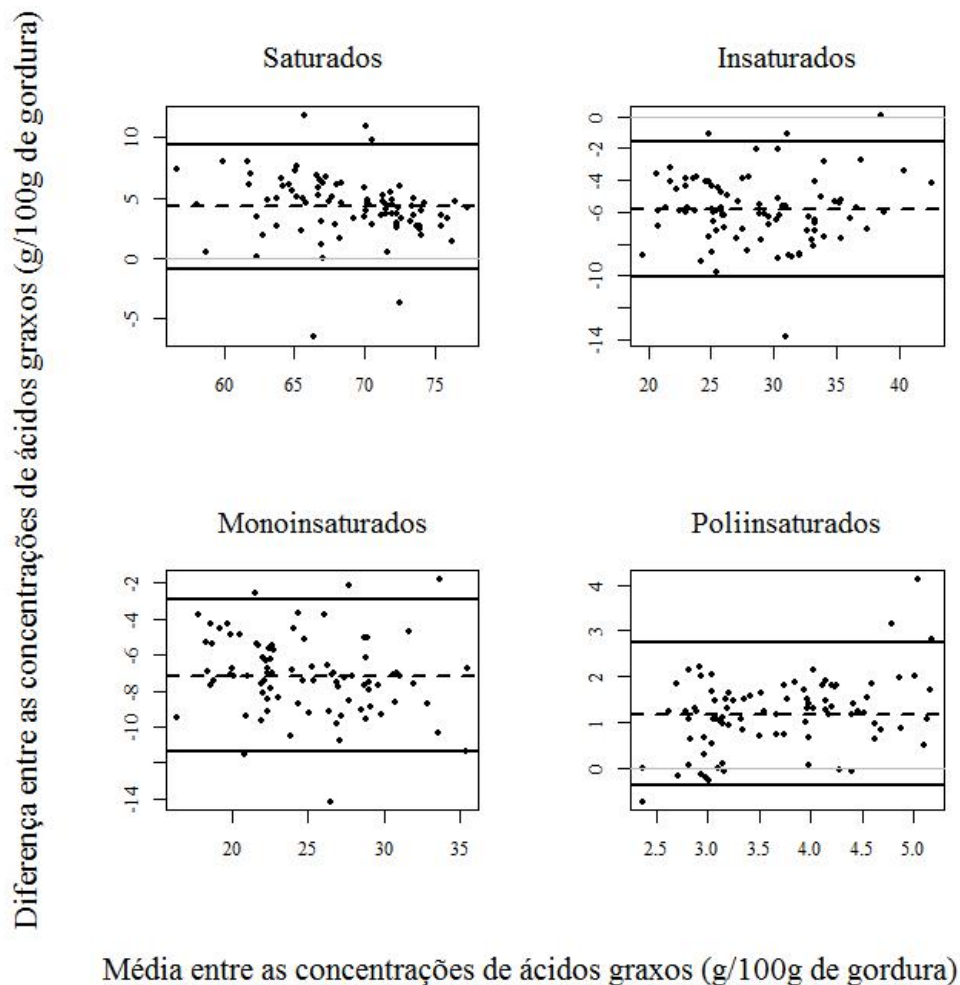


Figure 4 - Dispersão para a diferença e média entre os valores obtidos por cromatografia gasosa e espectrometria em infravermelho médio (as linhas pretas representam os limites superior e inferior de concordância; a linha pontilhada representa o valor médio do viés)

Um ponto importante que pode ser observado refere-se aos limites de concordância obtidos nesta metodologia. No presente estudo, pode-se verificar que as diferenças dadas pelos limites são consideradas aceitáveis (Tabela 6). Em outras palavras, esta análise de concordância permite, contudo, verificar que, apesar dos valores não serem iguais, que a variabilidade das diferenças entre os métodos é constante ao longo da amplitude de mensuração.

Tabela 6 – Desvio-padrão (DP), Erro-padrão (EP), Limite de concordância Intervalo de confiança do vies médio (g/100g de gordura) da análise de Bland-Altman

Ácido Graxo	Viés-Médio	DP	EP	Limite Concordância	Intervalo Confiança
Palmítico	-4.42	3.123	0.334	-10.54, 1.69	-5.09, -3.75
Esteárico	6.91	2.380	0.256	2.20, 11.62	6.40, 7.42
Oléico	-8.65	2.511	0.270	-13.63, -3.68	-9.19, -8.12
Saturado	4.29	2.606	0.279	-0.87, 9.45	3.73, 4.84
Insaturado	-5.83	2.134	0.230	-10.05, -1.60	-6.28, -5.37
Monoinsaturado	-7.14	2.136	0.230	-11.38, -2.91	-7.60, -6.69
Poliinsaturado	1.19	0.784	0.084	-0.35, 2.74	1.02, 1.36

Sendo assim, dentre as metodologias estatísticas empregadas, a análise de concordância de Bland-Altman mostrou-se mais informativa aos dados e objetivos deste estudo, visto que permitiu adequada visualização da dispersão e magnitude das diferenças.

4.2 Equações de Predição

Em alguns trabalhos têm sido demonstrando que existe alta correlação genética entre ácidos graxos que apresentam uma origem comum (BOBE et al., 1999; SOYEURT et al., 2007). Assim, por exemplo, àqueles que são sintetizados *de novo* na glândula mamária geralmente são correlacionados; o mesmo ocorrendo entre os AG que são extraídos à partir do sangue.

Baseado nestas relações envolvendo os ácidos graxos verifica-se a possibilidade de se estabelecer uma associação entre as concentrações dos mesmos, via regressão linear, visando-se à predição. Constituindo-se uma relação causal entre os ácidos graxos mensurados apenas por cromatografia gasosa e os grupos estimados também por espectrometria em infravermelho médio, torna-se rápida e fácil a obtenção da concentração dos primeiros, expandindo-se o número de fenótipos referentes ao perfil de ácidos graxos e conseqüentemente, o estudo destas características.

Neste trabalho, as equações de predição foram obtidas por regressão linear bayesiana sob quatro abordagens, combinando distribuições *a priori* informativa e não informativa a regressões simples e múltipla para dois ácidos graxos de interesse, o mirístico (C14:0) e o linoléico conjugado (CLA). Em todas as análises, o critério de Geweke (1992) e os testes de Heidelberger e Welch (1983), Gelman e

Rubin (1992) e Raftery e Lewis (1992; 1996) indicaram convergência da média dos parâmetros das cadeias bem como acurácia dos quartis, respectivamente.

A adequação das equações de predição foi avaliada pelo critério de informação da *deviance* (DIC, SPIEGELHALTER et al., 2002) e pelo erro quadrático médio (EQM). O DIC é um critério de escolha de modelo baseado na distribuição *a posteriori* da *deviance* (desvio), a qual é a diferença dos logaritmos da verossimilhança entre os modelos ajustado e completo. O DIC é composto de dois componentes, um termo que mensura a qualidade do ajuste (a esperança *a posteriori* da *deviance*) e um termo que penaliza pelo incremento na complexidade do modelo (número efetivo de parâmetros do modelo). Menores valores de DIC indicam melhor adequação do modelo (BERG; MEYER; YU, 2004; SPIEGELHALTER et al., 2002; ZHU; CARLIN, 2000). Para ambos os ácidos graxos, menores valores de DIC e erro quadrático médio (EQM) foram estimados a partir da regressão linear múltipla com *priori* não informativa (Tabela 7), sendo a diferença entre os modelos principalmente verificada nas análises envolvendo o ácido mirístico. Desta forma, é possível inferir que a inclusão de um parâmetro nos modelos estudados foi justificada pela melhor explicação da variação observada na variável dependente considerada.

O uso de *prioris* não informativas pode ser admitido como uma estratégia frente à inabilidade em se estabelecer uma *priori* subjetivamente (KASS; WASSERMAN, 1996). Neste estudo, vista a insuficiência de conhecimento prévio acerca dos parâmetros para a elicitación de *prioris*, ambas as *prioris* estudadas não foram definidas de maneira subjetiva, sendo a *priori* denominada como informativa determinada a partir de uma regra formal apresentada em Bolstad (2007). Assim sendo, era esperada a melhor adequação dos modelos envolvendo as *prioris* não informativas, dado que estas atribuem igual probabilidade aos possíveis valores dos parâmetros e permitem maior peso da informação advinda dos dados na distribuição *a posteriori*. Neste caso, portanto, a *priori* tem mínima influência sobre a inferência. O ajuste destes modelos é verificado nas análises de regressão simples (Figuras 5 e 6) e múltipla (Figuras 7, 8, 9 e 10) para ambos os ácidos graxos.

Tabela 7 - Média, desvio-padrão (DP) e intervalo de credibilidade para os parâmetros* nas regressões simples e múltipla com prioris não-informativas e informativas, critério de informação da deviance (DIC) e erro quadrático médio (EQM) para os modelos estudados

Ácido Graxo		Média	DP	Intervalo Credibilidade	DIC	EQM
<i>Regressão linear simples com priori não-informativa</i>						
Mirístico	α	-16,27	2,139	(-20,48; -12,04)	286,80	1,48
	β_1	0,38	0,030	(0,32; 0,44)		
Linoléico conjugado	α	0,91	0,290	(0,34; 1,48)	158,00	0,34
	β_1	0,21	0,066	(0,08; 0,34)		
<i>Regressão linear simples com priori informativa</i>						
Mirístico	α	1,21	2,013	(-2,69; 5,22)	336,20	2,66
	β_1	0,13	0,028	(0,08; 0,19)		
Linoléico conjugado	α	1,15	0,250	(0,66; 1,64)	158,1	0,34
	β_1	0,16	0,057	(0,04; 0,27)		
<i>Regressão linear múltipla com priori não-informativa</i>						
Mirístico	α	-11,46	2,207	(-15,81; -7,11)	266,60	1,18
	β_1	0,22	0,045	(0,13; 0,31)		
	β_2	0,26	0,062	(0,13; 0,38)		
Linoléico conjugado	α	0,91	0,311	(0,31; 1,53)	155,3	0,34
	β_1	0,27	0,094	(0,09; 0,45)		
	β_2	-0,02	0,024	(-0,07; 0,03)		
<i>Regressão linear múltipla com priori informativa</i>						
Mirístico	A	2,10	1,885	(-1,54; 5,85)	298,0	1,74
	β_1	-0,03	0,042	(-0,11; 0,05)		
	β_2	0,41	0,071	(0,28; 0,55)		
Linoléico conjugado	A	1,17	0,262	(0,66; 1,69)	155,3	0,34
	β_1	0,23	0,089	(0,05; 0,40)		
	β_2	-0,02	0,023	(-0,07; 0,02)		

*Parâmetros: α = intercepto; β_1 =coeficiente angular do grupo de ácidos graxos saturados nas análises cuja variável dependente é o ácido mirístico e o grupo de ácidos graxos poli-insaturados na análise envolvendo o ácido linoleico conjugado; β_2 = coeficiente angular das variáveis representadas pelos ácidos graxos palmítico e oleico, nas análises em que os ácidos mirístico e linoleico conjugado foram as variáveis dependentes, respectivamente.

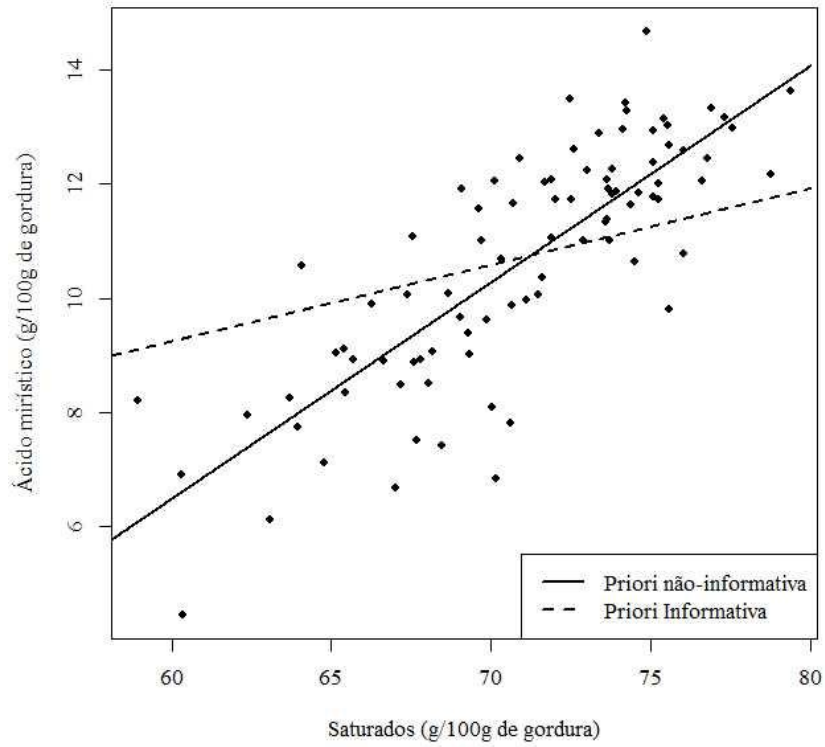


Figura 5 - Valores observados (pontos) e preditos (linhas) para o ácido mirístico (g/100g de gordura) em função da concentração dos ácidos graxos saturados (g/100g de gordura) nas análises envolvendo *prioris* informativa e não informativa

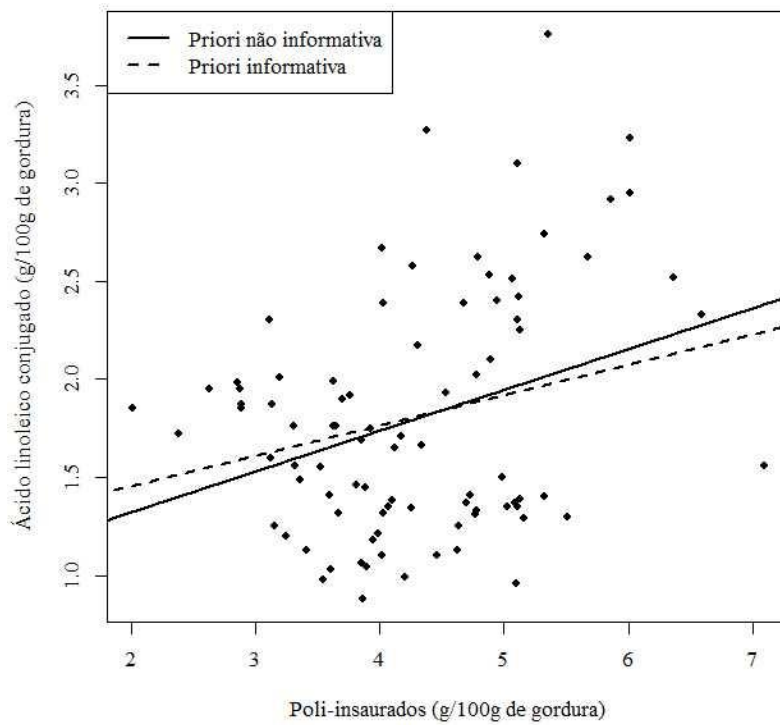


Figura 6 - Valores observados (pontos) e preditos (linhas) para o ácido linoléico conjugado (g/100g de gordura) em função da concentração dos ácidos graxos poliinsaturados (g/100g de gordura) nas análises envolvendo *prioris* informativa e não informativa

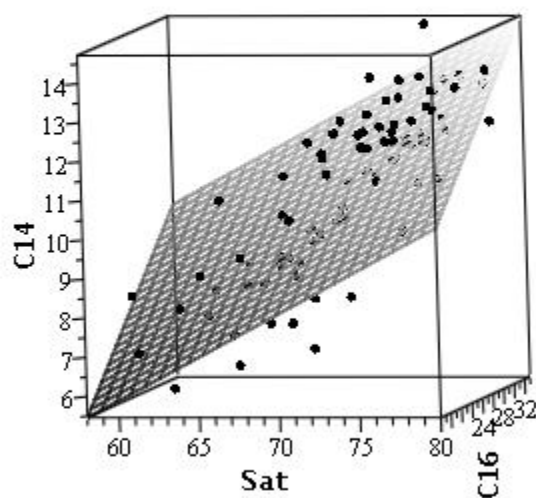


Figura 7 - Valores observados (pontos) e preditos (plano) para o ácido mirístico (g/100g de gordura) obtidos por regressão múltipla com *priori* não informativa

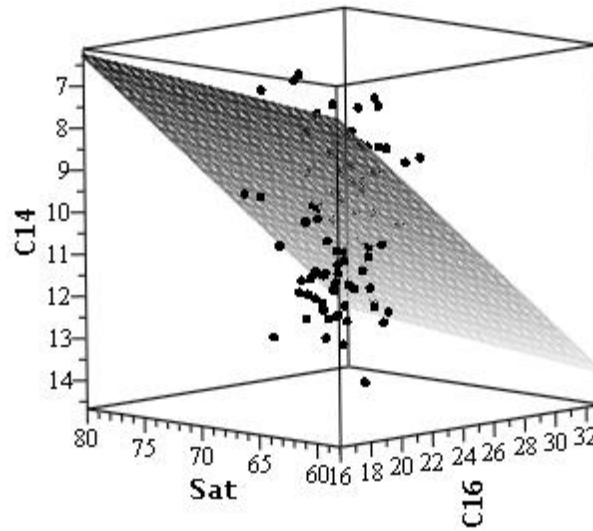


Figura 8 - Valores observados (pontos) e preditos (plano) para o ácido mirístico (g/100g de gordura) obtidos por regressão múltipla com priori informativa

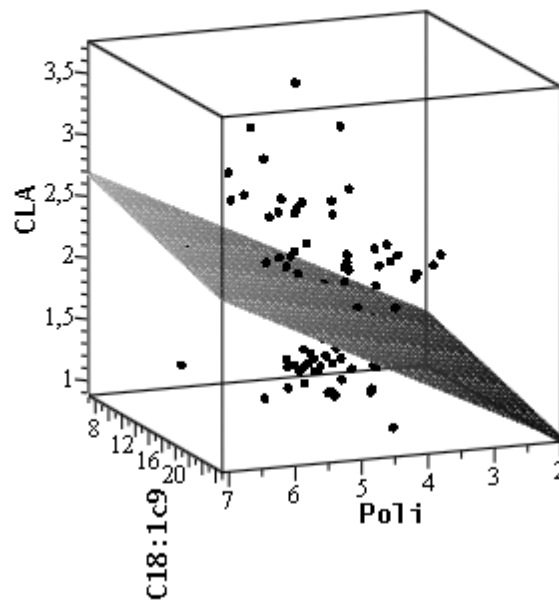


Figura 9 - Valores observados (pontos) e preditos (plano) para o ácido linoleico conjugado (g/100g de gordura) obtidos por regressão múltipla com priori não informativa

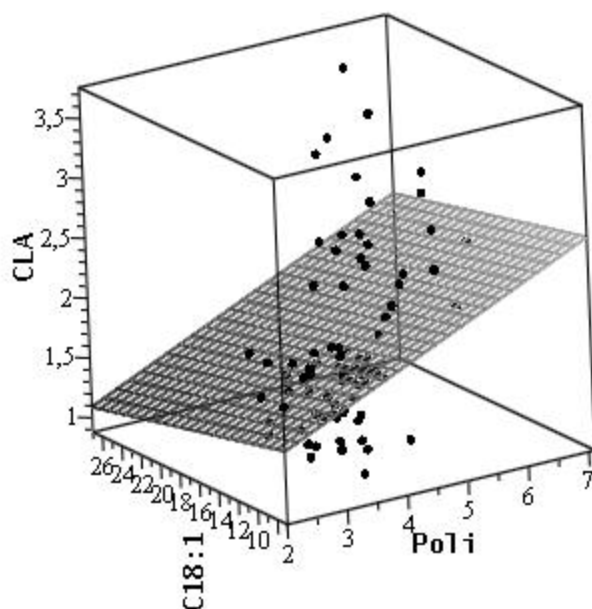


Figura 10 - Valores observados (pontos) e preditos (plano) para o ácido linoleico conjugado (g/100g de gordura) obtidos por regressão múltipla com priori informativa

Os erros de predição (diferença entre os valores observados e preditos) nas análises de regressão simples variaram de 0,03 a 4,84g/100g de gordura para o ácido mirístico e de 0,002 a 1,79g/100g de gordura para o ácido linoléico conjugado, valores que representam 0,28 a 32,98% e 0,12 a 99,65% da média das variáveis dependentes C14 e CLA, respectivamente. Nas regressões lineares múltiplas, esses valores foram de 0,01 a 3,89g/100g de gordura para o ácido mirístico (0,09 a 36,30% da média) e de 0,01 a 1,85g/100g de gordura para o ácido linoléico conjugado (0,56 a 103,08% da média), com os maiores erros preditos nas análises envolvendo *prioris* informativas (Figuras 11 e 12).

O baixo desempenho das equações na predição do ácido linoléico conjugado, evidenciado pelos altos erros de predição e similaridade de resultados nas quatro análises realizadas, deve-se, possivelmente, ao elevado coeficiente de variação desta variável entre as amostras bem como das variáveis independentes, ácidos graxos poliinsaturados e ácido oléico, com valores de 34,33%, 22,57% e 43,32%, respectivamente, dificultando-se o estabelecimento de uma relação linear entre estas variáveis.

