

XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

Modelos de regressão aleatória para a habilidade de permanência no rebanho em partos consecutivos na raça Tabapuã

Diogo Osmar Silva¹, Mário Luiz Santana Junior², Denise Rocha Ayres², Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes³, Luiz Otávio Campos da Silva³, Rodrigo Junqueira Pereira²

¹ Graduação em Zootecnia – Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), Campus Universitário de Rondonópolis/UFMT, Rondonópolis – MT. Bolsista do CNPq. e-mail: diogoosmarsilva@hotmail.com

² Curso de Zootecnia – Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), Campus Universitário de Rondonópolis/UFMT, Rondonópolis – MT. e-mail: 10mario@gmail.com; d.ayres@ig.com.br; rodjunper@gmail.com

³ Pesquisador – Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte – Embrapa, Campo Grande – MS. e-mail: gilberto.menezes@embrapa.br; luizotavio.silva@embrapa.br

Resumo: Com o objetivo de comparar modelos de regressão aleatória para o ajuste da habilidade de permanência no rebanho (HPR), utilizaram-se 452.868 registros de HPR em partos consecutivos de 75.193 vacas da raça Tabapuã. Foram comparados modelos cujos efeitos aleatórios de grupo contemporâneo, genético-aditivo e de ambiente permanente foram modelados por polinômios ortogonais de Legendre com ordens variando entre 1 e 4. Foi considerada uma estrutura de variâncias residuais heterogênea, sendo uma variância para cada parto. Os valores de correlação entre os fenótipos preditos com o respectivo modelo e os fenótipos observados e a média dos valores absolutos dos resíduos melhoraram com o incremento da ordem dos polinômios. No entanto, o modelo que apresentava quatro coeficientes de regressão (cúbico) para cada efeito aleatório mostrou-se o mais adequado de acordo com o Critério de Informação da Deviance (DIC). Para este modelo, as herdabilidades foram baixas e variaram entre 0,04 e 0,09, sendo superiores para a HPR dos partos 5 ao 8. As correlações genéticas entre HPR foram altas e variaram entre 0,79 e 0,94, decrescendo com o distanciamento entre os partos. A metodologia de regressão aleatória pode ser utilizada para o ajuste e avaliação genética da HPR em partos consecutivos para a raça Tabapuã, sendo o modelo que utiliza polinômios ortogonais de Legendre cúbicos para cada efeito aleatório o mais adequado.

Palavras-chave: características reprodutivas, polinômio de Legendre, stayability

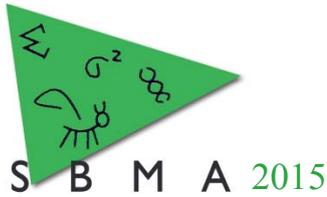
Random regression models to stayability to consecutive calvings of Tabapuã cattle

Abstract: In order to compare random regression models to fit stayability to consecutive calvings records, 452,868 phenotypes from 75,193 Tabapuã cows were used. Random effects of contemporary group, additive genetic and permanent environmental were modeled by orthogonal Legendre polynomials with orders ranging between 1 and 4. A heterogeneous residual variance structure was considered, with one variance component for each calving. The values for correlation between predicted and observed phenotypes and average of absolute values of residuals improved with the increase in the order of polynomials. However, the model with four regression coefficients (cubic) for each random effect was the most appropriate according to the Deviance Information Criterion (DIC). For this model, the heritabilities were low, ranged from 0.04 to 0.09, and were higher for stayability to calvings 5 to 8. The genetic correlations between stayability to different calvings were high and ranged from 0.79 to 0.94, decreasing with time span between calvings. The random regression methodology can be used for fitting and genetic evaluation of stayability to consecutive calvings records from Tabapuã breed and the model that fits cubic orthogonal Legendre polynomials for each random effect is the most suitable.

Keywords: Legendre polynomial, reproductive traits, stayability

Introdução

Vacas que permanecem produzindo por mais tempo no rebanho permitem o incremento da produtividade do mesmo por meio do decréscimo na necessidade e custo de reposição, menor dificuldade de parto e maior quantidade de bezerros de maior peso para a venda. Jamrozik et al. (2013) propuseram o uso de um modelo de regressão aleatória para a avaliação da HPR em partos consecutivos e demonstraram sua aplicação utilizando dados da raça Simental do Canadá. Dentre as vantagens de tal metodologia pode ser destacada a predição de valores genéticos para HPR para cada ponto dessa trajetória (Jamrozik et al., 2013). Jamrozik et al. (2013) compararam modelos de regressão aleatória lineares e de limiar para o ajuste



XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

da HPR em partos consecutivos e concluíram que um modelo linear com polinômios de Legendre cúbicos foi o de melhor qualidade de ajuste. Assim, este estudo foi realizado com a finalidade de comparar diferentes modelos lineares de regressão aleatória para o ajuste da HPR em partos consecutivos de vacas da raça Tabapuã.

Material e Métodos

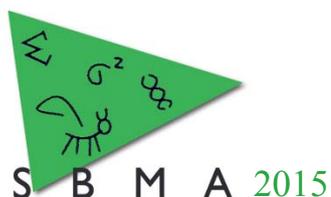
A análise foi realizada com as informações referentes à raça Tabapuã provenientes do Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Corte, gerenciado pela Embrapa Gado de Corte. O banco inicialmente era composto por 469.228 registros de nascimento. A característica estudada foi a HPR em partos consecutivos dado que a vaca pariu pela primeira vez até os 60 meses de idade. As seguintes consistências foram realizadas para inclusão das vacas no estudo: idade ao primeiro parto entre 20 e 60 meses; idade ao parto entre 20 e 240 meses; intervalo de partos entre 305 a 820 dias. Feitas estas consistências, verificou-se que seria desejável o uso das informações até o oitavo parto por acumular um maior número relativo de dados. Os fenótipos foram gerados observando se a fêmea atendia às condições acima e se teve oportunidade de permanecer no rebanho até determinado parto, sendo que cada vaca poderia ter até sete observações repetidas (permanência ou não até o parto 2, 3, ... e 8). Estabeleceu-se o valor fenotípico 1 (sucesso) para