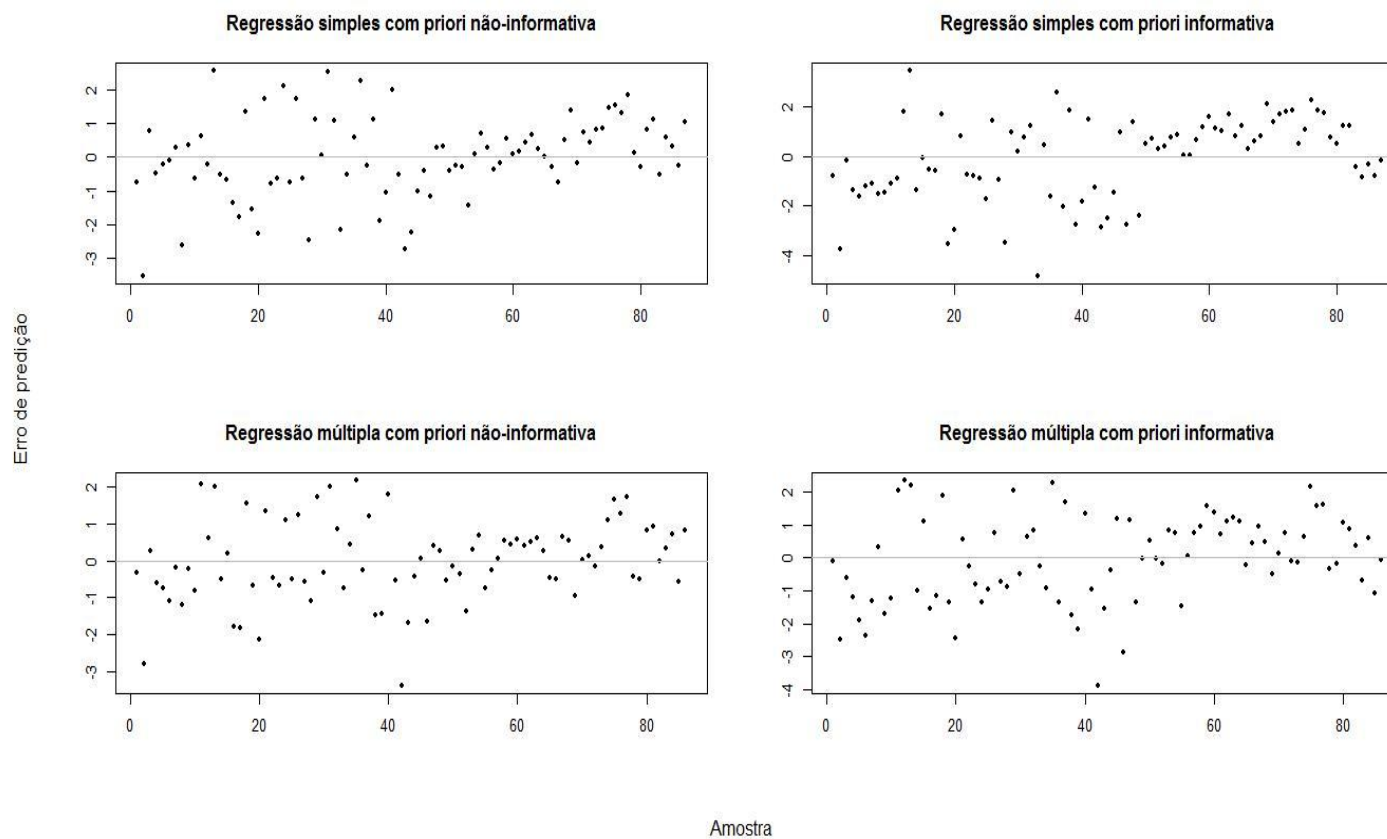


Figura 11 - Dispersão dos erros preditos nos modelos estudados para o ácido mirístico (g/100g de gordura)

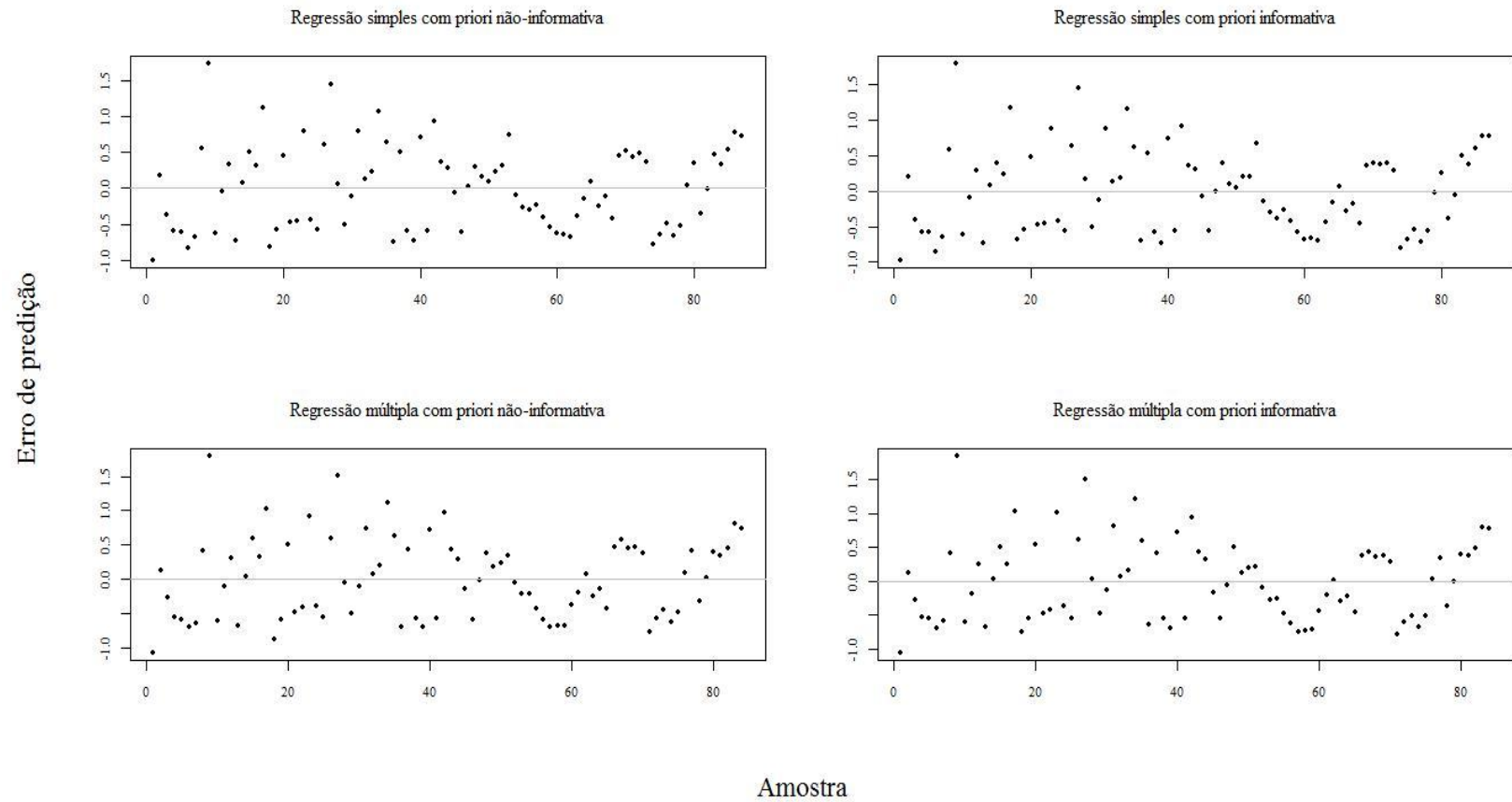


Figura 12 - Dispersão dos erros preditos nos modelos estudados para o ácido linoléico conjugado (g/100g de gordura)

Diferencialmente do ácido mirístico, não foi verificada normalidade de resíduos pelo teste de Shapiro-Wilk nas quatro análises realizadas para o CLA. Assim sendo, melhor ajuste nestas equações provavelmente será obtido por meio do emprego um maior número de amostras, dada a instabilidade destas variáveis; a transformação dos dados, de forma a se atender à pressuposição de normalidade dos erros; a modelagem desta variável por metodologias adequadas a distribuição da mesma, ou ainda a seleção de outras variáveis independentes associadas ao ácido linoléico conjugado que expliquem apropriadamente a variação nas mensurações deste ácido graxo.

Equações para a predição da concentração de ácidos graxos no leite foram também desenvolvidas por Soyeurt et al. (2006) por meio de regressão parcial dos mínimos quadrados. Entretanto, em trabalho de Chen e Martin (2009) no desenvolvimento de equações de calibração para espectroscopia, foram observadas melhores predições para modelos Bayesianos comparativamente à metodologia de regressão parcial dos mínimos quadrados, principalmente devidas a menores valores da raiz do erro quadrático médio de predição utilizando-se menores conjuntos de variáveis preditoras.

Deve-se considerar, contudo, que trabalhos envolvendo a predição da concentração de ácidos graxos no leite e, adicionalmente, empregando regressão Bayesiana visando a esta predição ainda são raros. Desta forma, o objetivo deste estudo foi efetuar um diagnóstico inicial de tais características bem como de suas distribuições e associações, de maneira a se obter ferramentas que possibilitem a ampliação de fenótipos para o perfil de ácidos graxos no leite e conseqüentemente, de estudos que possibilitem a melhoria da qualidade nutricional deste produto e de seus derivados.

Assim, a partir destes resultados, constatou-se que o desenvolvimento de equações que predigam o teor de ácidos graxos de interesse no leite é viável. Contudo, ainda são necessários estudos adicionais que envolvam seleção de variáveis independentes, seleção de distribuições *a priori* e ainda metodologias possivelmente mais adequadas à natureza destas características.

4.3 Parâmetros genéticos

As estatísticas descritivas dos dados referentes as características produtivas e de qualidade do leite utilizados para estimativa dos parâmetros genéticos são apresentadas na Tabela 8. O teor de gordura observado foi 3,35 g/100g de leite, valor este próximo ao relatado por Mele et al. (2009) (3,90), também em animais da raça holandesa. Entretanto, Stoop et al. (2008), Moiola et al. (2007) e Soyeurt et al. (2006) verificaram maiores quantidades de gordura (4,36; 3,97 e 4,30, respectivamente). Para conteúdo de proteína, obteve-se menor média (2,99) quando comparada aos valores 3,51; 3,45 e 3,61 obtidos por Stoop et al. (2008); Mele et al. (2009) e Moiola et al. (2007), respectivamente.

Dentre os ácidos graxos estudados, verificou-se a predominância de ácidos graxos saturados (SAT) na composição da gordura do leite, com menores teores observados de ácidos graxos monoinsaturados (MONO) e poliinsaturados (POLI, Tabela 8).

Baixos teores de POLI no leite ocorrem devido à biohidrogenação de cerca de 90% destes à ácido vacênico (*trans*-11 C18:1) e este, posteriormente, à ácido esteárico (C18:0) por bactérias ruminais (HARTFOOT; HAZLEWOOD, 1997; KEMP; LANDER, 1984; WELCH et al., 1997). De fato, o leite bovino se caracteriza pela predominância de ácidos graxos SAT (70%), apresentando 25% de MONO e 5% de POLI (GRUMMER, 1991), estando ainda de acordo ao apresentado em estudos de Soyeurt et al. (2007) e Bastin et al. (2011).

As médias obtidas para os teores (g/100g de leite) dos ácidos graxos C16:0, C18:1c9, C18:0 e C14:0 foram 0,79; 0,69, 0,63 e 0,31, respectivamente (Tabela 8), sendo similares aos valores relatados por Bastin et al. (2012). Estes valores confirmam as maiores proporções destes ácidos graxos na gordura do leite bovino, as quais geralmente variam de 20 a 32% de C16:0, de 15 a 30% de C18:1c9, de 8 a 15% de C14:0 e de 7 a 15% de C18:0 (GRUMMER, 1991).

Tabela 8 – Número de observações (N), média, desvio-padrão (DP) e valores mínimo e máximo obtidos para produção de leite (PROD - kg), teor de proteína (PROT - g/100g de leite), escore de células somáticas (ECS), gordura (GOR - g/100g de leite), ácidos graxos saturados (SAT - g/100g de leite), insaturados (INSAT - g/100g de leite), monoinsaturados (MONO - g/100g de leite), poliinsaturados (POLI - g/100g de leite), palmítico (C16:0 - g/100g de leite), mirístico (C14:0 - g/100g de leite), esteárico (C18:0 - g/100g de leite), oleico (C18:1c9 - g/100g de leite), linoleico conjugado (CLA - g/100g de leite), idade da vaca (IDA - anos) e dias em lactação (DEL)

Característica	Nº observações	Média	DP	Mínimo	Máximo
PROD	2822	32,91	9,564	3,30	68,10
PROT	6426	2,99	0,234	2,45	3,69
ECS	6108	2,04	0,443	1,60	3,72
GOR	6378	3,35	0,570	2,06	4,92
SAT	6426	2,14	0,369	1,33	3,09
INSAT	6430	1,08	0,240	0,50	1,78
MONO	6441	0,91	0,208	0,40	1,52
POLI	6517	0,17	0,038	0,08	0,28
C16:0	6505	0,79	0,154	0,46	1,22
C14:0	5884	0,31	0,060	0,17	0,45
C18:0	6570	0,63	0,136	0,31	1,05
C18:1c9	6590	0,69	0,181	0,28	1,22
CLA	5734	0,06	0,010	0,04	0,09
IDA	7088	3,94	1,694	2,00	11,74
DEL	7088	146,77	80,483	0	305

Os teores de gordura (g/100g de leite), C16:0 e C18:0 foram maiores no início da lactação (Tabela 3). Isto provavelmente se deve à relação existente entre a gordura do leite e o balanço energético das vacas. Dado que na fase inicial da lactação geralmente os animais encontram-se em balanço energético negativo, existe maior mobilização das reservas de gordura corporal para o leite (STOOP et al., 2009) e, conseqüentemente, dos ácidos graxos presentes em maior proporção na mesma, como o C16:0 e o C18:0 (PALMQUIST et al., 1993).

Para o CLA obteve-se média de 0,061 g/100g de leite, resultado próximo ao relatado por Kaylegian et al. (2009) (0,034) para o isômero CLA_{18:1c10}. O CLA é sintetizado predominantemente na glândula mamária e seu precursor é o ácido vacênico (C18:1 trans-11) proveniente da atividade microbiana ruminal sobre os ácidos graxos linoleico (C18:2), linolênico (C18:3 ω-3) e C18:1 (SIEBER et al., 2004). A variação do conteúdo de CLA na gordura do leite esta relacionada à biohidrogenação ruminal e à atividade da enzima esteroil-CoA dessaturase 1 (SCD1), a qual participa da síntese de grande parte do CLA na glândula mamária (KGWATALALA et al., 2009).

4.3.1 Critérios de ajuste dos modelos

As comparações entre os modelos foram feitas pelo Critério de Informação de Akaike (AIC), Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC), logaritmo da função de verossimilhança (-2log(L)) e pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) a 5% de probabilidade (Tabela 9). Menores valores para -2log(L), AIC e BIC indicam melhor ajuste do modelo (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003; MENÉNDEZ-BUXADERA et al., 2010).

Tabela 9 – Número de parâmetros, função de máxima verossimilhança restrita (-2log L), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação de Akaike corrigido (AICC), critério de informação Bayesiano (BIC), graus de liberdade (GL) para os diferentes modelos empregados no ajuste das características de gordura, proteína e escore de células somáticas (ECS).

Modelo	Nº parâmetros	-2log(L)	AIC	BIC	GL	LRT
Gordura						
Leg1	9	-1728.28	-1710.28	-1649.58	-	-
Leg2	15	-1730.76	-1700.76	-1599.58	6	2.48ns
Leg3	23	-1727.59	-1681.59	-1526.46	8	-3.17ns
Leg4	33	-1485.82	-1419.82	-1197.24	10	-241.77*
Leg5	45	-1726.55	-1636.55	-1333.03	12	240.73*
Leg6	59	-1721.57	-1603.57	-1205.65	14	-4.98ns
Proteína						
Leg1	9	-15920.04	-15902.04	-15841.27	-	-
Leg2	15	-15949.28	-15919.28	-15817.99	6	29.24*
Leg3	23	-15953.85	-15907.85	-15752.54	8	4.57ns
Leg4	33	-15968.66	-15902.66	-15679.82	10	14.81ns
Leg5	45	-15984.39	-15894.39	-15590.52	12	15.73ns
Leg6	59	-15999.35	-15881.35	-15482.94	14	14.96ns
ECS						
Leg1	9	-5958.13	-5940.13	-5879.82	-	-
Leg2	15	-6025.94	-5995.94	-5895.44	6	67.81*
Leg3	23	-6045.66	-5999.66	-5845.55	8	19.72*
Leg4	33	-6046.48	-5980.48	-5759.36	10	0.82ns
Leg5	45	-6044.25	-5954.25	-5652.73	12	-2.23ns
Leg6	59	nc	nc	nc	14	

*Valores de LRT significativos a 5% de probabilidade (teste de Qui-quadrado). Valores em negrito correspondem à ordem do modelo que melhor se ajustou.

ns: valores de LRT não significativos a 5% de probabilidade (teste de Qui-quadrado)

GL: graus de liberdade

nc: não convergiu

De forma geral, modelos associados a polinômios de Legendre de menor grau apresentaram melhor ajuste às características de gordura, proteína e escore de

células somáticas. Similarmente, Ødegård et al. (2003) e Lopez-Romero e Carabaño (2003) relataram melhores ajustes para características ligadas a produção de leite a partir de modelos baseados em polinômios de Legendre de menores ordens. Strabel e Misztal (1999), analisando as produções de leite, gordura e proteína em controles leiteiros de primeira e segunda lactações, empregaram funções polinomiais de Legendre com ordem de ajuste até segundo grau. Entretanto, estudos com estas características geralmente têm selecionado polinômios ortogonais de Legendre de 4ª, 5ª e 6ª ordens pelos testes de comparação de modelos (ZAMPAR et al., 2012; BIASSUS et al., 2010; LIU et al., 2006). Segundo El Faro e Albuquerque (2003) e Liu et al. (2006) os métodos empregados para a escolha do melhor modelo podem levar a resultados conflitantes, sendo necessário estudos mais aprofundados sobre os diferentes critérios utilizados na comparação de modelos.

Dentre os polinômios de Legendre avaliados neste estudo para o conteúdo de gordura do leite, apresentaram-se adequados às análises desta característica os modelos baseados no polinômio de primeira ordem, de acordo com os critérios AIC e BIC, e de segunda ordem, pelo critério $-2\log(L)$. Apesar do menor valor de $-2\log(L)$ para Leg2, não houve diferença entre este modelo e Leg1 (2,48; $P > 0,05$) pelo LRT, indicando que tais modelos não diferem. Dado o menor número de parâmetros associados a Leg1, recomenda-se este para o ajuste dos dados referentes à gordura. Similarmente, menores valores de $-2\log(L)$, AIC e BIC foram observados, respectivamente, para os modelos Leg6, Leg2 e Leg1 em análise dos dados de proteína, não havendo, no entanto, equivalência entre Leg2 e Leg1 pelo LRT neste caso (29,24; $P < 0,05$). Baseado nestes critérios e no número de parâmetros inferiu-se que os polinômios de primeira e segunda ordens obtiveram melhor ajuste nesta característica (Tabela 9).

Para ECS, o aumento no número de parâmetros promoveu uma redução no $-2\log(L)$ até o polinômio de ordem quatro, sugerindo este como melhor modelo para a característica. Contudo, apesar do aumento verificado em $-2\log(L)$ para Leg5 comparativamente ao modelo Leg4, não houve diferença entre estes pelo LRT (-2,23; $P > 0,05$). Comportamento semelhante foi observado assumindo-se o critério AIC, com menor valor associado ao Leg3 sem, no entanto, haver diferença entre este e Leg4 (0,82; $P > 0,05$ pelo LRT). Por meio do critério BIC, que penaliza o modelo em relação ao número de parâmetros, determinou-se melhor ajuste ao ECS pelo modelo Leg2 (Tabela 9). Resultado similar foi obtido por Ødegård et al. (2003),

os quais mencionam o modelo de segunda ordem para variância genética e de terceira ordem para efeito de ambiente permanente. Não houve convergência para o modelo Leg6.

Menores ordens de polinômio de Legendre também apresentaram melhores ajustes para os ácidos graxos (Tabela 10) bem como para os grupos formados pelos mesmos (Tabela 11). Esses resultados estão de acordo com os trabalhos de Bastin et al. (2011) e Bastin et al. (2012), os quais utilizaram modelos de regressão aleatória com segunda ordem de Legendre em dados de características produtivas e conteúdo de ácidos graxos do leite bovino. De acordo com Pool e Meuwissen, (1999), quando são utilizadas somente lactações completas na estimação de parâmetros genéticos e variâncias heterogêneas durante os dias em lactação, isso possibilita que modelos com polinômios de menor ordem sejam implementados sem comprometer a qualidade de ajuste. Entretanto, estes autores afirmam que o tempo das análises computacionais pode aumentar.

O ácido graxo C16:0 foi melhor ajustado pelo polinômio de 1ª ordem (Leg1) de acordo com os critérios de AIC e BIC, e pelo polinômio Leg3 segundo $-2\log(L)$ o qual, por sua vez, apresentou equivalência ao Leg2 pelo LRT (2,77; $P > 0,05$) (Tabela 10). Para o C14:0, houve concordância entre os três critérios utilizados, isto é, o $-2\log(L)$, AIC e BIC apontaram que o melhor desempenho foi obtido ajustando-se os dados com o modelo Leg2 (Tabela 10).

A tendência seguida pelos critérios utilizados na escolha dos modelos foi similar para os ácidos graxos C18:0 e C18:1c9. O aumento no número de parâmetros dos modelos promoveu diminuição no $-2\log(L)$ até o terceiro grau, aumentando da 3ª para a 4ª ordem do polinômio e diminuindo novamente na 5ª ordem (Tabela 10). Por sua vez, menores valores de AIC e BIC foram observados para Leg2 e Leg1, respectivamente; cujos modelos diferiram pelo LRT ($P > 0,05$). Para CLA, o melhor ajuste foi obtido com o 1º grau na escala de Legendre (Tabela 10). Todos os critérios de ajuste para estes AG sugerem que o modelo Leg1 foi o que obteve melhor desempenho.

Tabela 10 – Número de parâmetros, função de máxima verossimilhança restrita (-2log L), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação de Akaike corrigido (AICC), critério de informação Bayesiano (BIC), graus de liberdade (GL) para os diferentes modelos empregados no ajuste das características referentes aos ácidos graxos do leite

Modelo	Nº parâmetros	-2log(L)	AIC	BIC	GL	LRT
C16:0						
Leg1	9	-18323.93	-18305.93	-18245.04	-	-
Leg2	15	-18328.42	-18298.42	-18196.94	6	4.49ns
Leg3	23	-18331.19	-18285.19	-18129.58	8	2.77ns
Leg4	33	-18276.76	-18210.76	-17987.51	10	-54.43*
Leg5	45	-18326.94	-18236.94	-17932.51	12	50.18*
Leg6	59	-18300.69	-18182.69	-17783.53	14	-26.25*
C14:0						
Leg1	9	nc	nc	Nc	-	-
Leg2	15	-27355.81	-27325.81	-27225.85	6	-
Leg3	23	-27316.68	-27270.68	-27117.41	8	-39.13*
Leg4	33	-27185.91	-27119.91	-26900.02	10	-130.77*
Leg5	45	-27354.60	-27264.60	-26964.74	12	168.69*
Leg6	59	nc	nc	Nc	14	-
C18:0						
Leg1	9	-21212.65	-21194.65	-21133.68	-	-
Leg2	15	-21229.69	-21199.69	-21098.08	6	17.04*
Leg3	23	-21236.03	-21190.03	-21034.23	8	6.34ns
Leg4	33	-21204.90	-21138.90	-20915.35	10	-31.13*
Leg5	45	-21236.09	-21146.09	-20841.25	12	31.19*
Leg6	59	nc	nc	Nc	14	-
C18:1c9						
Leg1	9	-17380.31	-17362.31	-17301.31	-	-
Leg2	15	-17395.12	-17365.12	-17263.47	6	14.81*
Leg3	23	-17391.82	-17345.82	-17189.95	8	-3.30ns
Leg4	33	-17378.67	-17312.67	-17089.02	10	-13.15ns
Leg5	45	-17399.80	-17309.80	-17004.83	12	21.13*
Leg6	59	nc	nc	Nc	14	-
CLA						
Leg1	9	-43443.20	-43425.20	-43365.46	-	-
Leg2	15	-40511.65	-40481.65	-40382.08	6	-2931.55*
Leg3	23	-38928.98	-38882.98	-38730.32	8	-1582.67*
Leg4	33	-38952.08	-38886.08	-38667.03	10	23.10*
Leg5	45	-35989.82	-35899.82	-35601.13	12	-2962.26*
Leg6	59	nc	nc	Nc	14	-

C16:0 (ácido palmítico); C14:0 (ácido mirístico); C18:0 (ácido esteárico); C18:1c9 (ácido oleico); CLA (ácido linoleico conjugado)

*Valores de LRT significativos a 5% de probabilidade (teste de Qui-quadrado). Valores em negrito correspondem à ordem do modelo que melhor se ajustou.

ns: valores de LRT não significativos a 5% de probabilidade (teste de Qui-quadrado)

GL: graus de liberdade

nc: não convergiu

Para POLI, obteve-se melhor ajuste com o 1º grau na escala de Legendre de acordo com todos os critérios de ajuste empregados. Por sua vez, para MONO, pelo critério $-2\log(L)$, o Leg4 foi indicado enquanto que o Leg2 seria mais adequado de acordo com AIC. Porém, o menor valor para BIC foi obtido com o modelo Leg1, sugerindo que o polinômio de primeiro grau é suficiente para o ajuste deste ácido graxo (Tabela 11).

Tabela 11 – Número de parâmetros, função de máxima verossimilhança restrita ($-2\log L$), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação de Akaike corrigido (AICC), critério de informação Bayesiano (BIC), graus de liberdade (GL) para os diferentes modelos empregados no ajuste das características referentes aos grupos de ácidos graxos do leite

Modelo	Nº parâmetros	$-2\log(L)$	AIC	BIC	GL	LRT
MONO						
Leg1	9	-14912.05	-14894.05	-14833.26	-	-
Leg2	15	-14927.44	-14897.44	-14796.12	6	15.39*
Leg3	23	-14912.74	-14866.74	-14711.39	8	-14.70ns
Leg4	33	-14929.68	-14863.68	-14640.78	10	16.94ns
Leg5	45	-14916.12	-14826.12	-14522.17	12	-1356.00*
Leg6	59	-14906.00	-14788.00	-14389.49	14	-10.12ns
POLI						
Leg1	9	-36899.31	-36881.31	-36820.30	-	-
Leg2	15	-36699.58	-36669.58	-36567.90	6	-199.73*
Leg3	23	-36383.53	-36337.53	-36181.63	8	-316.05*
Leg4	33	-35357.10	-35291.10	-35067.82	10	-1026.43*
Leg5	45	-34975.27	-34885.27	-34580.24	12	381.83*
Leg6	59	-33934.39	-33816.39	-33416.46	14	-1040.88*
SAT						
Leg1	9	-7268.18	-7250.18	-7189.40	-	-
Leg2	15	-7281.86	-7251.86	-7150.57	6	13.68*
Leg3	23	-7289.16	-7243.16	-7087.85	8	7.30ns
Leg4	33	-7290.18	-7224.18	-7001.35	10	1.02ns
Leg5	45	-7294.78	-7204.78	-6900.92	12	4.60ns
Leg6	59	-7298.05	-7180.05	-6781.66	14	3.27ns
INSAT						
Leg1	9	-13091.20	-13073.20	-13012.42	-	-
Leg2	15	-13098.47	-13068.47	-12967.18	6	7.27ns
Leg3	23	-13100.56	-13054.56	-12899.25	8	2.09ns
Leg4	33	-13099.92	-13033.92	-12811.08	10	-0.64ns
Leg5	45	-13108.30	-13018.30	-12714.43	12	8.38ns
Leg6	59	-13106.43	-12988.43	-12590.02	14	-1.87ns

MONO (monoinsaturado); POLI (poliinsaturado); SAT (saturado); INSAT (insaturado)

*Valores de LRT significativos a 5% de probabilidade (teste de Qui-quadrado). Valores em negrito correspondem à ordem do modelo que melhor se ajustou.

ns: valores de LRT não significativos a 5% de probabilidade (teste de Qui-quadrado)

GL: graus de liberdade

nc: não convergiu

Comparando-se os modelos para os ácidos graxos SAT, constatou-se diminuição gradativa no $-2\log(L)$, sendo observado o menor valor para Leg6. Entretanto, a partir do modelo Leg2 as mudanças no $-2\log(L)$ não foram significativas ($P > 0,05$) (Tabela 11), indicando que o modelo de segunda ordem pode ser suficiente para o bom ajuste dos dados. Igualmente ao verificado para MONO, o AIC e BIC indicam como melhor modelo o Leg2 e Leg1, respectivamente.

Com relação aos INSAT, houve concordância entre AIC e BIC sendo que os menores valores obtidos para esses critérios foram constatados para o modelo com menor número de parâmetros (Leg1). O modelo Leg5 foi indicado pelo critério $-2\log(L)$. Neste caso, deve-se ressaltar que as comparações entre os modelos, dois a dois, foi não significativa ($P > 0,05$) pelo LRT (Tabela 11).

Em suma, dentre os modelos estudados, os polinômios ortogonais de Legendre de 1ª e 2ª ordens foram os que melhor se adequaram aos teores de ácidos graxos do leite. Ressalta-se, no entanto, que estudos envolvendo teores de ácidos graxos no leite ainda são escassos, sendo necessárias pesquisas adicionais sobre qualidade de ajuste de modelos de regressão aleatório envolvendo estas características.

4.3.2 Variâncias

As variâncias genética aditiva (VG), de ambiente permanente (VP), fenotípica (VF) e residual (VR) estimadas nos modelos de regressão aleatória baseados em polinômios de Legendre de 1ª a 6ª ordens para teor de gordura estão representadas na Figura 13. Para o modelo de melhor ajuste, Leg1, a variância residual foi maior no início (0,294), diminuindo no meio da lactação (0,206), apresentando um discreto aumento na fase final (0,213), como relatado também em outros estudos (SWALVE, 1995; JAMROZIK et al., 1997). Os valores obtidos para VG foram de 0,026 a 0,029 (g/100g de leite)².

Observa-se que, embora a diferença entre o valor mínimo e máximo tenha sido discreta, houve uma tendência decrescente do início ao final da lactação para as estimativas da VG. Tal tendência também foi observada por Pool et al. (2000) e Madad et al. (2013). Para a VP, as estimativas variaram de 0,022 a 0,038 g/100g de leite², também diminuindo da fase inicial ao final da lactação.

Pode-se dizer que as variâncias genética aditiva e de ambiente permanente apresentaram curvas semelhantes, como constatado por Biassus et al. (2011) e Zampar (2012). Embora em pequenas proporções, nota-se que a VP foi maior que a VG até, aproximadamente, os 119 dias da lactação, período após o qual a VG passou a ter valores maiores. Comportamento similar foi verificado por Olori et al. (1999), em que mudanças nesses valores ocorreram a partir dos 196 dias da lactação.

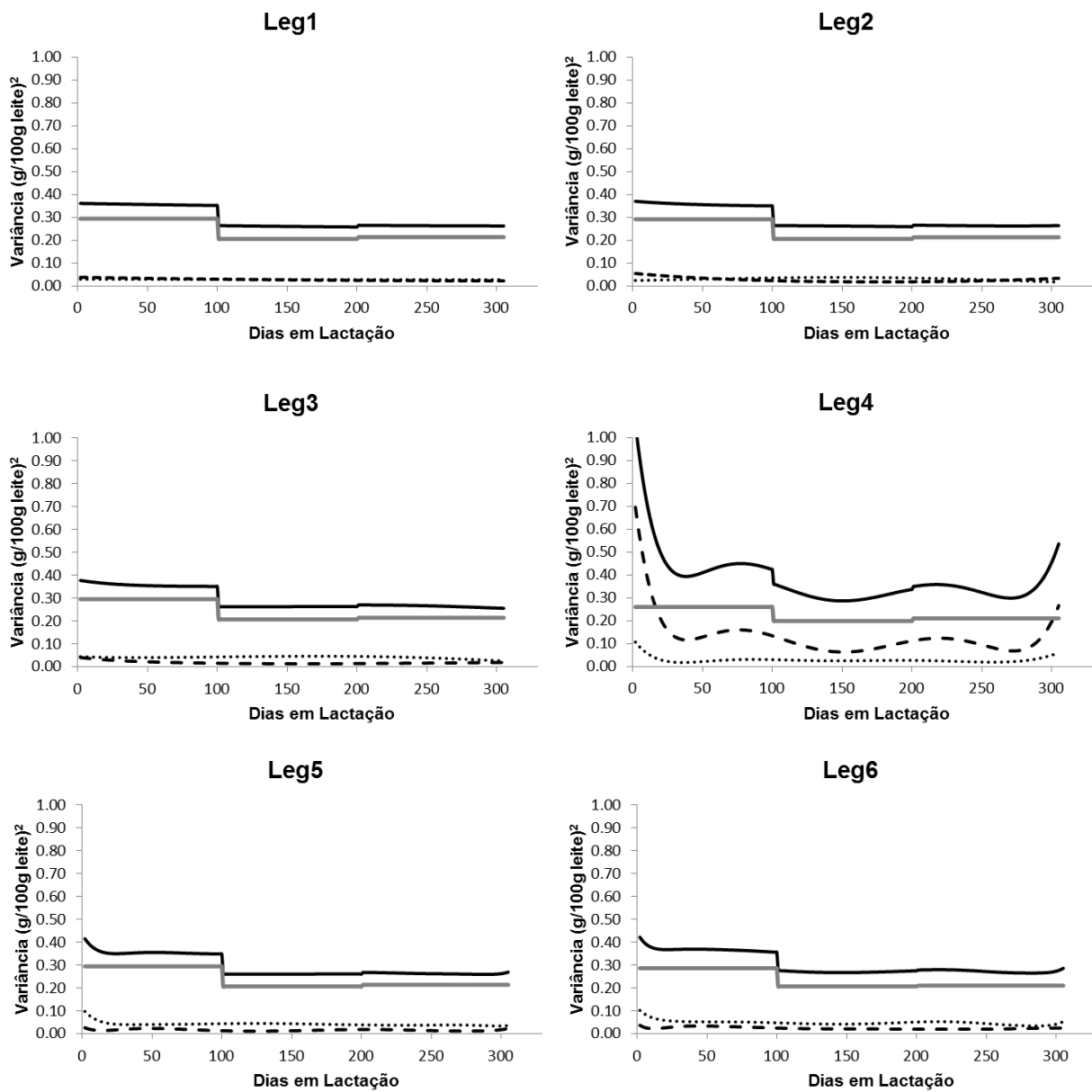


Figura 13 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (---), fenotípica (—) e residual (——) para teor de gordura do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

Por sua vez, a variância fenotípica para teor de gordura foi maior no início da lactação (0,361 g/100g de leite²), ocorrendo decréscimo aproximadamente aos 100 dias, tendo um pequeno aumento perto dos 200 dias e permanecendo sem maiores alterações até o final da lactação (0,258 g/100g de leite²). Para esta variância percebe-se que essas mudanças nestes pontos do gráfico é consequência do ajuste da variância residual em diferentes intervalos para os dias em lactação. Estas estimativas mais elevadas no início da lactação podem ser devidas aos níveis mais elevados de gordura encontrados nesta fase (Tabela 2).

Para proteína, em relação ao modelo de melhor ajuste (Leg1), as estimativas mínimas e máximas encontradas para VG foram 0,012 (aos 85 dias) a 0,018 g/100g de leite² (aos 305 dias), respectivamente (Figura 14). No caso da VP desta característica, os valores variaram de 0,006 (aos 110 dias) a 0,018 g/100g de leite² (aos 305 dias).

Esse comportamento também foi observado em Khabat et al. (2013), no qual foram estimados componentes de (co)variância para animais holandeses utilizando modelos de regressão aleatória. O padrão da curva para VP foi semelhante ao encontrado por Aspilcueta-Borquis et al., (2012). No presente estudo, o componente genético aditivo foi maior que o de ambiente permanente praticamente durante todo o transcorrer da lactação. Isso sugere que o efeito de ambiente permanente apresenta baixa influência sobre a produção de proteína durante os 305 dias quando comparado ao fator genético (KHABAT et al., 2013).

A variância fenotípica foi menor aos 102 dias (0,034) e maior aos 305 dias (0,060), havendo alterações em dois pontos relacionados ao ajuste dos intervalos dos dias em lactação. Neste caso, o decréscimo ocorrido próximo aos 100 dias foi menos acentuado e o aumento ao redor dos 200 dias foi mais abrupto (Figura 14). Estas estimativas mais elevadas da variância fenotípica no final da lactação provavelmente são resultantes de níveis mais elevados de proteína encontrados nesta fase (Tabela 2). Observa-se também que a VR (0,018; 0,016; 0,026) foi relativamente menor que a VF (Figura 14), indicando que houve um bom ajuste do modelo (CACCAMO et al., 2008).

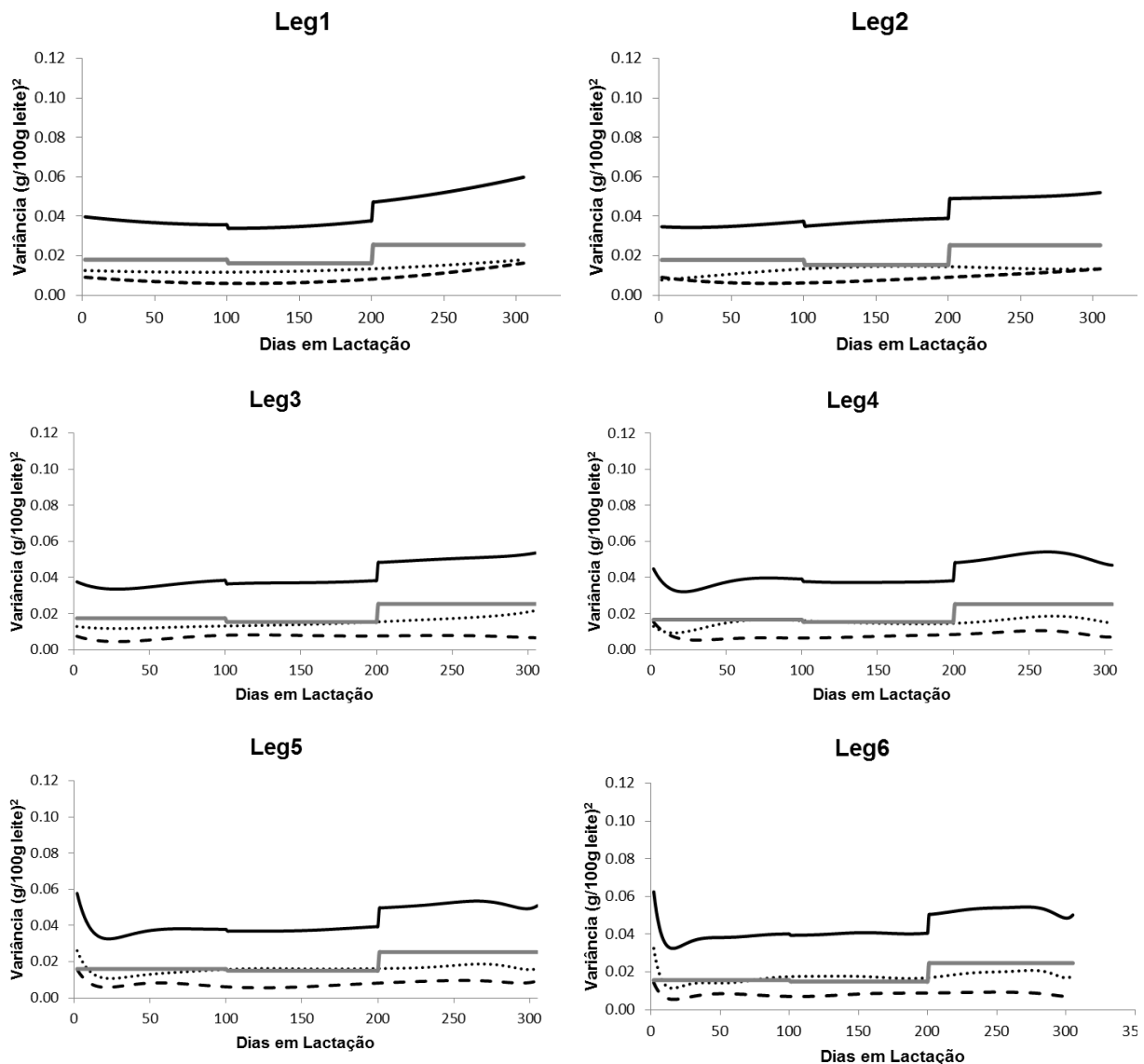


Figura 14 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (---), fenotípica (—) e residual (-.-) para teor de proteína do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

Tanto para VG quanto para VP, esses valores decresceram do início até aproximadamente os 100 dias e, em seguida, voltaram a aumentar até o término da lactação (Figura 14).

Geralmente são relatadas estimativas de variâncias maiores para gordura e proteína ao início e final da lactação – comportamento não comprovado neste estudo. Segundo Meyer (1999) alguns problemas podem ocorrer com o ajuste de dados nos extremos da lactação utilizando regressões aleatórias. Em parte, isso pode ser explicado pelo menor número de registros disponíveis nestas fases extremas da lactação, o que não ocorreu no presente estudo, pois a quantidade de dados disponíveis está distribuída de maneira semelhante entre as classes de

lactação (Tabela 2). A partição errônea da variância total entre as demais variâncias e a influência que os valores mais afastados da média apresentam em uma análise de regressão também são fatores que podem superestimar as variâncias nos extremos da lactação (MEYER, 1999).

Os resultados das VG, VP e VF referentes a ECS para a ordem do polinômio que conferiu melhor qualidade de ajuste (Leg2) variaram de 0,004 a 0,050; 0,033 a 0,140 e 0,010 a 0,296 g/100g de leite², respectivamente. De maneira geral, a magnitude desses três componentes aumentou durante a lactação (Figura 15), apresentando maior valor aos 305 dias. Fato que difere dos resultados encontrados por alguns autores (JAMROZIK et al., 1997; BOHMANOVA et al., 2008; ZAMPAR, 2012), os quais sugerem que em seus trabalhos maiores estimativas desses componentes foram verificadas no início da lactação devido a pouca informação nesta fase.

No presente trabalho, havia menor número de informações de ECS referente ao terço final da lactação dos animais (Tabela 2). Entretanto, a tendência da VG é consistente com os resultados de Haile-Mariam et al. (2001) e Martins et al. (2011), os quais também constataram aumento da VG para ECS com os dias em lactação. Igualmente ao reportado por Martins et al. (2011), o efeito de ambiente permanente foi superior ao genético aditivo durante toda a lactação. Para a variância fenotípica percebe-se que há aumentos acentuados em certos pontos da curva e, novamente, isso se deve ao ajuste da variância residual para cada intervalo de dias em lactação.

Observa-se ainda que as VP foram mais elevadas que as VG no decorrer de todo o período. Esse comportamento também foi verificado por Zampar (2012), entretanto no trabalho da autora isso ocorreu somente depois dos 50 dias de lactação. A variância residual foi crescente ao longo da lactação (0,061; 0,090 e 0,106 – Figura 15), diferindo do verificado por Martins et al. (2011) em que as estimativas foram maiores no início, diminuindo com o decorrer da lactação.

Estudos que tratam de estimativas de parâmetros genéticos dos ácidos graxos do leite são recentes (SOYEURT et al., 2007; MELE et al., 2009; BASTIN et al., 2011), sendo que tais trabalhos relatam os resultados obtidos para herdabilidades e, em geral, não expõem a trajetória das curvas encontrados para as variâncias genética aditiva, de ambiente permanente e fenotípica. Diante disto, neste trabalho são apresentadas as mudanças ocorridas nas VG, VP, VF e VR durante o transcorrer da lactação para os ácidos graxos estudados (Figuras 16 a 24).

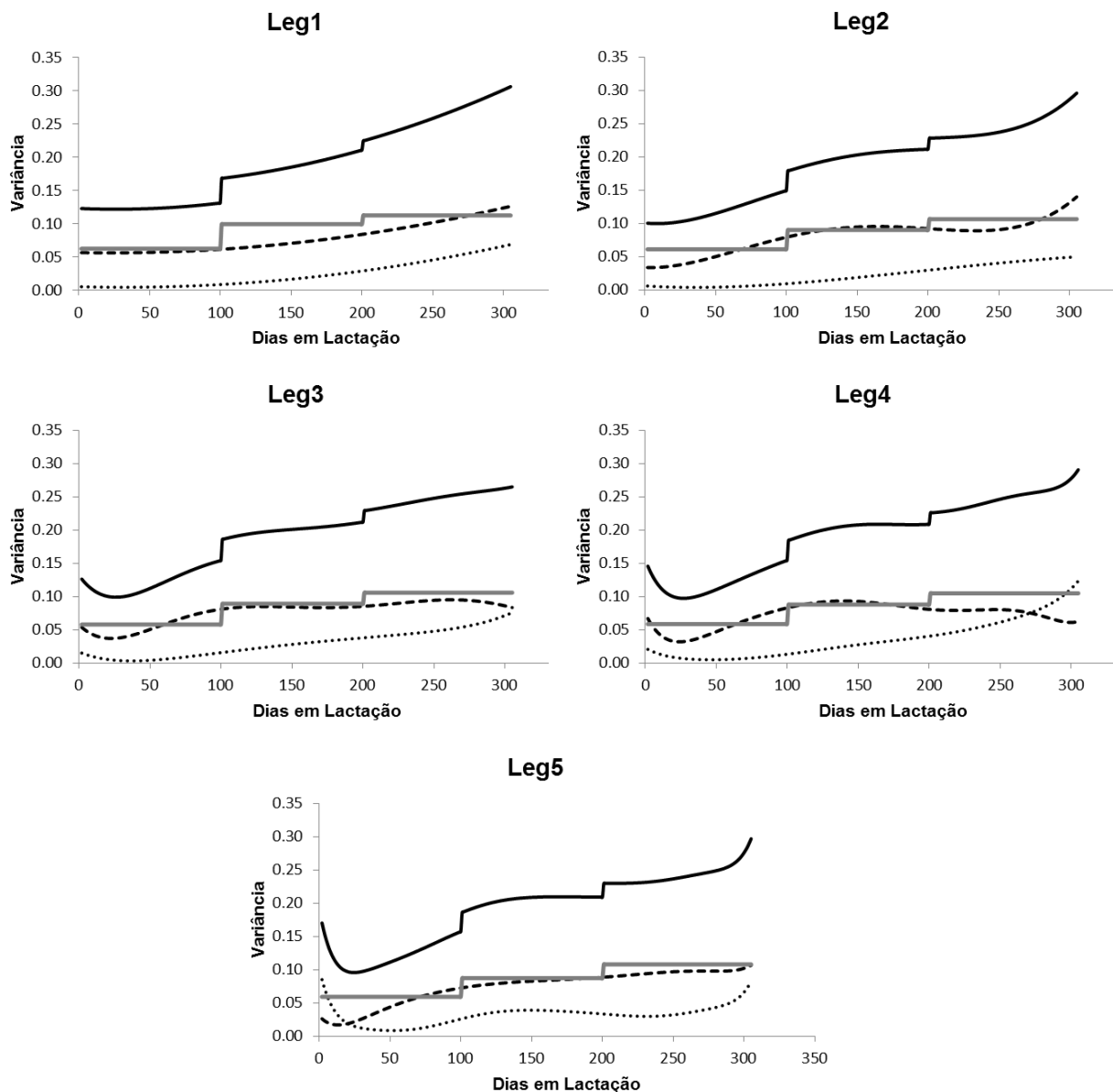


Figura 15 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (---), fenotípica (—) e residual (-.-) para escore de célula somática (ECS) do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

De acordo com o polinômio de primeira ordem (Leg1), o qual apresentou melhor convergência aos dados do ácido C16:0, os resultados obtidos para VG, VP e VF foram 0,003 a 0,007; 0,002 a 0,004 e 0,021 a 0,027 g/100g de leite², respectivamente. Ao se observar a Figura 16 nota-se que os componentes genético e de ambiente permanente apresentaram padrão semelhante até em torno dos 130 dias, depois do qual a VG passa a ter maior magnitude que a VP. Igualmente ao verificado para gordura, a menor estimativa da VF foi obtida aos 201 dias e a maior aos dois de lactação (Figura 16).

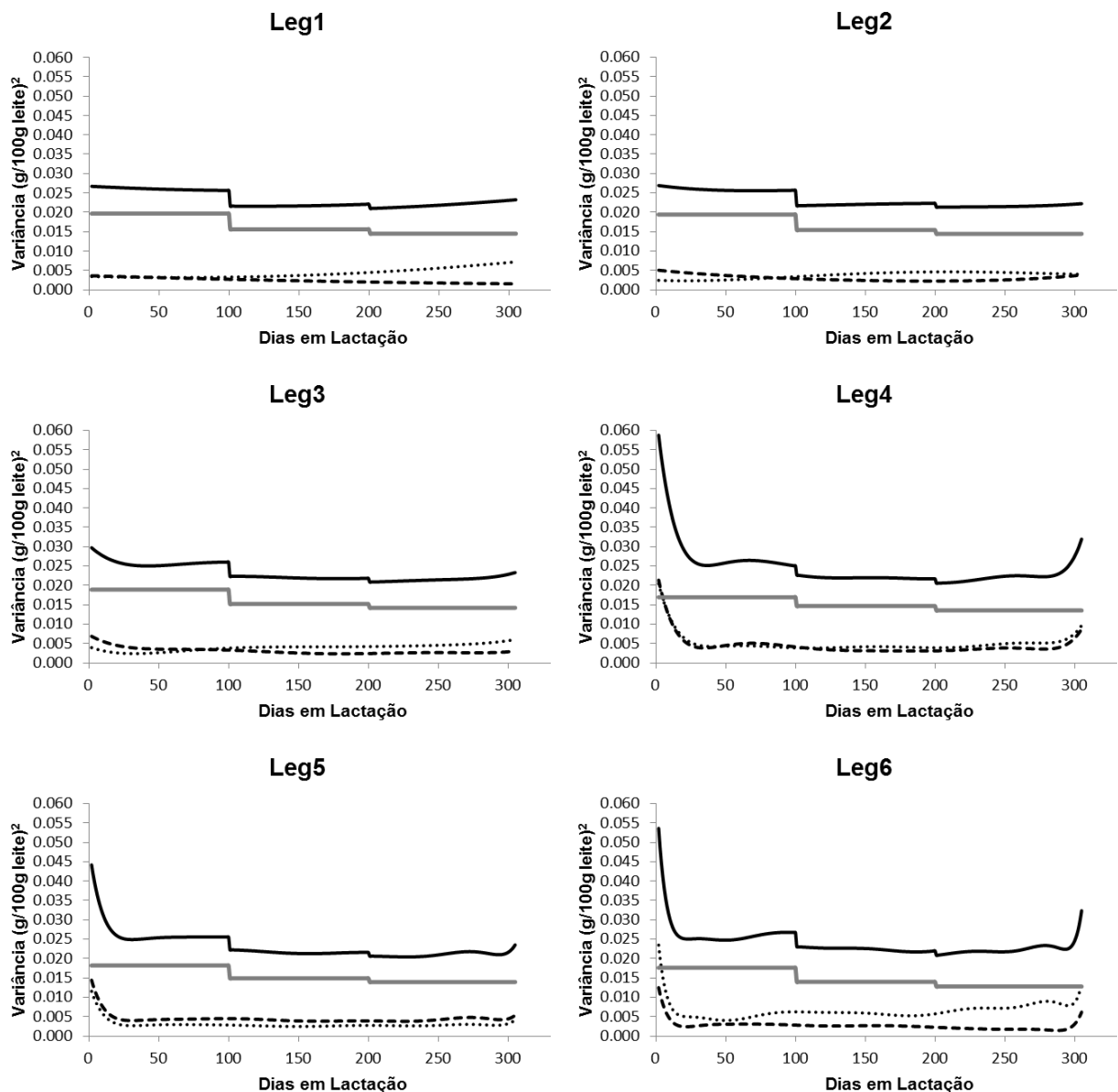


Figura 16 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (---), fenotípica (—) e residual (—) para C16:0 (ácido palmítico) do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

Esta semelhança entre a VF da gordura e do C16:0 pode ser explicada pelo fato deste ácido graxo ser um dos que são encontrados em maiores quantidades na gordura do leite (20 a 32%), como citado anteriormente (GRUMMER, 1991). A variância residual estimada foi 0,020; 0,016 e 0,014 para os intervalos de dias em lactação de 2 a 100 dias, de 101 a 200 dias e de 201 aos 305 dias, respectivamente. Ressalta-se que nos poucos trabalhos existentes sobre estimativas de parâmetros genéticos referentes ao perfil de ácidos graxos do leite, não há muitas informações

sobre as variâncias residuais ou estas são consideradas homogêneas durante todo o período da lactação (BASTIN et al., 2011; BASTIN et al., 2012).

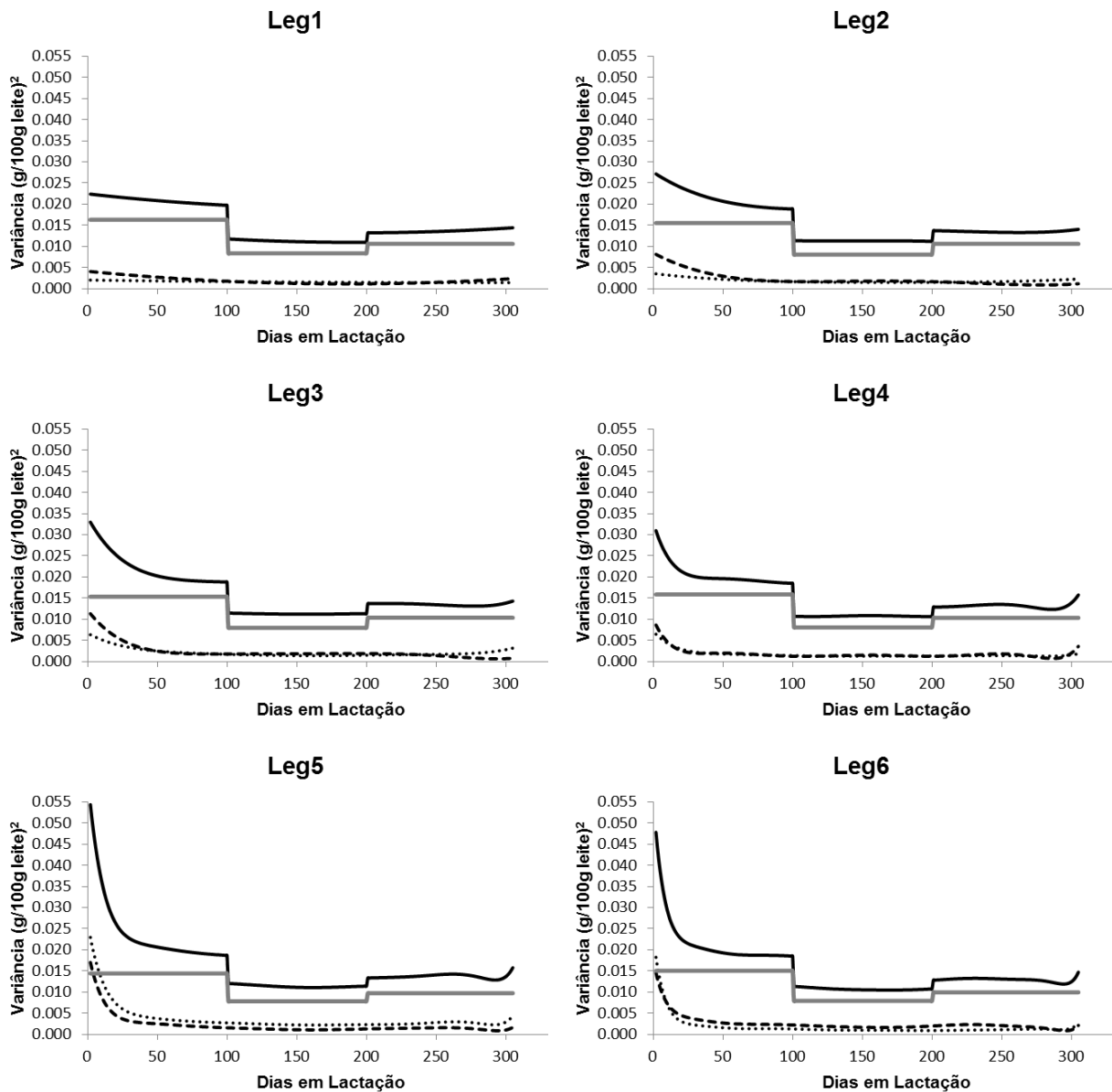


Figura 17 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (- - -), fenotípica (———) e residual (———) para C18:0 (ácido esteárico) do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

Por sua vez, para o C18:0 as quatro variâncias foram superiores no início da lactação (0,002; 0,004; 0,022 e 0,016 g/100g de leite², respectivamente para VG, VP, VF e VR), sendo que VP e VG foram similares a partir dos 100 dias de lactação (Figura 17). Esses resultados foram obtidos a partir do modelo Leg1. Para o modelo Leg1 referente ao ácido graxo C18:1c9, as variâncias também foram maiores no início da lactação (VG = 0,006; VP = 0,004, VF = 0,040 e VR = 0,029). Neste caso, por quase todo o período a variância genética teve magnitude maior que a variância

de ambiente permanente, somente apresentando valores similares depois dos 250 dias (Figura 18).

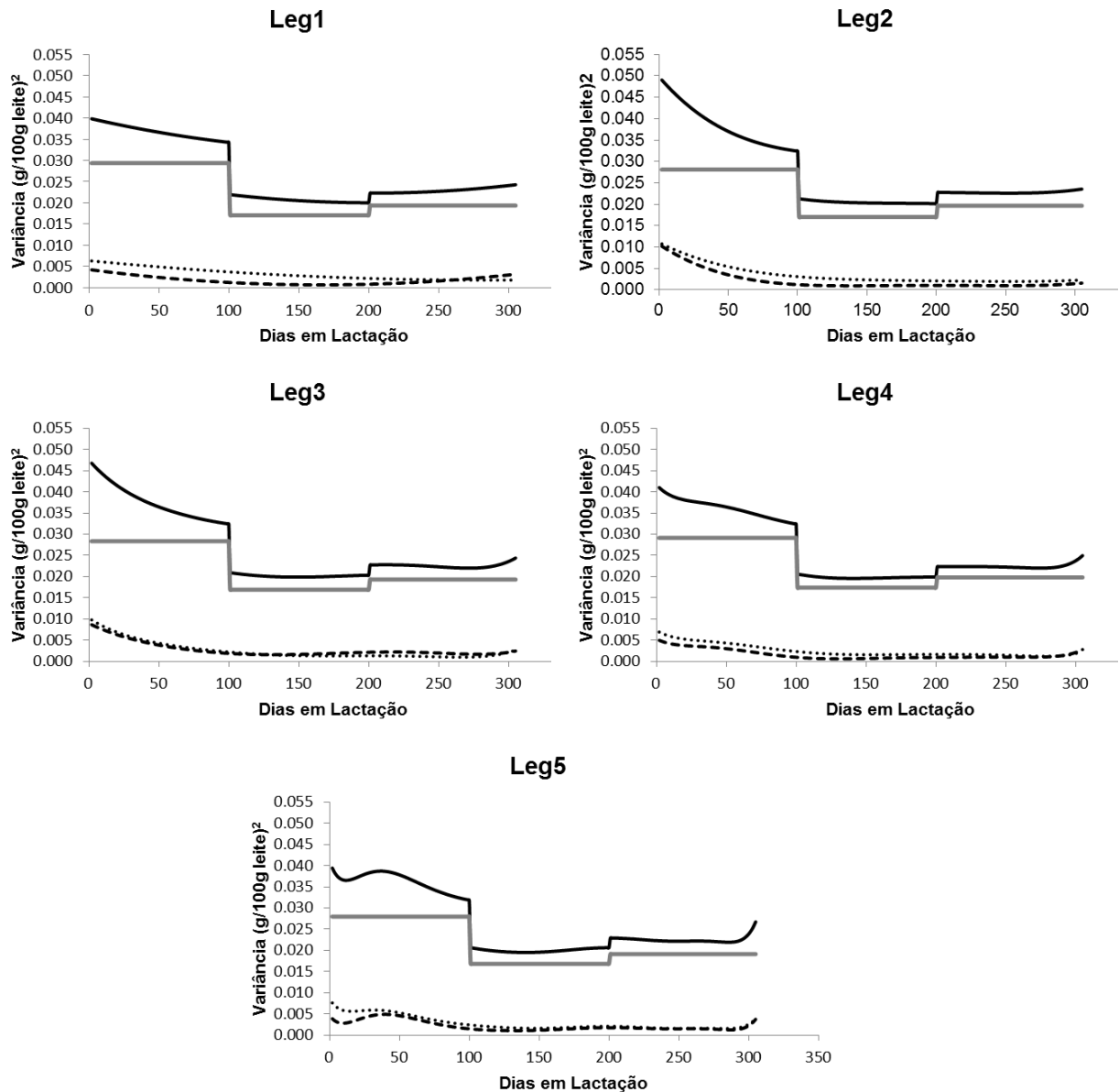


Figura 18 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (- - - -), fenotípica (———) e residual (———) para C18:1c9 (ácido oléico) do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

Assim como o C16:0, os ácidos graxos C18:0 e C18:1c9 também são predominantes na gordura presente no tecido adiposo (CHILLIARD et al., 2000). Desta forma, no início da lactação as vacas estão em balanço energético negativo havendo mobilização das reservas de gorduras corporais e incorporação destas no leite (PALMQUIST et al., 1993) o que, conseqüentemente, ocasiona aumento dos teores dos ácidos C16:0, C18:0 e C18:1c9 na fase inicial da lactação quando a

lipólise é alta. Isto pode explicar o fato da variância fenotípica destes ácidos graxos ser elevada neste período (VAN KNEGSEL et al., 2007; STOOP et al., 2009).

Na Figura 19 está representado o comportamento das variâncias para o C14:0 obtidas com a segunda ordem do polinômio (Leg2). A VR foi praticamente constante durante toda a lactação (0,003; 0,0026; 0,0021). Diferentemente do observado para os ácidos graxos citados anteriormente, as estimativas para VG (0,0023), VP (0,0009) e VF (0,0055) foram altas no final da lactação.

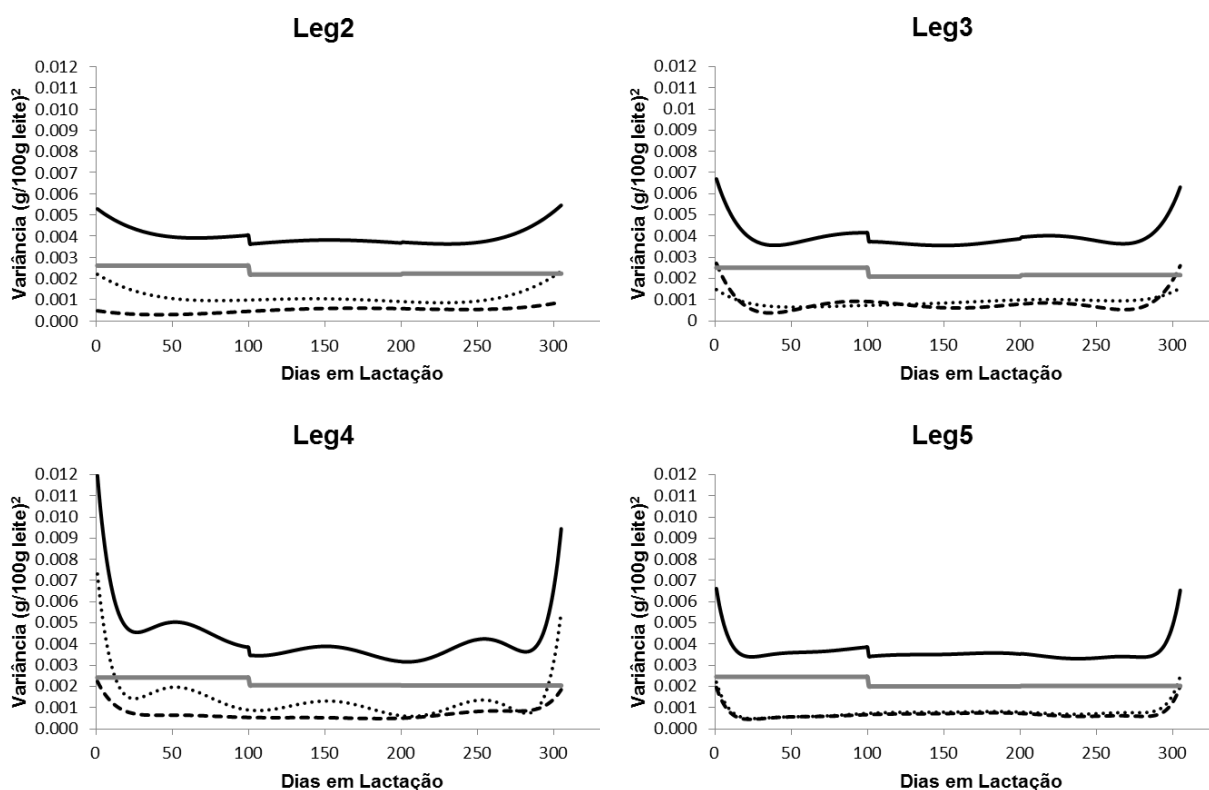


Figura 19 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (----), fenotípica (———) e residual (———) para C14:0 (ácido mirístico) do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

Com relação ao CLA (modelo Leg1), a variância genética apresentou as menores estimativas (0,00008 a 0,0003). Para os três componentes (VG, VP e VF), os maiores valores foram encontrados no final da lactação, sendo o comportamento da VP e VF foram similares durante todo o período. Os valores obtidos para VR foram inferiores aos da VG (Figura 20).

Comparando-se as variâncias genéticas obtidas para os ácidos graxos acima citados, verifica-se que as maiores estimativas foram obtidas para o C16:0, seguidas

pelos C18:1c9, C14:0 e CLA. Resultados similares foram reportados em Stoop et al. (2008).

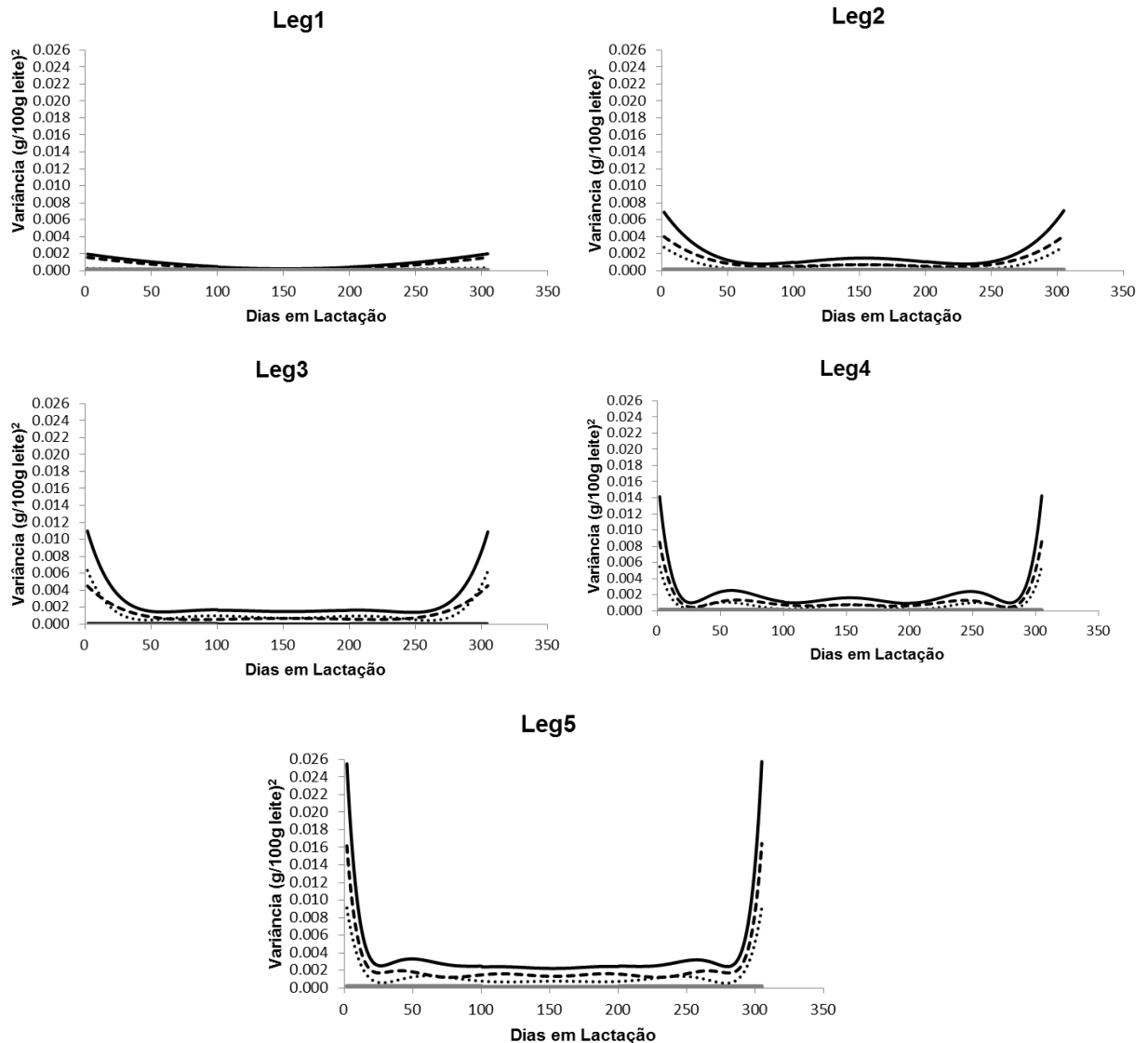


Figura 20 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (- - - -), fenotípica (———) e residual (———) para CLA (ácido linoleico conjugado) do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

As mudanças nas variâncias genéticas, de ambiente permanente, fenotípicas e residual para o grupo de ácidos graxos saturados são representadas na Figura 21. A VG foi maior que a VP ao longo de toda a lactação, como constatado por Soyeurt et al. (2008), apesar da magnitude das variâncias no presente estudo terem sido menores às registradas por esses autores.

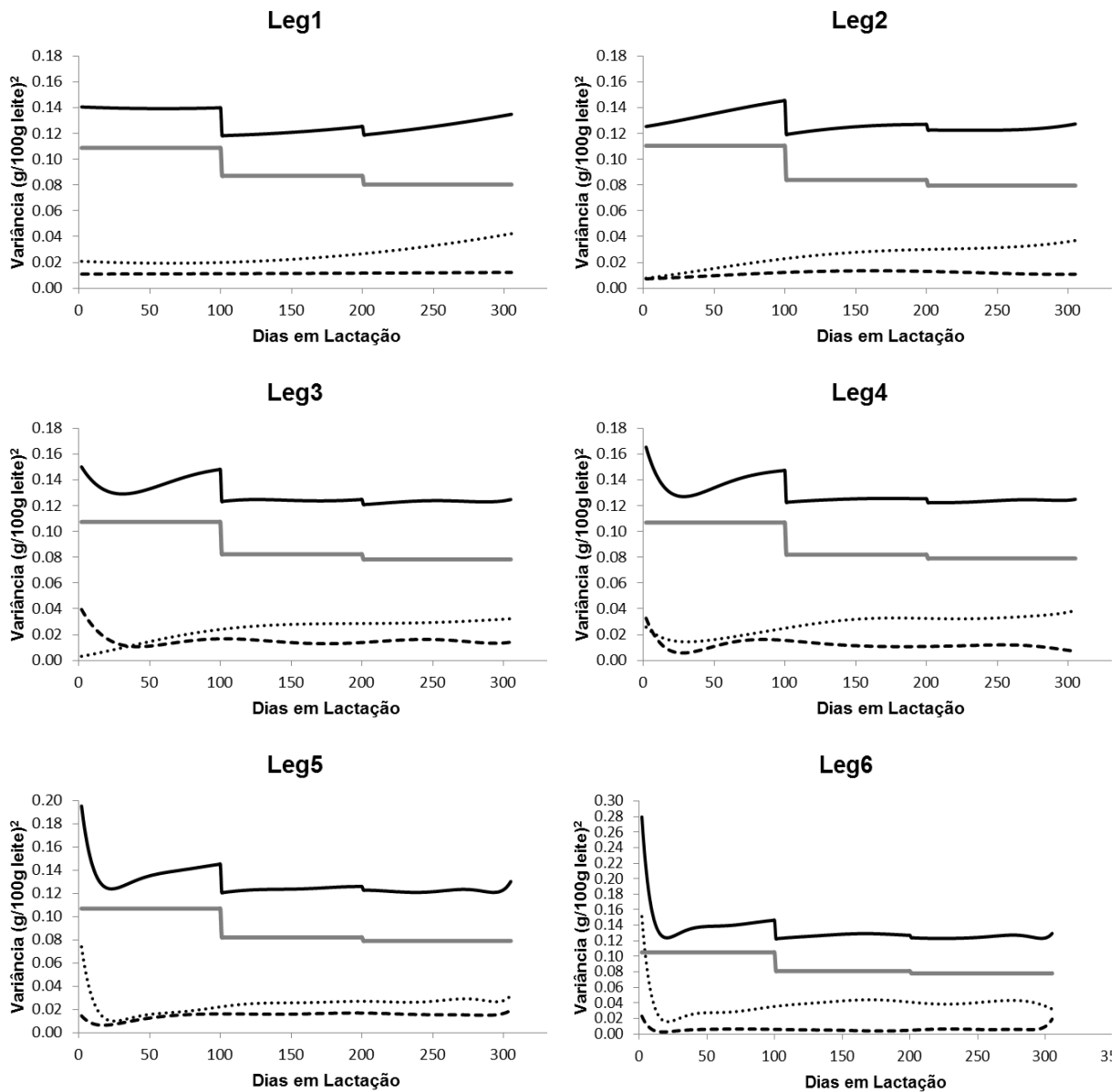


Figura 21 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (- - -), fenotípica (———) e residual (———) para SAT (saturado) do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

Como já mencionado para alguns componentes do leite, a VF dos SAT também apresentaram três notáveis alterações na sua trajetória, as quais estão relacionadas aos intervalos especificados no ajuste da variância residual. Ambas, VF e VR, apresentaram as maiores estimativas no início da lactação. Com relação ao INSAT (Figura 22), os componentes genéticos e de ambiente permanente foram semelhantes durante todo o período considerado. Nota-se que a VG para os SAT (de 0,019 a 0,042 g/100g de leite²) foi maior do que para os INSAT (0,002 a 0,008

g/100g de leite²), indicando que os fatores genéticos exercem maior influência sobre os saturados, como também sugerido por Bastin et al. (2011).

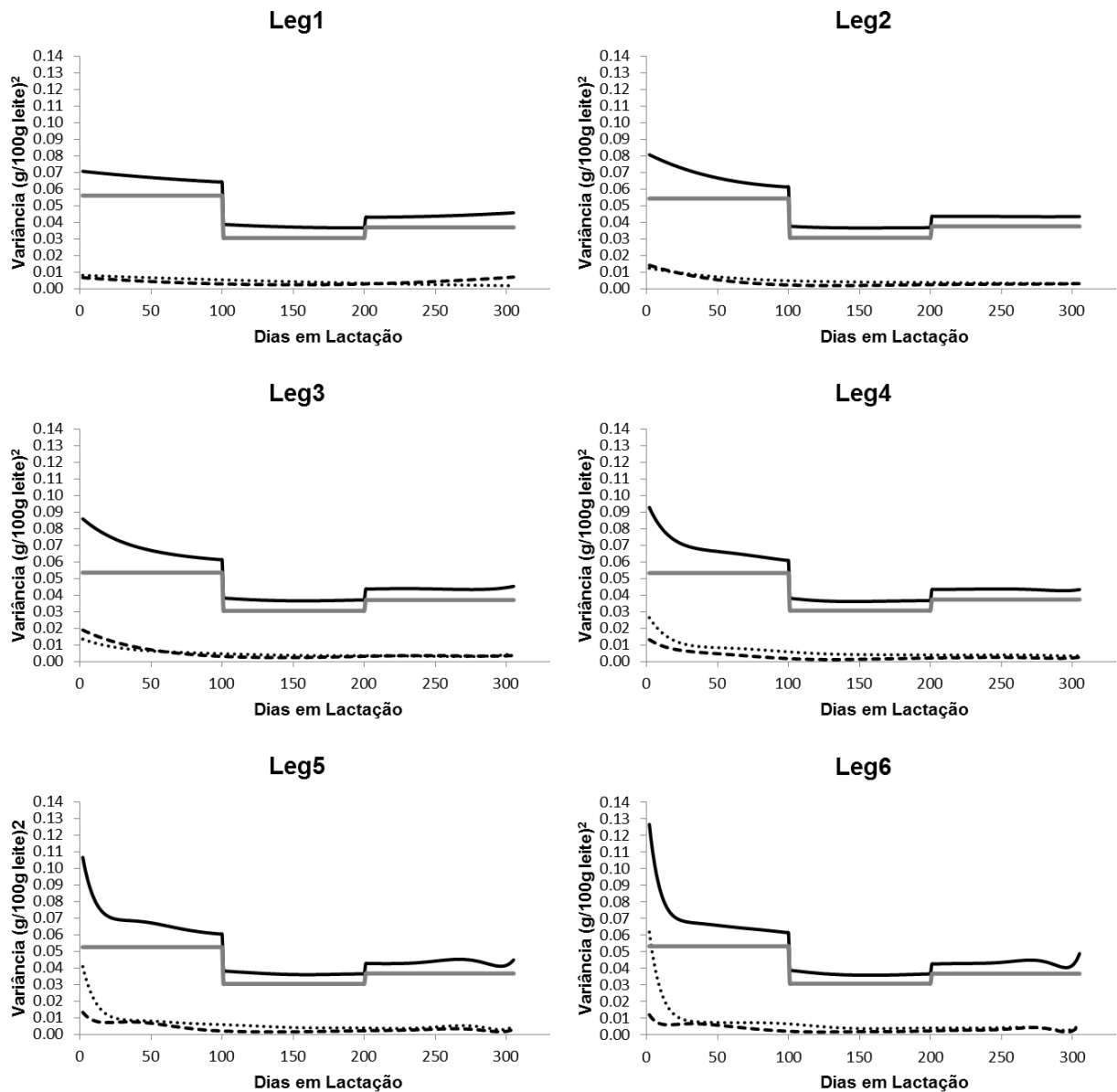


Figura 22 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (- - - -), fenotípica (———) e residual (———) para INSAT (insaturado) do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

Tanto para MONO (Figura 23) quanto para POLI (Figura 24), as variâncias genéticas e de ambiente permanente apresentaram estimativas muito próximas. Entre os grupos de ácidos graxos estudados (SAT, INSAT, MONO e POLI), o POLI apresentou menores valores referentes à variância fenotípica, o que pode ser devido aos baixos teores deste grupo encontrados no leite (Tabela 7).

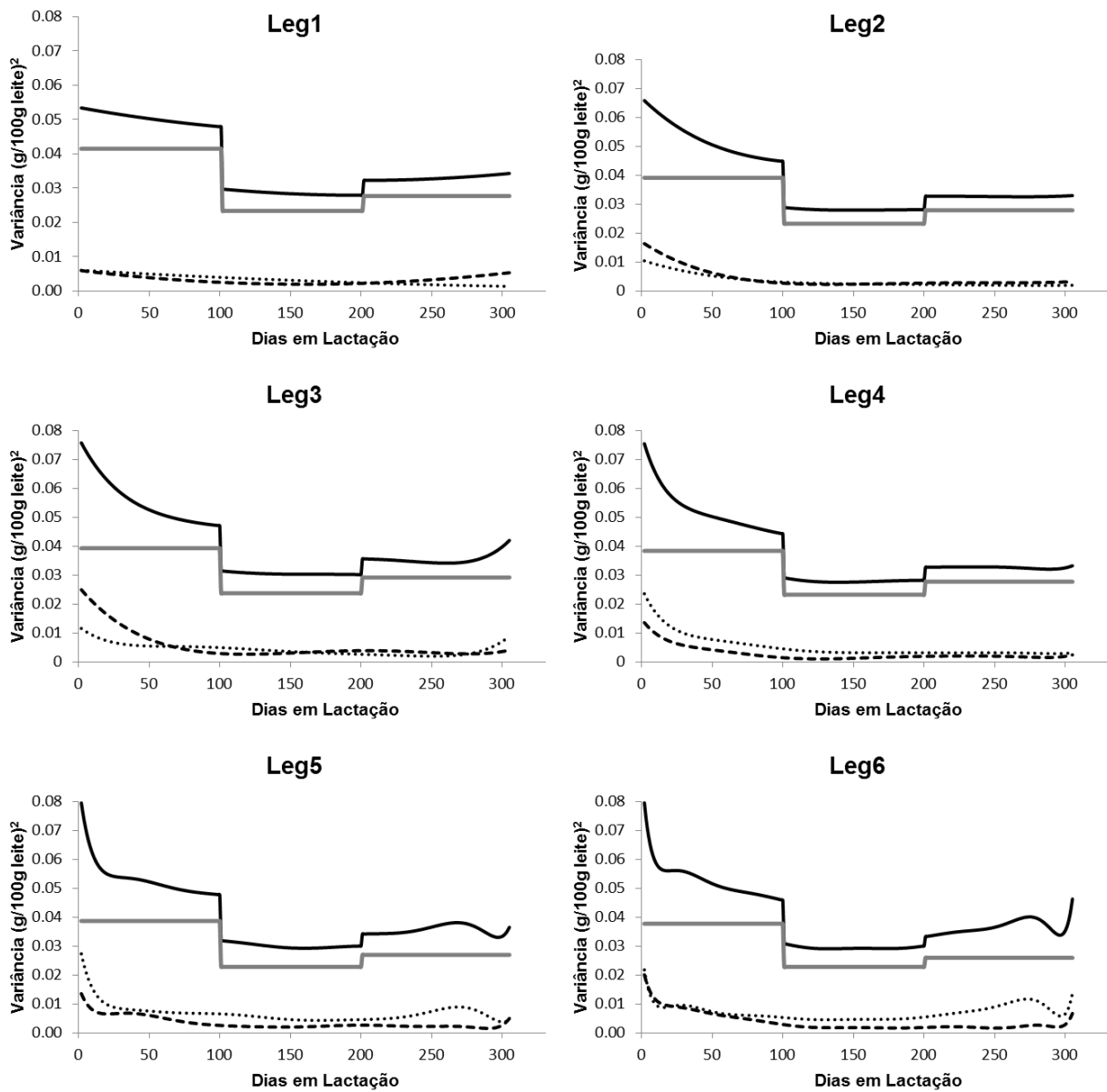


Figura 23 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (---), fenotípica (—) e residual (—) para MONO (monoinsaturado) do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

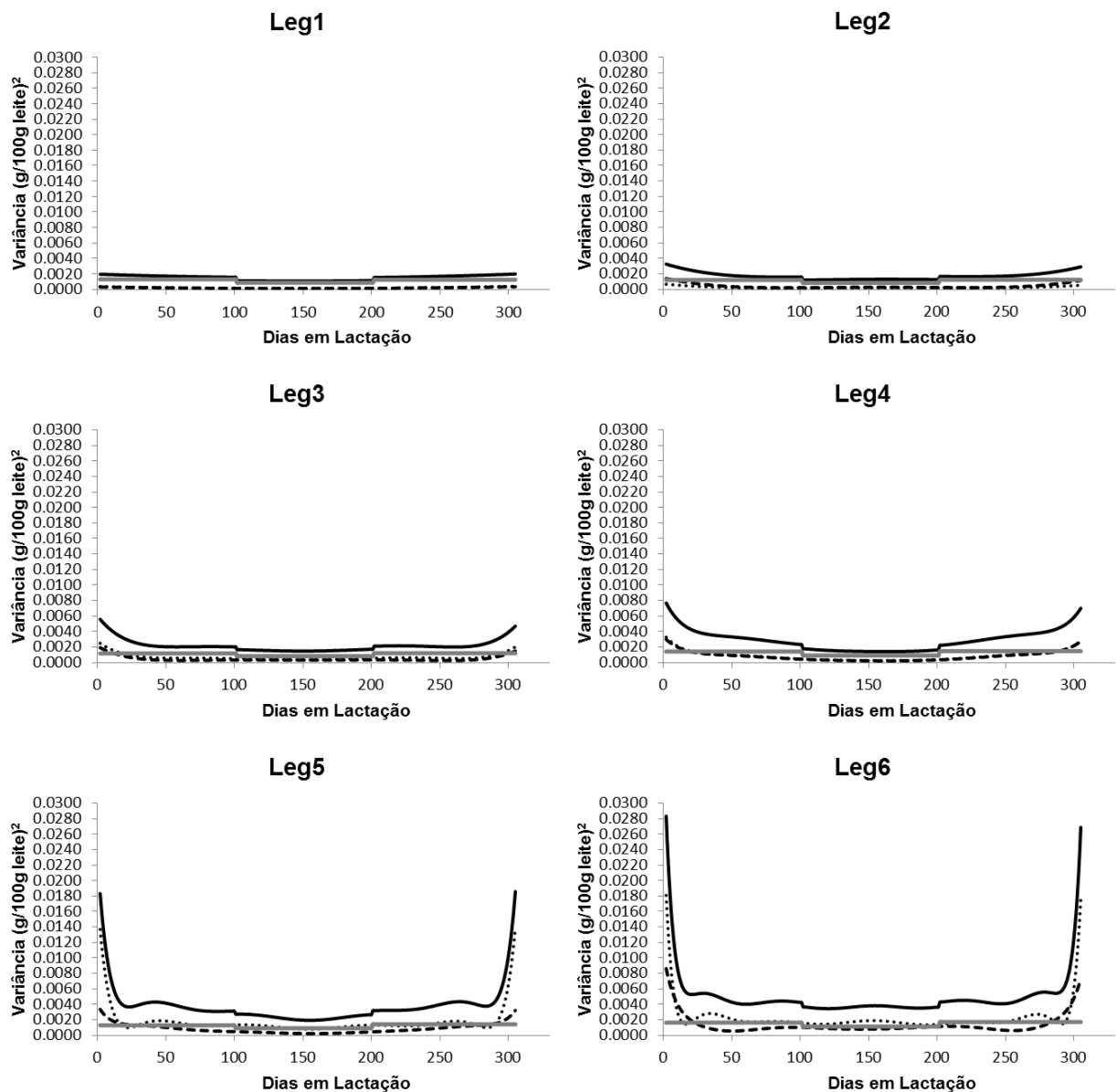


Figura 24 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (.....), de ambiente permanente (- - - -), fenotípica (———) e residual (— · — ·) para POLI (poliinsaturado) do leite de vacas holandesas, em função do estágio da lactação, para os modelos estudados

4.3.3 Herdabilidades:

As estimativas de herdabilidade (h^2) variaram de 0,08 a 0,11 para teor de gordura (Figura 25) e de 0,28 a 0,35 para teor de proteína (Figura 26). Para as duas características estas estimativas se referem ao modelo Leg1, o qual apresentou melhor ajuste dos dados. Para gordura a maior estimativa da herdabilidade foi observada aos 101 dias da lactação, sendo que para proteína isso ocorreu aos 200 dias. Desta forma, pode-se dizer que para ambas características há maior influência dos fatores genéticos na metade do período da lactação. Em Bastin et al. (2011),

maiores valores de h^2 para gordura (0,16) também foram constatados nesta fase; e em Aspilcueta-Borquis et al. (2012) estimativas elevadas para proteína (0,27) coincidiram também neste período.

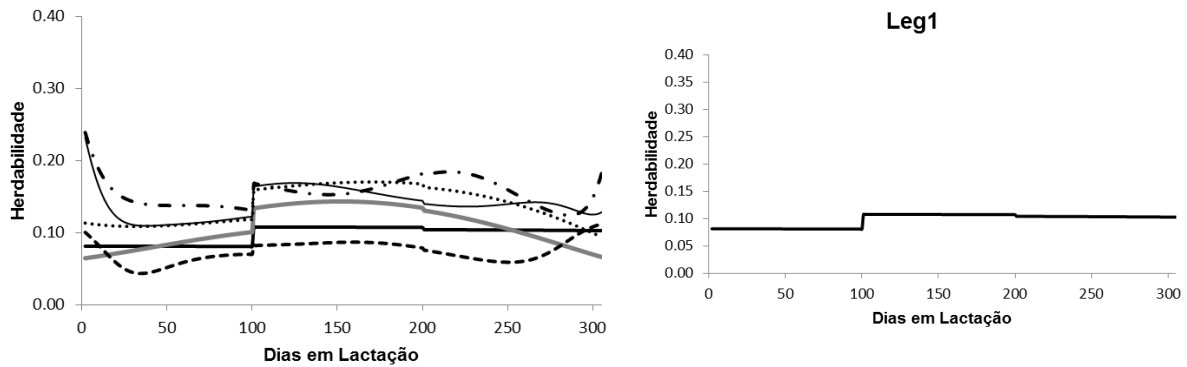


Figura 25 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para teor de gordura nos modelos Leg1 (—), Leg2 (—), Leg3 (.....), Leg4 (---), Leg5 (—) e Leg6 (—) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

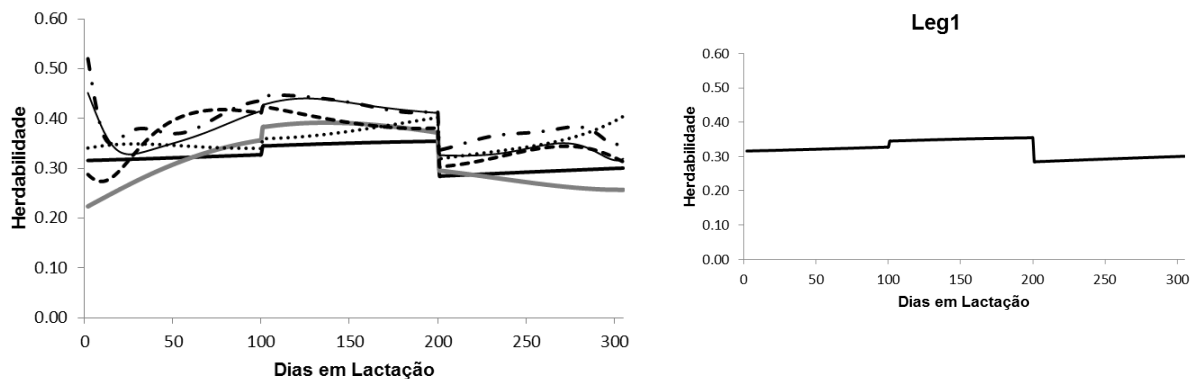


Figura 26 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para teor de proteína nos modelos Leg1 (—), Leg2 (—), Leg3 (.....), Leg4 (---), Leg5 (—) e Leg6 (—) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

As estimativas para teor de gordura no presente estudo foram similares das encontradas por Strabel e Miztal (1999), que estimaram valores de 0,11 a 0,16 e 0,11 a 0,22 para vacas de primeira e segunda parição, respectivamente. De acordo com Veerkamp e Goddard (1998), a h^2 foi 0,12, entretanto para produção de gordura (kg). Recentemente, menores herdabilidades (0,05 a 0,08) foram relatadas para produção de gordura por Khabat et al. (2013), como também nos trabalhos de Muir

et al. (2007) e Hammami et al. (2008). Por sua vez, em Biassus et al. (2011) os coeficientes de herdabilidade variaram de 0,06 a 0,68, o que sugere discrepância entre os resultados por abrangerem um intervalo amplo.

Para teor de proteína, os resultados deste trabalho diferem de Strabel e Miztal (1999), cujo coeficiente de herdabilidade foi de 0,10 a 0,15 para primeira e 0,06 a 0,15 para segunda lactação. Bastin et al. (2011) registraram valores de 0,16 para produção de proteína (kg) e de 0,45 considerando teor de proteína (g/dL de leite). Segundo Jamrozik e Schaeffer (1997), a herdabilidade para produção de proteína variou de 0,33 a 0,69. Neste caso, os autores consideraram a variância de ambiente permanente constante durante toda a lactação.

As herdabilidades para ECS no modelo que melhor se ajustou (Leg2) foram de maior magnitude no final da lactação (0,22) e menores (0,03) na fase inicial (Figura 27).

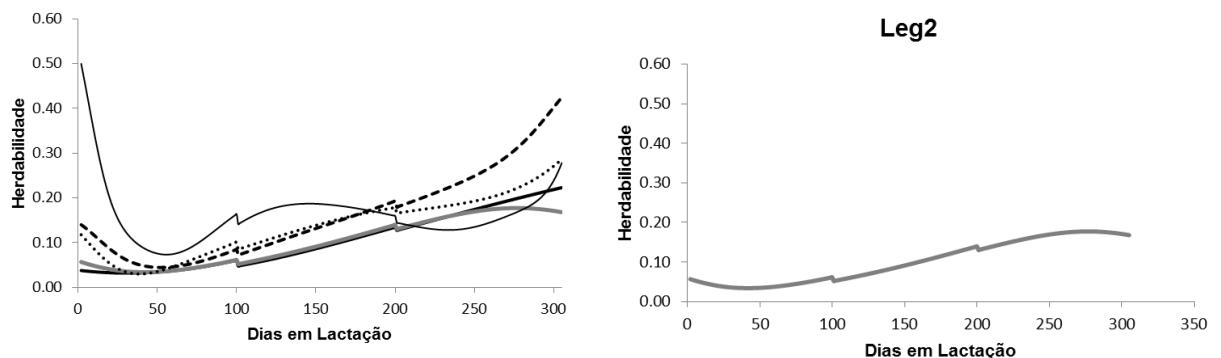


Figura 27 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para escore de célula somática (ECS) nos modelos Leg1 (—), Leg2 (—), Leg3 (.....), Leg4 (-.-.), Leg5 (—) e Leg6 (-.-.) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

Esses resultados corroboram com os encontrados por Ødegård et al. (2003) e Mrode e Swanson (2003), os quais citam o começo da lactação como o período em que são estimados os menores coeficientes de herdabilidade. De maneira geral, verifica-se na Figura 27 que a herdabilidade aumentou com o decorrer da lactação. Pode-se dizer que isto se deve a mesma tendência descrita para as estimativas das variâncias genéticas (Figura 15), ou seja, o aumento da variância genética do ECS ao longo da lactação reflete no aumento da herdabilidade com o passar do tempo. Em Rupp et al. (2003) os coeficientes de herdabilidades obtidos foram semelhantes ao deste estudo (de 0,07 a 0,11 para primeira lactação e 0,05 a 0,13 para segunda lactação), entretanto para ovinos. Por sua vez, Bohmanova et al. (2008), utilizando

modelos de regressão aleatória na estimativa de componentes de variância em animais holandeses, obteve valor de herdabilidade para ECS igual a 0,21. Recentemente, Bastin et al. (2012), registrou h^2 de 0,05, 0,07 e 0,09 para vacas holandesas de primeira, segunda e terceira parição, respectivamente.

Em relação aos ácidos graxos presentes no leite, os coeficientes de herdabilidade para C16:0 e C18:0 variaram de 0,12 a 0,31 (Figura 28) e 0,08 a 0,14 (Figura 29), respectivamente, ambos para o modelo Leg1 que proporcionou melhor ajuste. Para o C14:0, os valores variam de 0,24 a 0,43 (Figura 30) no modelo Leg2.

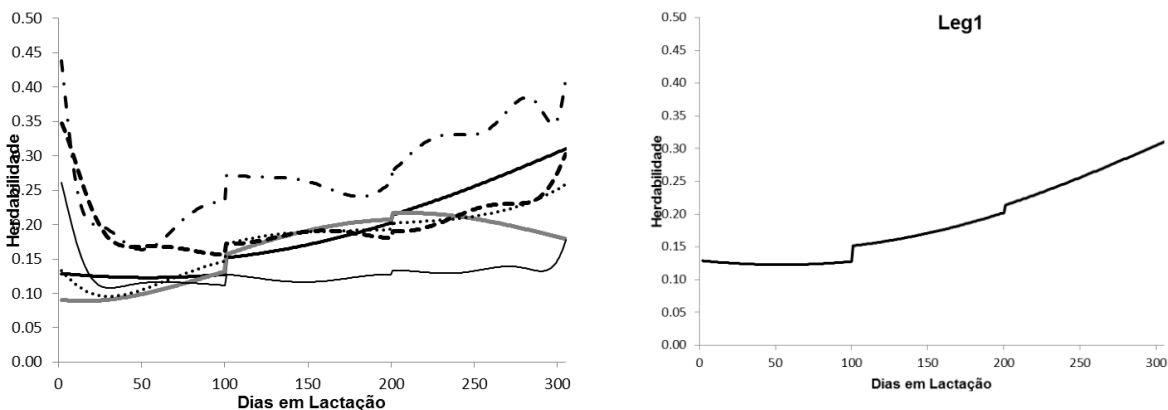


Figura 28 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para C16:0 (ácido palmítico) nos modelos Leg1 (—), Leg2 (- - -), Leg3 (····); Leg4 (- · -); Leg5 (- - -) e Leg6 (- · -) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

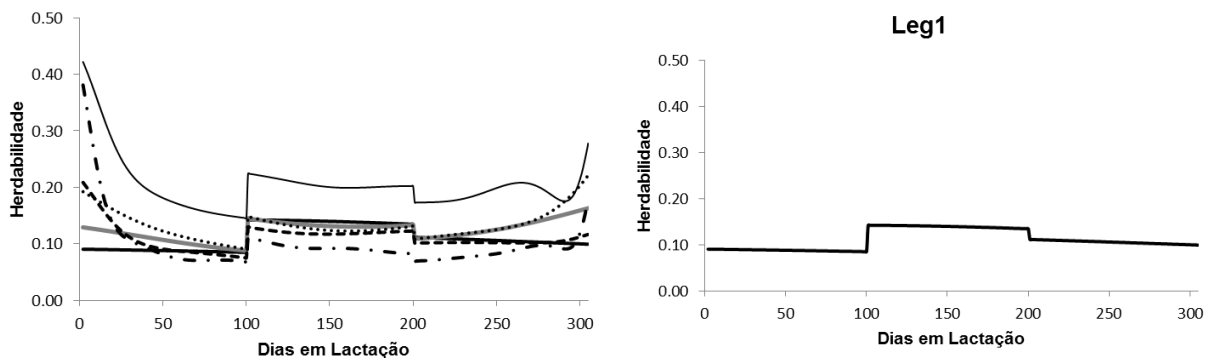


Figura 29 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para C18:0 (ácido esteárico) nos modelos Leg1 (—), Leg2 (- - -), Leg3 (····); Leg4 (- · -); Leg5 (- - -) e Leg6 (- · -) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

Neste estudo, os ácidos graxos são expressos como conteúdo no leite, ou seja, em g/100g de leite. Em Bobe et al. (2008), para a proporção de C18:0 e para a concentração (g/L de leite) de C16:0, as h^2 foram 0,24 e 0,20, respectivamente, semelhantes as encontradas neste trabalho. Porém, a estimativa obtida para a

concentração de C14:0 (0,18) foi inferior. Adicionalmente, os valores verificados por Bastin et al. (2011) (C14:0, $h^2 = 0,47$ e C18:0, $h^2 = 0,18$) e por Soyeurt et al. (2007) (C14:0, $h^2 = 0,20$; C16:0, $h^2 = 0,28$ e C18:0, $h^2 = 0,15$) também equivaleram aos do presente estudo. Por sua vez, maiores coeficientes de herdabilidade para C14:0 (0,59), C16:0 (0,43) e C18:0 (0,23) foram estimados por Stoop et al. (2008), e menores valores por Mele et al. 2009 (C14:0, $h^2 = 0,07$; C16:0, $h^2 = 0,03$ e C18:0, $h^2 = 0,08$).

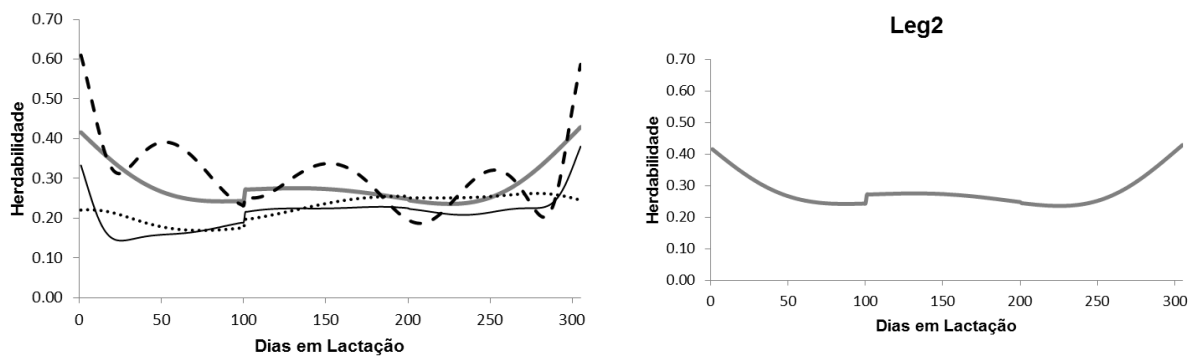


Figura 30 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para C14:0 (ácido mirístico) nos modelos Leg1 (———), Leg2 (———), Leg3 (.....); Leg4 (- - -); Leg5 (———) e Leg6 (- . -) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

Tanto para o C14:0 (Figura 30) como para C16:0 (Figura 28), ao comparar os resultados das estimativas de herdabilidade em cada período com o comportamento dos componentes de variância associados aos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente (Figuras 19 e 16), verificou-se que as estimativas de herdabilidade foram maiores no ponto final da curva, em razão da maior variabilidade genética nesse período.

Os valores da h^2 referentes ao C18:1c9 variaram de 0,07 a 0,17 (Figura 31). Tais estimativas foram próximas às relatadas por Soyeurt et al. (2007) ($h^2 = 0,15$); por Mele et al. (2009) ($h^2 = 0,17$) e por Bastin et al. (2012) ($h^2 = 0,22$ para primeira lactação; $h^2 = 0,21$ para segunda lactação e $h^2 = 0,20$ para terceira lactação). Estimativa mais elevada foi encontrada em trabalho de Stoop et al. (2008), cujo valor foi de 0,25. Uma maior homogeneidade dos efeitos ambientais no estudo de Stoop et al. (2008) pode ser a principal razão para esta diferença entre os resultados. Para o CLA, as estimativas de herdabilidade variaram de 0,13 a 0,39 (Figura 32), referentes ao modelo de melhor ajuste (Leg1). Estes valores estão de acordo com Mele et al. (2009), cuja h^2 foi 0,12, obtida em uma população de animais holandeses.

Entretanto, o valor relatado por Stoop et al.(2008) foi 0,21. Pelo fato do CLA estar relacionado a vários efeitos benéficos à saúde humana, entre eles à inibição do desenvolvimento de carcinomas, principalmente ao mamário (IP et al., 1999; CORL et al., 2001), ação anticarcinogênica e antiaterosclerótica (PARIZA et al., 1979), podendo ainda reduzir a deposição de gordura corporal, a existência de variabilidade genética deste ácido graxo pode ser utilizada para melhorar a qualidade nutricional do leite.

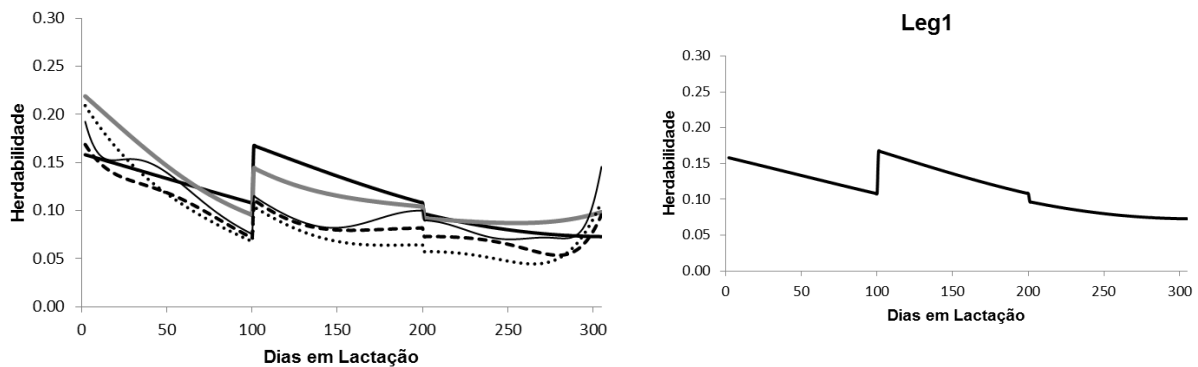


Figura 31 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para C18:1c9 (oléico) nos modelos Leg1 (—), Leg2 (- - -), Leg3 (····); Leg4 (- · -); Leg5 (———) e Leg6 (- · -) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

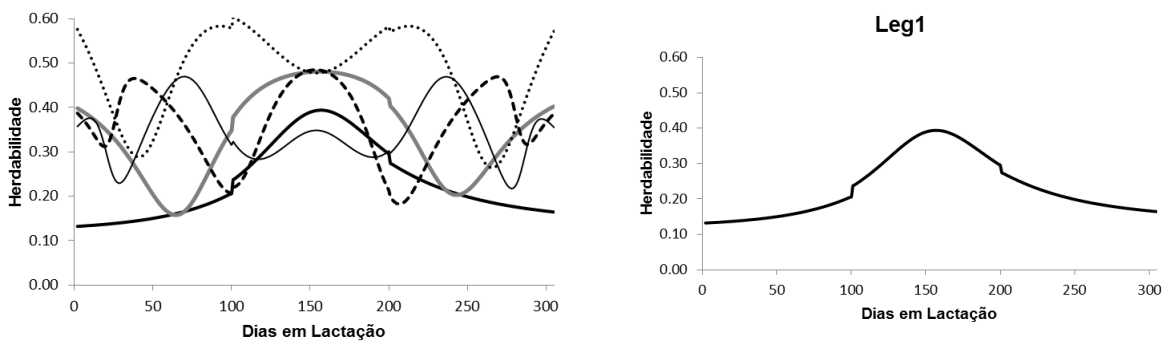


Figura 32 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para CLA (linoleico conjugado) nos modelos Leg1 (—), Leg2 (- - -), Leg3 (····); Leg4 (- · -); Leg5 (———) e Leg6 (- · -) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

Para os ácidos graxos SAT, INSAT, MONO e POLI, os coeficientes de herdabilidade variaram de 0,14 a 0,31 (Figura 33), 0,04 a 0,14 (Figura 34), 0,04 a 0,13 (Figura 35) e 0,09 a 0,20 (Figura 36), respectivamente, todos para o modelo Leg1. Estimativas dentro destes intervalos foram verificadas por Bobe et al. (2008) para os ácidos saturados ($h^2 = 0,23$), monoinsaturados ($h^2 = 0,09$) e poliinsaturados ($h^2 = 0,08$). Resultados acima destes intervalos foram encontrados por Bastin et al. (2011), utilizando informações da composição e produção de leite de vacas

holandesas de primeira lactação (SAT, $h^2 = 0,43$; INSAT, $h^2 = 0,22$; MONO, $h^2 = 0,21$ e POLI, $h^2 = 0,30$).

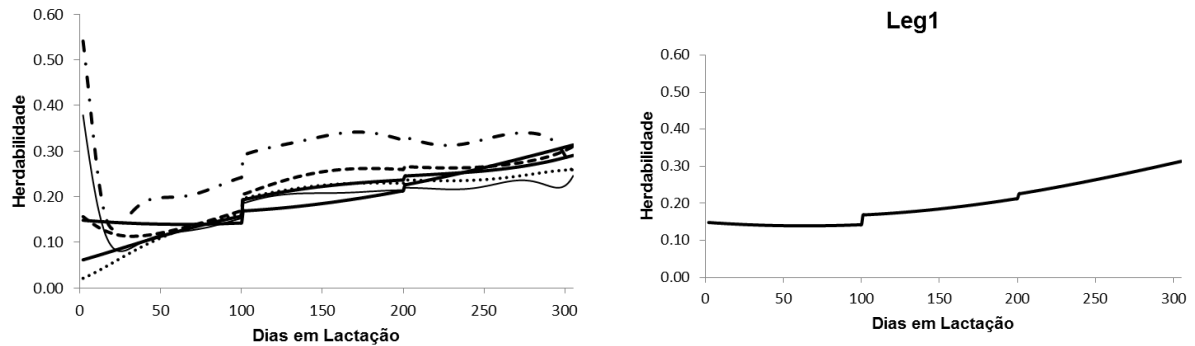


Figura 33 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para SAT (saturado) nos modelos Leg1 (—), Leg2 (---), Leg3 (.....), Leg4 (-.-.), Leg5 (—) e Leg6 (-.-) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

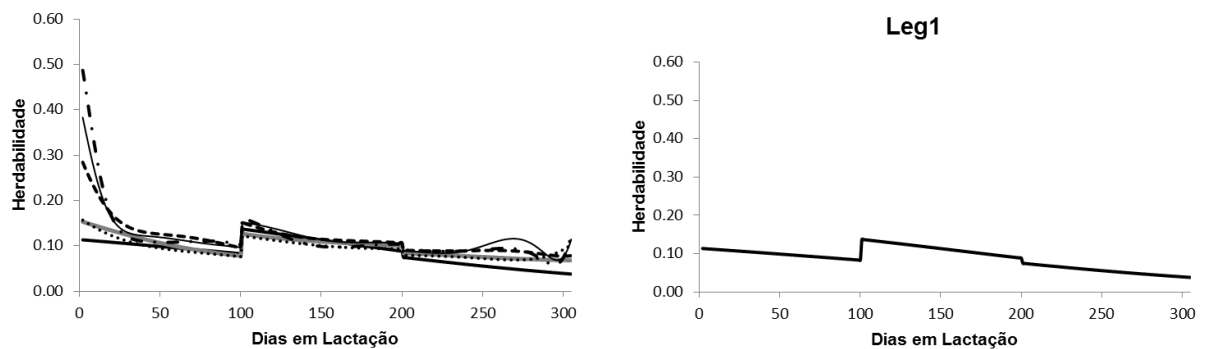


Figura 34 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para INSAT (insaturado) nos modelos Leg1 (—), Leg2 (---), Leg3 (.....), Leg4 (-.-.), Leg5 (—) e Leg6 (-.-) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

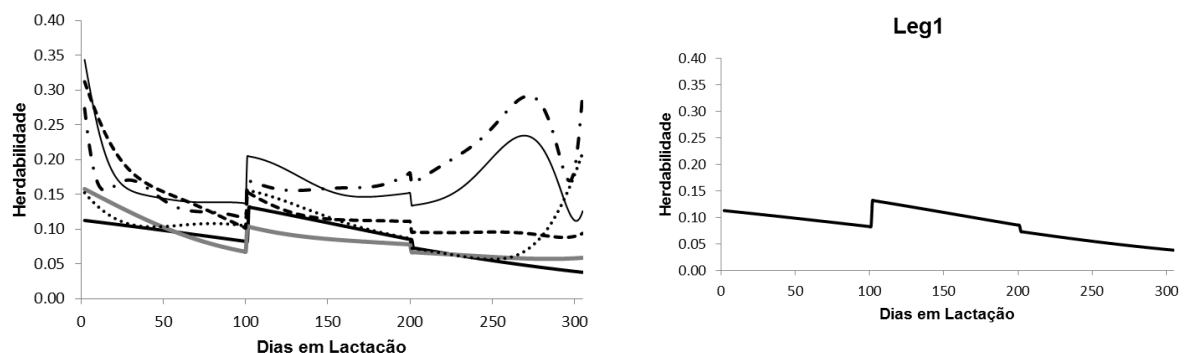


Figura 35 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para MONO (monoinsaturado) nos modelos Leg1 (—), Leg2 (---), Leg3 (.....), Leg4 (-.-.), Leg5 (—) e Leg6 (-.-) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

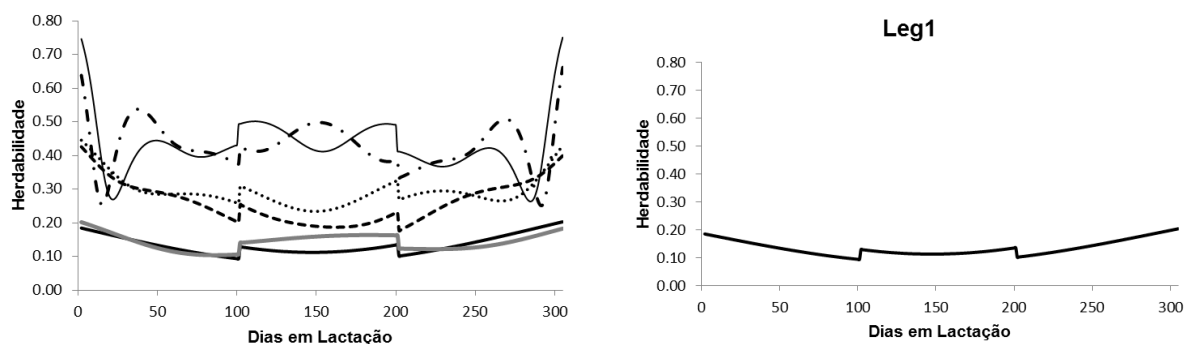


Figura 36 – Estimativas de herdabilidades no decorrer da lactação, para POLI (poliinsaturado) nos modelos Leg1 (—), Leg2 (---), Leg3 (.....), Leg4 (-.-.-), Leg5 (—) e Leg6 (-.-) (à esquerda) e no modelo de melhor ajuste (à direita)

Soyeurt et al. (2008), verificaram que os valores da h^2 para os conteúdos de ácidos graxos saturados e monoinsaturados presentes na gordura do leite sofreram grande alteração ao longo da lactação. Estes valores variaram de 0,09 a 0,42 para SAT e de 0,14 a 0,43 para MONO, com as maiores h^2 sendo observadas ao início e final da lactação. Herdabilidades próximas a esses valores para SAT ($h^2 = 0,14$) e MONO ($h^2 = 0,24$) também foram encontradas por Soyeurt et al. (2007).

Verificou-se que, entre esses quatro grupos de ácidos graxos, os SAT apresentaram maiores estimativas de herdabilidade que os demais, sendo este fato também constatado em outros trabalhos (SOYEURT et al., 2007; BOBE et al., 2008; BASTIN et al., 2011; BASTIN et al., 2012). Esses resultados podem ser explicados pelas diferentes origens dos ácidos graxos, ou seja, a h^2 dos ácidos graxos é um parâmetro genético que pode variar de acordo com a origem do AG (ROCHE et al., 2009; BASTIN et al., 2012).

Os AG presentes no leite podem ser sintetizados pela própria glândula mamária, ou seja, dentro das células epiteliais (chamada síntese *de novo*) e/ou serem absorvidos da corrente sanguínea, providos pela dieta ou oriundos da mobilização das reservas corpóreas (CHILLIARD et al., 2000). Aproximadamente 25% dos AG do leite são derivados da dieta e 50% do plasma sanguíneo, sendo o restante formado na glândula mamária a partir de precursores, principalmente o acetato e β -hidroxibutirato (GONZÁLEZ et al., 2001).

Sendo assim, como constatado em outros trabalhos (BASTIN et al., 2012; BOBE et al., 2008, STOOP et al., 2008; SOYEURT et al., 2008; PALMQUIST et al., 1993), as estimativas de herdabilidade foram maiores para os AG sintetizados *de novo* (C14:0, C16:0 e SAT), do que para POLI, C18:1c9, C18:0, INSAT e MONO (h^2

= 0,13 a 0,20) os quais têm sua origem a partir da dieta e da mobilização de gordura corporal. Entretanto, apesar destes últimos terem apresentados menores estimativas para herdabilidade, estes valores indicam que fatores envolvidos na inclusão de tais ácidos graxos no leite podem estar parcialmente sob controle genético (BASTIN et al., 2011).

Esses resultados obtidos comprovam que, além de serem influenciadas por fatores ambientais tais como nutrição, manejo, sanidade, dentro outros, as características relacionadas à composição e qualidade do leite são também dependentes dos fatores genéticos (SOYEURT et al., 2006). Desta forma, teores de gordura, proteína e ácidos graxos que compõe o leite bovino são características herdáveis e, portanto, podem ser melhoradas por meio da seleção.

De posse dessas informações, o produtor pode melhorar a qualidade e produtividade do leite do seu rebanho, ainda que em longo prazo, a partir da escolha de pais de alto valor genético resultando em progênies de alto potencial produtivo (VERNEQUE et al., 2010). Entretanto, as indústrias também devem valorizar o leite que apresente maiores teores de ácidos graxos benéficos à saúde, como esta acontecendo com a bonificação para teores de gordura e proteína. Uma matéria-prima de melhor qualidade e composição permite otimização dos custos de produção, além do consumidor ter acesso a um produto de nutricionalmente mais saudável, também poderá trazer benefícios no que se refere ao crescimento nas exportações.

Em suma, o conhecimento sobre as estimativas dos parâmetros genéticos referentes aos constituintes do leite associados à melhoria da qualidade nutricional deste produto é fundamental para que se implemente com sucesso o melhoramento genético dos rebanhos, trazendo benefícios ao produtor, setor industrial e, por fim, ao consumidor.

4.4 Produção de leite:

O número de mensurações de produção de leite por animal variou de um a seis. Desta forma, havia 732 animais com apenas uma medida de produção, 576 com duas, 161 com três, 56 com quatro, 16 com cinco e 19 vacas com seis observações. Assim, aproximadamente 46% dos animais avaliados possuíam apenas uma mensuração para produção de leite. Essa estruturação dos dados

impossibilitou que fosse utilizado um modelo de regressão aleatória para a estimação dos componentes de variância associados a esta característica.

As variâncias genética aditiva (VG), fenotípica (VF) e residual (VR) estimadas para produção de leite foram 3,43 kg², 28,46 kg² e 25,03 kg², respectivamente. Estes valores diferiram dos relatados por Dionello et al. (2006), os quais utilizaram modelos de repetibilidade e de regressão aleatória na estimativa de parâmetros genéticos para produção de leite, obtendo 7,08 kg² para VG, 7,79 kg² para VR e 16,76 kg² para VF. Entretanto, a VG relatada por Dorneles et al. (2009) foi semelhante a do presente trabalho (2,38 a 3,14 kg²), sendo a variância residual bem inferior (3,88 vs 25,03 kg²).

A estimativa de herdabilidade (0,12), apesar de baixa para a característica de produção de leite, foi a mesma verificada por Araujo et al. (2006) ($h^2 = 0,12$), para a fase inicial da lactação (6 dias). Também foi semelhante a reportada por Cobuci et al. ($h^2 = 0,15$, para o sexto dia da lactação) em estudo utilizando modelo de regressão aleatória com a função exponencial de Wilmink para descrever a curva de lactação. Strabel e Misztal (1999), utilizando os polinômios de Legendre, encontraram coeficientes de herdabilidade variando de 0,11 a 0,16. Por sua vez, Brotherstone et al. (2000) relataram estimativas iguais a 0,13; 0,08; 0,06, no início da lactação e de 0,20; 0,18; 0,25 no final da lactação, para modelos que usaram a função polinomial de Legendre de segundo, terceiro e quarto grau, respectivamente. Para os modelos que empregaram as funções paramétricas de Wilmink e de Ali e Schaeffer, os valores foram iguais a 0,10; 0,26 (no sétimo dia da lactação) e 0,24; 0,27 (aos 315 dias), respectivamente.

Em Dorneles et al. (2009), o coeficiente de herdabilidade para a produção no dia do controle variou de 0,14 a 0,20 com gradual aumento no decorrer do período de lactação. Por outro lado, herdabilidades maiores foram observadas por Jamrozik e Schaeffer (1997), com valores variando de 0,40 a 0,48, com maior estimativa encontrada no início da lactação. Costa et al. (2002) também observaram altas estimativas de herdabilidades no início da lactação (valores próximos a 0,74), por meio de modelos de regressão aleatória que utilizaram as funções de Ali e Schaeffer e a função exponencial de Wilmink, com decréscimo das estimativas no final da lactação (valores próximos de 0,20).

Sendo assim, ressalta-se que a herdabilidade é um parâmetro genético que pode apresentar diferentes valores para uma mesma característica dependendo da

população, raça, sistema de criação, entre outros (DIONELLO et al., 2006). Neste trabalho, a baixa magnitude da herdabilidade obtida pode ter sido influenciada pelo reduzido número de informações referentes a produção de leite por animal. Desta maneira, não é possível modelar adequadamente os efeitos que agem sobre essa característica, ou seja, o ajuste do modelo ficou comprometido por haver poucas medidas disponíveis para cada animal ao longo da lactação.

Na Tabela 11 são apresentados os valores iniciais e as estimativas dos parâmetros para o modelo de Wilmink; e na Figura 37 está representada a curva de lactação ajustada por este modelo, com os valores preditos de produção de um a 305 dias e os pontos sendo os valores observados de produção por dias em lactação.

Uma curva de lactação típica apresenta uma fase crescente, que se estende até cerca de 35 dias após o parto; uma fase de pico, representada pela uma fase de pico, representada pela produção máxima observada, seguida de uma fase de declínio continuado até o final da lactação (ALI e SCHAEFFER, 1987). Tal comportamento foi observado para a produção de leite ao longo da lactação neste trabalho, com pico de produção ocorrendo próximo aos 50 dias (Figura 37). O conhecimento das curvas de lactação de um rebanho auxilia na adequação de técnicas de alimentação e manejo, no descarte e na seleção de animais, de acordo com um padrão desejável, preestabelecido conforme a capacidade de produção (Gonçalves, 1996).

Tabela 11 – Valores iniciais e estimados para os parâmetros do modelo de Wilmink

Parâmetro	Valor inicial	Valor estimado
a	19,00	39,65
b	-3,28	-22,20
c	-0,03	-0,038
k	0,05	0,061

Desta forma, evidencia-se a importância do controle leiteiro nos rebanhos para efetiva utilização das produções na obtenção de parâmetros genéticos. O conhecimento das estimativas dos parâmetros genéticos é uma ferramenta importante e útil para a tomada de decisão no que diz respeito ao método e/ou critério de seleção a serem adotados.

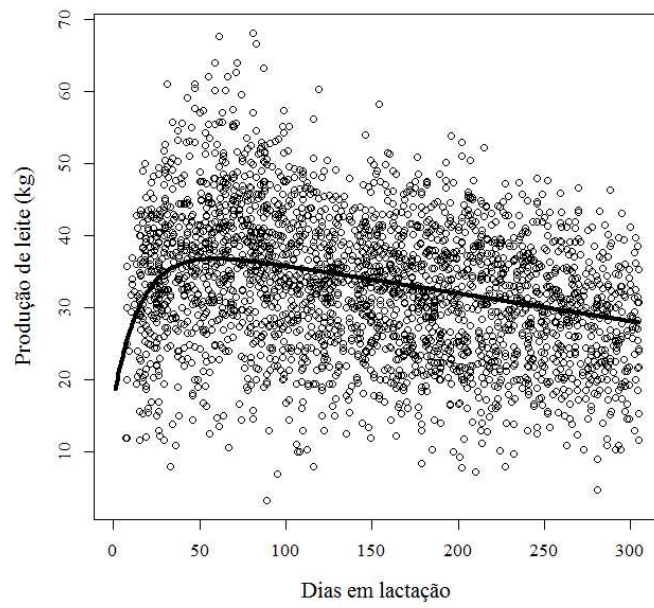


Figura 37 – Curva de lactação ajustada pelo modelo de Wilink

4.3 Considerações finais

A obtenção de fenótipos para o perfil de ácidos graxos pode ser considerada um obstáculo à expansão de pesquisas envolvendo estas características, visto a exigência de tempo e mão-de-obra pela metodologia de cromatografia gasosa na obtenção da concentração destes compostos em produtos como o leite e a carne. Entretanto, com o recente uso da espectrometria em infravermelho médio na mensuração destes AG, tornou-se possível a análise de centenas de amostras em um curto período de tempo e, conseqüentemente, tem se disponibilizado um volume de informações adequado ao estudo genético de determinados grupos de ácidos graxos, de forma a se viabilizar a seleção de reprodutores visando ao melhoramento genético destas características vinculadas à qualidade nutricional do leite.

Com o desenvolvimento de equações de predição que associem a concentração de ácidos graxos mensurados por ambas as metodologias, pretende-se aumentar também o montante de dados referentes a ácidos graxos não estimados por espectrometria em infravermelho médio e que, no entanto, exercem importante influência sobre a qualidade nutricional de derivados lácteos e, portanto, sobre a saúde humana.

Como visto neste trabalho, a partir dos ácidos graxos mirístico e linoleico conjugado, a predição por meio da aplicação da regressão linear é viável, sendo que os menores erros de predição foram obtidos quando adotada a regressão múltipla com *priori* não informativa. No entanto, deve-se considerar que a qualidade do ajuste das equações foi dependente do modelo empregado bem como das características das variáveis dependentes e independentes incluídas nestas análises. Dessa forma, se fazem necessários estudos que avaliem o número e as variáveis a serem consideradas no modelo de regressão bem como estratégias que possibilitem o atendimento das pressuposições deste modelo; objetivando-se minimizar o erro de predição e, portanto, obter melhores predições para a variável dependente.

Assim, com este estudo foi possível obter a herdabilidade do C14:0 e do CLA, um dos AG de extrema importância à saúde e que tem a disponibilidade de dados limitada à cromatografia gasosa. Com isso, a estimativa dos parâmetros genéticos das características produtivas e de qualidade do leite se estenderam a outros dois AG (CLA e C14:0), tornando um estudo mais amplo e informativo. Desta forma, mesmo para àquelas características com baixos coeficientes de herdabilidade,

constatou-se neste trabalho a existência de variabilidade genética para produção de leite e seus componentes. Diante disto, pode-se dizer que por meio da seleção genética seria possível alterar a composição do leite visando a melhoria da sua qualidade nutricional.

REFERÊNCIAS

ABRANCHES, M.V.; DELLA LUCIA, C.M.; SARTORI, M.A.; PINHEIROSANT'ANA, H.M. Perdas de vitaminas em leite e produtos lácteos e possíveis medidas de controle. **Revista Alimentação e Nutrição**, Araraquara, v. 19, n. 2, p. 207-217, 2008.

AGE/MAPA. **Assessoria de Gestão Estratégica do Ministério da Agricultura. Projeções do Agronegócio Brasil 2009/10 a 2019/20**. Brasília, 2010. 48p.

Disponível em:

<http://www20.gencat.cat/docs/DAR/DE_Departament/DE02_Estadistiques_observatoris/24_Estudis_i_documents/01_Novetats_documentals/Fitxers_estatics/BRAZIL_PROSPECTIVA.pdf>. Acesso em: 26 março2013.

AKA, A.; SHOOK, G.E. An optimum transformation for somatic cell concentration in milk. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 63, p. 487-490, 1980.

ALBUQUERQUE, L.G.; EL FARO, L. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, p. 238-246, 2008.

ALI, T.E.; SCHAEFFER, L.R. Accounting for covariances among test days milk yield in dairy cows. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v. 67, p. 637-644, 1987.

ANDRADE, L.M.; EL FARO, L.; CARDOSO, V.L.; ALBUQUERQUE, L.G.; CASSOLI, L.D.; MACHADO, P.F. Efeitos genéticos e de ambiente sobre a produção de leite e a contagem de células somáticas em vacas holandesas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, p. 343-349, 2007.

ARAÚJO, C.V.; TORRES, R.A.; COSTA, C.N. FILHO, R.A.T.; ARAÚJO, S.I.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J.; PEREIRA, C.S.; COBUCI, J.A.; SARMENTO, J.L.R. Uso de funções ortogonais para escrever a produção de leite no dia de controle por meio de modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 35, supl., p. 967-974, 2006.

ARNOULD, V.M.R.; SOYEURT, H. Genetic variability of milk fatty acids. **Journal of Applied Genetics**, Poznan, v. 50, p. 29-39, 2009.

BALLOU, L.U.; PASQUINI, M.; BREMEL, R.D.; EVERSON, T.; SOMMER, D. Factors affecting herd milk composition and milk plasmin at four levels of somatic cell counts. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 78, p. 2186-2195, 1995.

BASTIN, C.; GENGLER, N.; SOYEURT, H. Phenotypic and genetic variability of production traits and milk fatty acid contents across days in milk for Wallon Holstein first-parity cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, p. 4152-4163, 2011.

BASTIN, C.; SOYEURT, H.; GENGLER, N. Genetic parameters of milk production traits and fatty acid contents in milk for Holstein cows in parity 1-3. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 129, p. 1-10, 2012.

BAUMAN, D.E.; BAUMGARD, L.H.; CORL, B.A.; GRIINARI, J.M. Biosynthesis of conjugated linoleic acid in ruminant. **Proceedings of the American Society of Animal Science**, Albany, v. 77, p. 1-15, 1999.

BAUMGARD, L.H.; SANGSTER, J.K.; BAUMAN, D.E. Milk fat synthesis in dairy cows is progressively reduced by increasing supplemental amounts of trans-10, cis-12 conjugated linoleic acid (CLA). **Journal of Nutrition**, Bethesda, v. 131, p. 1764-1769, 2001.

BERG, A.; MEYER, R.; YU, J. Deviance information criterion for comparing stochastic volatility models. **Journal of Business & Economic Statistics**, Alexandria, v. 22, p. 107-120, 2004.

BIASSUS, I.O.; COBUCI, J.A.; COSTA, C.N. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.40, p.85-94, 2011.

BIASSUS, I.O.; COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; RORATO, P.R.N.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, L.L. Persistence in milk, fat and protein production of primiparous Hostein cows by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 39, p. 2617-2624, 2010.

BLAND, J.M.; ALTMAN, D.G. Measuring agreement in method comparison studies. **Statistical Methods in Medical Research**, London, v. 8, p. 135-160, 1999.

BLAND, J.M.; ALTMAN, D.G. Statistical methods for assessing agreement between two methods of clinical measurement. **The Lancet**, London, v. 1, p. 307-10, 1986.

BLOWEY, R.W.; EDMONDSON, P. **Mastitis control in dairy herds**, Winslow, UK: CAB International, 2010. 266p.

BOBE, G.; BEITZ, D.C.; FREEMAN, A.E.; LINDBERG, G.L. Associations among individual proteins and fatty acids in bovine milk as determined by correlations and factor analyses. **Journal Dairy Research**, Cambridge, v. 66, p. 523–536, 1999.

BOBE, G.; MINICK BORMANN, J.A.; LINDBERG, G.L.; FREEMAN, A.E.; BEITZ, D.C. Short Communication: Estimates of genetic variation of milk fatty acids in US Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 1209-1213, 2008.

BOHMANOVA, J.; MIGLIOR, F.; JAMROZIK, J.; MISZTAL, I.; SULLIVAN, P.G. Comparison of random regression models with legendre polynomials and linear splines for production traits and somatic cell score of Canadian Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 3627-3638, 2008.

BOLSTAD, W.M. **Introduction to Bayesian Statistics**. Hoboken: John Wiley , 2007. 437p.

BONANOME, A.; GRUNDY, S.M.. Effect of dietary stearic acid on plasma cholesterol and lipoprotein levels. **New England Journal of Medicine**, Boston, v. 318, p. 1244–1248, 1988.

BOURDON, R.M. **Understanding animal breeding**. New Jersey: Prentice-Hall, 2000. 538 p.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Instrução Normativa nº. 051, de 18 de setembro de 2002. **Diário Oficial da União**, Brasília, Seção 1, p. 13-22, 20 set. 2002.

BRINKS, J.S.; CLARK, R.T.; RICE, F.J. Estimation of genetic trends in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 20, p. 903. 1961.

BROTHERSTONE, S.; WHITE, I.; MEYER, K. Genetic modeling of dairy milk yield using orthogonal polynomial and parametric curves. **Animal Science**, Cambridge, v. 70, p. 407-415, 2000.

BUENO, V.F.F.; MESQUITA, A.J.; NICOLAU, E.S. Contagem celular somática: relação com a composição centesimal do leite e período do ano no Estado de Goiás. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 4, p. 848-854, 2005.

CACCAMO, M.; VEERKAMP, R.F.; JONG, G.; POOL, M.H.; PETRIGLIERI, R.; LICITRA, G. Variance components for test-day milk, fat, and protein yield and somatic cell score for analyzing management information. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 3268-3276, 2008.

CAPPA, V. Alimentación y fertilidad en los bovinos. **Revista Mundo Ganadero**, Madrid, n. 6, p. 48-57, 1993.

CARDOSO, V.L.; NOGUEIRA, J.R.; VERCESI FILHO, A.E.; EL FARO, L.; LIMA, N.C. Objetivos de Seleção e Valores Econômicos de Características de Importância Econômica para um Sistema de Produção de Leite a Pasto na Região Sudeste. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 33, p. 320-327, 2004.

CASELLA, G.; GEORGE, E.I. Explaining the Gibbs sampler. **AmStat News**, Alexandria, v. 46, p. 167–174, 1992.

CHEN, T.; MARTIN, E. Bayesian linear regression and variable selection for spectroscopic calibration. **Analytica Chimica Acta**, Filadélfia, v. 631, p. 13-21, 2009.

CHILLIARD, Y.; FERLAY, A.; DOREAU, M. Contrôle de la qualité nutritionnelle des matières grasses du lait par l'alimentation des vaches laitières: Acides gras trans, polyinsaturés, acide linoléique conjugué. **INRA Productions Animales**, Saint-Genès-Champagnelle, v. 14, p. 323-335, 2001.

CHILLIARD, Y.; FERLAY, A.; MANSBRIDGE, R.M.; DOREAU, M. Ruminant milk fat plasticity: Nutritional control of saturated, polyunsaturated, trans and conjugated fatty acids. **Annales de Zootechnie**, Les Ulis, v. 49, p. 181-205, 2000.

CIENFUEGOS-RIVAS, E.G.; OLTENACU, P.A.; BLAKE, R.W.; SCHWAGER, S.J.; CASTILLO-JUAREZ, H.; RUIZ, F.J. Interaction between milk yield of Holstein cows in Mexico and the United States. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 82, p. 2218-2223, 1999.

CLEGG, R.A.; BARBER, M.C.; POOLEY, L.; ERNENS, I.; LARONDELLE, Y.; TRAVERS, M.T. Milk fat synthesis and secretion: molecular and cellular aspects. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 70, p. 3-14, 2001.

COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; TEIXEIRA, N.M. FREITAS, A.F. Utilização dos polinômios de Legendre e da função de Wilmlink em avaliações genéticas para persistência na lactação de animais da raça Holandesa. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.58, p. 614-623, 2006.

COLLOMB, M.; T. BÜHLER. Analyse de la composition en acides gras de la graisse de lait. **Mitteilungen aus Lebensmitteluntersuchung und Hygiene**, Bern, v. 91, p. 306-332, 2000.

CORL, B.A.; BAUMGARD, L.H.; DWYER, D.A.; GRIINARI, J.M.; PHILLIPS, B.S.; BAUMAN, D.E. The role of $\Delta 9$ -desaturase in the production of cis-9, trans-11 CLA. **The Journal of Nutritional Biochemistry**, Stoneham, v.12, n.11, p. 622-630, 2001.

COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; PACKER, I.U.; FREITAS, A.F.; TEIXEIRA, N.M.; COBUCI, J.A. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, p. 602-608, 2008.

COSTA, E.O.; BENITIS, N.R.; GUERRA, J.L.; GUERRA, J.L.; MELVILLE, P.A. Antimicrobial susceptibility of Staphylococcus spp. Isolated from mammary parenchymas of slaughtered dairy cows. **Journal of Veterinary Medicine B.**, Berlin, v. 47, p. 99-103, 2000.

DIONELLO, N.J.L.; SILVA, C.A.S.; COSTA, C.N.; COBUCI, J.A. Estimação de parâmetros genéticos utilizando-se a produção de leite no dia do controle em primeiras lactações de vacas da raça Jersey. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 35, p.1644-1650, 2006.

DOBSON, A.J. **An Introduction to Generalized Linear Models**. 2nd . ed. Boca Raton: Chapman & Hall/CRC, 2002. 231p.

DORNELES, C.K.P.; COBUCI, J.A.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T.; LOPES, J.S.; OLIVEIRA, H.N. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite de vacas da raça Holandesa via regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 61, p. 407-412, 2009.

EDWARDS, R.A.; KING, J.W.B.; YOUSEF, I.M. A note on the genetic variation in the fatty acid composition of cow milk. **Animal Production**, Penicuik, v. 16, p. 307-310, 1973.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória pra produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, p. 1104-1113, 2003.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Harlow: Longmans Green, 1996. 464p.

FENG, S.; LOCK, A.L.; GARNSWORTHY, P.C. **A rapid method for determining fatty acid composition of milk**. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 87, p. 3785–3788, 2004.

FETROW, J.; STEWART, S.; EICKER, S.; FARNSWORTH, R.; BEY, R. Mastitis: an economic consideration. In: ANNUAL MEETING OF THE NATIONAL MASTITIS COUNCIL, 2000, Atlanta. **Proceedings...** Madison: National Mastitis Council, 2000. p. 3-47.

FRASER, C.M.; BERGERON, J.A.; MAYS, A.; AIELLO, S.E. **Manual Merck de Veterinária: um manual de diagnóstico, tratamento, prevenção e controle de doenças para o veterinário**. 7th ed. São Paulo: ROCA, 1996. 2169p.

GADINI, C.H.; KEOWN, J.F.; VLECK, L.D.V. Parâmetros genéticos das produções de leite, gordura e proteína e do escore de células somáticas em 305 dias de lactação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34. 1997, Juiz de Fora. **Anais...** Juiz de Fora: SBZ, 1997. v. 3, p. 47-49.

GASPARINI, A.L.P.; BARBIERI, C.H.; MAZZER, N. Correlação entre diferentes métodos de avaliação funcional da marcha de ratos com lesão por esmagamento do nervo isquiático. **Acta Ortopédica Brasileira**, São Paulo, v. 15, p. 285-289, 2007.

GELMAN, A.; RUBIN, D.B. Inference from iterative simulation using multiple sequences. **Statistical Science**, Beachwood, v. 7, p. 457–472, 1992.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. IN: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M. (Ed.). **Bayesian Statistics 4**. Oxford: Clarendon Press, 1992. p. 163-190.

GLANTZ, M.; LINDMARK MÅNSSON, H.; STÅLHAMMAR, H.; BÅRSTRÖM, L.O.; FRÖJELIN, M.; KNUTSSON, A.; TELUK, C.; PAULSSON, M. Effects of animal selection on milk composition and processability. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 4589-4603, 2009.

GONÇALVES, T.M.; MARTINEZ, M.L.; MILAGRES, J.C. Curva de lactação na raça Gir: escolha da função de melhor ajuste. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 25, p. 616-626, 1996.

GONZÁLEZ, F.H.D; DÜRR, J.W; FONTANELI, R.S. Uso do leite para monitorar a nutrição e o metabolismo de vacas leiteiras. Porto Alegre, 2001. Disponível em: <<http://www.lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/26656/000308502.pdf?sequence=1>>. Acesso em: 11 fev.2013.

GROENEVELD, E.; KOVAC, M.; MIELENZ, N. **VCE**: user`s guide and reference manual. Version 6.0. 2008. 125 p. Disponível em: <<ftp://ftp.tzv.fal.de/pub/vce6/doc/vce6-manual-3.1-A4.pdf>>. Acesso em: 23 abr. 2013.

GRUMMER, R.R. Effect of feed on the composition of milk fat. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 74, p. 3244-3257, 1991.

HAILE-MARIAM, M.; GODDARD, M.E.; BOWMAN, P.J. Estimates of genetic parameters for daily somatic cell count of Australian dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 84, p. 1255–1264, 2001.

HAMMAMI, H.; REKIK, B.; SOYEURT, H.; BEN GARA, A.; GENGLER, N. Genetic parameters for Tunisian Holsteins using a test-day random regression model. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 2118-2126, 2008.

HAUG, A.; HØSTMARK, A.T.; HARSTAD, O.M. Bovine milk in human nutrition-A review. **Lipids in Health and Disease**, London, v. 6, p. 25-40, 2007.

HAYES, K.C.; KHOSLA, D.R. Dietary fatty acid thresholds and cholesterolemia. **FASEB Journal**, Bathesda, v.6, p. 2600-2607, 1992.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P.D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, Hanover, v. 31, p. 1109–1144, 1983.

HILL, W.G.; BROTHERSTONE, S. Advances in methodology for utilizing sequential records. **British Society of Animal Science**, Scotland Midlothian, v. 24, p. 55– 61. 1999.

HORTET, P.; BEAUDEAU, F.; SEEGER, H.; FOURICHON, C. Reduction in milk yield associated with somatic cell counts up to 600.000 cells/mL in French Holsteins cows without clinical mastitis. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 61, p. 33-42, 1999.

IP, C.; BANN, S.; ANGIONI, E.; CARTO, G.; MCGINLEY, J.; THOMPSON, H. J.; BARBARO, D.; BAUMAN, D. Conjugated linoleic acid enriched butter fat alters mammary gland morphogenesis and reduces cancer risk in rats. **Journal of Nutrition**, Bethesda, v.129, n.12, p.2135-2142,1999.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 80, p. 1217-1226, 1997.

JENKINS, T.C.; MCGUIRE, M.A. Major advances in nutrition: Impact on milk composition. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 89, p. 1302-1310, 2006.

JENSEN, J. Genetic evaluation of dairy cattle using test day models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 84, p. 2803-2812, 2001.

KASS, R.E.; WASSERMAN, L. The selection of prior distributions by formal rules. **Journal of the American Statistical Association**, Alexandria, v. 91, p. 1343-1370, 1996.

KAYLEGIAN, K.E.; DWYER, D.A.; LYNCH, J.M.; BAUMAN, D.E.; FLEMING, J.R.; BARBANO, D.M. Impact of fatty acid composition on the accuracy of mid-infrared fat analysis of farm milks. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 2502-2513, 2009.

KELSEY, J.A. CORL, B.A.; COLLIER, R.J.; BAUMAN, D.E. The effect of breed, parity and stage of lactation on conjugated linoleic acid (CLA) in milk fat from dairy cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, p. 2588–2597, 2003.

KGWATALALA, P.M.; IBEAGHA-AWEMU, E.M.; MUSTAFA, A.F.; ZHAO, X. **Influence of stearoyl-coenzyme A desaturase 1 genotype and stage of lactation on fatty acid composition of Canadian Jersey cows. Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 1220-1228, 2009.

KHABAT, K.; SADEGH, A.; LUDMILA, Z.; ABBAS, R.S.; GHOLAMALI, M. Estimation of genetic parameters for daily milk yields of primiparous Iranian Holstein cows. **Archiv Tierzucht**, Dummerstorf, v. 56, p. 1-12, 2013.

KHANAL, R.C.; DHIMAN, T.R. Biosynthesis of conjugated linoleic acid (CLA): a review. **Pakistan Journal of Nutrition**, Lahore, v. 3, n. 2, p.72-81, 2004.

KINGHORN, B.; WERF, J. VAN DER; RYAN, M. **Melhoramento animal: uso de novas tecnologias**. Piracicaba: FEALQ, 2006. 367p.

KIRKPATRICK, M.; HILL, W.G.; THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and ageing, illustrated with lactations in dairy cattle. **Genetic Research**, Pittsburgh, v. 64, p. 57-69, 1994.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, Austin, v. 24, p. 979-993, 1990.

KITCHEN, B.J. Reviews of the progress of dairy science: Milk compositional changes and related diagnostic tests. **Journal of Dairy Research**, Cambridge, v. 48, p.167-188, 1981.

KRAMER, J.K.C.; FELLNER, V.; DUGAN, M.E.R.; SAUER, F.D.; MOSSOBIA, M.M.; YURAWECZ, M.P. Evaluating acid and base catalysts in the methylation of milk and rumen fatty acids with special emphasis on conjugated dienes and total trans fatty acids. **Lipids**, Heidelberg, v. 32, p. 1219-1228, 1997.

KROMHOUT, D.; MENOTTI, A.; KESTLELOOT, H.; SANS, S. Prevention of coronary heart disease by diet and lifestyle: Evidence from prospective cross-cultural, cohort, and interventional studies. **SRDS Circulation**, Des Plaines, v. 105, p. 893–898, 2002.

LAGGER, J.R.; MATA, H.T.; PECHIN, G.H.; LARREA, A.T.; OTROSKY, R.N.; CESAN, R.O.; CAIMIER, A.G.; MEGLIA, G.E. La importancia de la calidad del agua en producción lechera. **Veterinaria Argentina**, Buenos Aires, v.27, n.165, p.346-354, 2000.

LIDAUER, M.; MÄNTYSAARI, E.A.; STRANDÉN, I.; PÖSÖ, J. Multiple- trait random regression test-day model for all lactations. Proc. Int. Workshop on Genetic improvement of functional traits in cattle. **Interbull Bull**, v. 25, p. 81-86, 2000. Disponível em: <<http://www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin16/Jamrozik.pdf>>. Acesso em: 04 mai. 2013.

LIMA, U.A. **Matérias-primas dos alimentos**. pt2:Origem animal. São Paulo: Editora Edgard Blucher, 2010.400p.

LIU, Y.X.; ZHANG, J.; SCHAEFFER, L.R.; YANG, R.Q.; ZHANG, W.L. Short communication: optimal random regression models for milk production in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 89, p. 2233-2235, 2006.

LÓPEZ-ROMERO, P.; CARABAÑO, M.J. Comparing alternative random regression models to analyse first-lactation daily milk yield data in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 82, p. 81–86, 2003.

LUNN, D.J.; THOMAS, A.; BEST, N.; PIEGELHALTER, D. WinBUGS - a Bayesian modeling framework: concepts, structure, and extensibility. **Statistics and Computing**, New York, v. 10, p. 325-337, 2000.

MACDONALD, H. B. Conjugated linoleic acid and disease prevention: A review of current knowledge. **American College of Nutrition**, Clearwater, v. 19, p. 111-118, 2000.

MACHADO, P.F. **Fisiologia da lactação**. Piracicaba: ESALQ-USP, 1999. 174p.

MACHADO, P.F.; PEREIRA, A.R.; SARRÍES, G.A. Composição do leite de tanques de rebanhos brasileiros distribuídos segundo sua contagem de células somáticas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, p. 1883-1886, 2000.

MADAD, M.; HOSSEIN-ZADEH, N.G.; SHADPARVAR, A.A.; KIANZAD, D. Random regression models to estimate genetic parameters for test-day milk yield and composition in Iranian buffaloes. **Archiv Tierzucht**, Dummerstorf, v. 56, p. 1-14, 2013.

[MAPA] MINISTÉRIO DA AGRICULTURA. **Instrução Normativa n.51 de 18 de setembro de 2002**. Disponível em: <<http://pucrs.campus2.br/~thompson/InstrucaoNormativa51.pdf>>. Acesso em: 18 mai. 2012.

MARQUES, D.C. **Criação de bovinos**, 7th ed. Belo Horizonte:CVP Consultoria Veterinária e Publicações, 2003. 586p.

MARTINS, A.M.; SILVESTRE, A.M.; PETIM-BATISTA, M.F.; COLAÇO, J.A. Somatic cell score genetic parameter estimates of dairy cattle in Portugal using fractional polynomials. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 89, p. 1281-1285, 2011.

MELE, M.; DAL ZOTTO, R.; CASSANDRO, M.; CONTE, G.; SERRA, A.; BUCCIONI, A.; BITTANTE, G.; SECCHIARI, P. Genetic parameters for conjugated linoleic acid, selected milk fatty acids, and milk fatty acid unsaturation of Italian Holstein-Friesian cows. **Journal Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 392-400, 2009.

MENÉNDEZ-BUXADERA, A.; MOLINA, A.; ARREBOLA, F.; GIL, M.J.; SERRADILLA, J.M. Random regression analysis of milk yield and milk composition in the first and second lactations of Murciano-Granadina goats. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 93, p. 2718-2726, 2010.

MENSINK, R.P.; ZOCK, P.L.; KESTER, A.D.; KATAN, M.B. Effects of dietary fatty acids and carbohydrates on the ration of serum total to HDL cholesterol and on serum lipids and apolipoproteins: A meta-analysis of 60 controlled trials. **The American Journal of Clinical Nutrition**, Bathesda, v. 77, p. 1146-1155, 2003.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 30, p. 221-249, 1998.

_____. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for post weaning growth and mature weight of beef cow. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 116, p.181-205, 1999.

_____. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 65, p. 19-38, 2000.

MEYER, K. WOMBAT: digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS GENETICS APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** (Communication, 27-14).

MEYER, K., HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 47, p.185-200, 1997.

MISZTAL, I.; STRABEL, T.; JAMROZIK, J.; MANTYSAARI, J.E.A.; MEUWISSEN, T.H. Strategies for estimating the parameters needed for different test day models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 83, p. 1125-1134, 2000.

MRODE, R.A.; SWANSON, G.J.T. Estimation of genetic parameters for somatic cell count in the first three lactations using random regression. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 79, p. 239-247, 2003.

- MUIR, B.L.; KISTEMAKER, G.; JAMROZIK, J.; CANAVESI, F. Genetic parameters for a multiple-trait multiple lactation random regression test-day model in Italian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 1564-1574, 2007.
- NUNEZ-ANTÓN, V.N.; ZIMMERMAN, D.L. Modelling nonstationary longitudinal data. **Biometrics**, Washington, v. 56, p. 699-705, 2000.
- ØDEGÅRD, J.; JENSEN, J.; KLEMETS DAL, G.; MADSEN, P.; HERINGSTAD, B. Genetic analysis of somatic cell score in Norwegian cattle using random regression test-day models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, p. 4103-4114, 2003.
- OLIVEIRA, A.J.; CARUSO, J.G.B. Leite-obtenção e qualidade do produto fluído e derivados. Piracicaba: FEALQ, 1996. 80p.
- OLIVER, S.P.; CALVINHO, L.F. Influence of inflammation in mammary gland metabolism and milk composition. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 73, Supl.2, p. 18-33, 1995.
- OLORI, V.E.; HILL, W.G.; MCGUIRK, B.J. et al. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 61, p. 53-63, 1999.
- ORDÓÑEZ, J.A. **Tecnologia de alimentos**. Porto Alegre: Editora Artmed, 2005. 279 p.
- PALMQUIST, D.L.; BEAULIEU, A.D.; BARBANO, D.M. Feed and animal factors influencing milk fat composition. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 76, p. 1753-1771, 1993.
- PARIZA, M.W.; PARK, Y.; COOK, M.E. Conjugated linoleic acid and the control of cancer and obesity. **Toxicological Sciences**, Oxford, v. 52, Supl.2, p. 107-110, 1999.
- PARIZA, M.W.; ASHOOT, S.H.; CHU, F.S.; LUND, D.B. Effects of temperature and time on mutagen formation in pain fried hamburger. **Cancer Letter**, Amsterdam, v. 7, p. 63-69, 1979.
- PASCAL, G. Les apports quotidiens recommandés en lipides et en acides gras. **Oleagineux Corps Gras Lipides**, Montrouge, v. 3, p. 205-210, 1996.
- PELICIONI, L.C.; ALBUQUERQUE, L.G.; QUEIROZ, S.A. Estimação de componentes de co-variância para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzerá empregando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 38, p. 50-60, 2009.
- PEREIRA, A.R.; PRADA e SILVA, L.F.; MOLON, L.K.; MACHADO, P.F.; BARANCELLI, G. Efeito do nível de células somáticas sobre os constituintes do leite I – gordura e proteína. **Revista Brasileira de Pesquisa Veterinária e Ciência Animal**, São Paulo, v. 36, p. 0-0, 1999.

PHILPOT, W.N.; NICKERSON, S.C. **Vencendo a luta contra a mastite**. São Paulo: Milkbizz, 2002. 188p.

PINHEIRO, A.J.R.; MOSQUIM, M.C.A.V. **Processamento de leite de consumo**. Viçosa: UFV, Departamento de Tecnologia de Alimentos, 1991. 1v.

POLIT, D.F.; HUNGLER, B.P. **Fundamentos de pesquisa em enfermagem**. 3 ed. Porto Alegre: Artes Médicas. 1995. 1v.

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

POOL, M.H.; MEUWISSEN, T.H.E. Reduction of the number of parameters needed for a polynomial random regression test day model. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 64, p. 133-145, 1999.

RAFTERY, A.E.; LEWIS, S.M. Implementing MCMC. In: GILKS, W.R.; D.J. SPIEGELHALTER, D.J.; RICHARDSON, S. (Ed.). **Markov Chain Monte Carlo in Practice**. London: Chapman and Hall, 1996. p. 115-130.

RAFTERY, A.E.; LEWIS, S.M. One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov chain Monte Carlo. **Statistical Science**, Beachwood, v. 7, p. 493-497, 1992.

RIVERA, R.; RUIZ, R.; HEGENAUER, J.; SALTMAN, P.; GREEN, R. Bioavailability of iron and copper supplemented milk for Mexican school children. **American Journal of Clinical Nutrition**, Bethesda, v. 36, p. 1162-1169, 1982.

ROCHE, J.R.; FRIGGENS, N.C.; KAY, J.K.; FISHER, M.W.; STAFFORD, K.J.; BERRY, D.P. Invited review: Body condition score and its association with dairy cow productivity, health, and welfare. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 5769-5801, 2009.

ROMAN, R.M.; WILCOX, C.J. Bivariate animal model estimates of genetic, phenotypic, and environmental correlations for production, reproduction, and somatic cells in Jerseys. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 83, p.829-835, 2000.

RUPP, R.; BOICHARD, D. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits, and milking ease in first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 82, p. 2198-2204, 1999.

RUPP, R.; LAGRIFFOUL, G.; ASTRUC, J.M.; BARILLET, F. Genetic parameters for milk somatic cell scores and relationships with production traits in French laucane dairy sheep. **Journal Dairy Science**, Champaign, v. 86, p. 1476-1481, 2003.

SANTOS, M.V. Efeito da mastite sobre a qualidade do leite e derivados lácteos. In: CONGRESSO PANAMERICANO DE QUALIDADE DO LEITE E CONTROLE DA MASTITE, 2., Ribeirão Preto. **Anais...** Ribeirão Preto: 2002. p.179-188.

SARMENTO, J.L.R. **Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês**. 2007. 101p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

SCHAEFFER, L.R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 86, p. 34-35, 2004.

SCHAEFFER, L.R., DEKKERS, J.C.M. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 15., 1994, Guelph, Ont. **Proceedings...** Guelph, Ont: Canada, 1994. p. 443–446.

SCHAEFFER, L.R., JAMROZIK, J., KISTEMAKER, G.J. & VAN DOORMAAL, B.J. Experience with a test-day model. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 83, p. 1135-1144, 2000.

SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, J. Random regression models: a longitudinal perspective. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 125, p. 145-146, 2008.

SCHENNINK, A.; HECK, J. M.L.; BOVENHUIS, H.; VISKER, M.H.P.W.; van VALENBERG, H.F.; van ARENDONK, J.A.M. Milk fatty acid unsaturation: Genetic parameters and effects of stearoyl-CoA desaturase (SCD1) and acyl CoA:diacylglycerol acyltransferase 1 (DGAT1). **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 2135-2143, 2008.

SCHOPEN, G.C.B.; HECK, J.M.L.; BOVENHUIS, H.; VISKER, M.H.P.W.; van VALENBERG, H.J.F.; van ARENDONK, J.A.M. Genetic parameters for major milk proteins in Dutch Holstein-Friesians. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 1182-1191, 2009.

SHOOK, G.E. Breeding, selection and somatic cell counts: where are we today? In: ANNUAL MEETING NATIONAL MASTITIS COUNCIL, 40., 2001, Reno. **Proceedings...** Madison: National Mastitis Council, 2001. p.113-127.

SHOOK, G.E.; SCHUTZ, M.M. Selection on somatic cell score to improve resistance to mastitis in the United States. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 77, p. 648-658, 1994.

SIEBER, R.; COLLOMB, M.; AESCHIMANN, A.; JELEN, P.; EYER, H. Impact of microbial cultures on conjugated linoleic acid in dairy products-a review. **International Dairy Journal**, Amsterdam, v.14, p.1-15, 2004.

SORENSEN, D.; GIANOLA, D. **Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics**. Springer-Verlag, London, UK. 2002. 740p.

SOYEURT H.; DEHARENG, F.; MAYERES, P.; BERTOZZI, C.; GENGLER, N. Genetic parameters of saturated and monounsaturated fatty acid content and the ratio of saturated to unsaturated fatty acids in bovine milk. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.91, p.3611-3626, 2008.

SOYEURT, H.; DARDENNE, P.; DEHARENG, F.; LOGNAY, G.; VESELKO, D.; MARLIER, M.; BERTOZZI, C.; MAYERES, P.; GENGLER, N. Estimating fatty acid content in cow milk using mid-infrared spectrometry. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 89, p. 3690-3695, 2006.

SOYEURT, H.; GILLON, A.; VANDERICK, S.; MAYERES, P.; BERTOZZI, C.; GENGLER, N. Estimation of heritability and genetic correlations for the major fatty acids in bovine milk. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 4435-4442, 2007.

SPIEGELHALTER, D.J.; BEST, N.G.; VAN DER LINDE, A. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B**, Malden, v. 64, p. 583–639, 2002.

STOOP, W.M.; BOVENHUIS, H.; HECK, J.M.L.; VAN ARENDONK, J.A.M. Effect of lactation stage and energy status on milk fat composition of Holstein-Friesian cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 1469–1478, 2009.

STOOP, W.M.; VAN ARENDONK, J.A.M.; HECK, J.M.L.; VAN VALENBERG, H.J.F.; BOVENHUIS H. Genetic parameters for major fatty acids and milk production traits of Dutch Holstein-Friesians. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 385-394, 2008.

STRABEL, T.; MISZTAL, I. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of Polish black and white cattle with random regression “test-day” models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.82, n.12, p. 2805-2810, 1999.

SUTTON, J.D. Altering milk composition by feeding. **Journal of Dairy Science**, Savoy, v. 72, p. 2801-2814, 1989.

SWALVE, H.H. The effects of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy production traits. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 78, p. 929, 1995.

VAN KNEGSEL, A.T.M.; VAN DEN BRAND, H.; DIJKSTRA, J.; VAN STRAALLEN, W.M.; HEETKAMP, M.J.W.; TAMMINGA, S.; KEMP, B. Dietary energy source in dairy cows in early lactation: Energy partitioning and milk composition. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 1467–1476, 2007.

VEERKAMP, R.F.; GODDARD, M.E. Covariance functions across herd production levels for test day records on milk, fat, and protein yields. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 81, p. 1690–1701, 1998.

VERNEQUE, R.S.; PEIXOTO, M.G.C.D.; PEREIRA, M.C.; Machado, M.A.; GUIMARÃES, M.F.M.; SILVA, M.V.G.B. Melhoramento genético de gado de leite. In: VIII SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, Maringá, 2010.

Anais... Maringá: SBMA, 2010. Disponível em: <<http://sbmaonline.org.br/anais/viii/palestras/pdfs/7.pdf>>. Acesso em: 05 mai. 2013.

WATTIAUX, M.A. **Secreção do leite no úbere da vaca de leite. Instituto Babcock para pesquisa e desenvolvimento da pecuária leiteira Internacional. Wisconsin-Madison.** Disponível em:

<http://babcock.wisc.edu/sites/default/files/de/pt/de_20.pt.pdf>. Acesso em: 20 jan. 2013.

WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models. **Communications in Statistics - Simulation**, Abingdon, v.22,p.1079-1106, 1993.

ZAMPAR, A. **Modelos de regressão aleatória para características de qualidade de leite bovino.** 2012. 51p. Tese (Doutorado em Ciência Animal e Pastagens) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2012.

ZHU, L.; CARLIN, B.P. Comparing hierarchical models for spatio-temporally misaligned data using the deviance information criterion. **Statistics in Medicine**, Malden, v. 19, p. 2265-2278, 2000.
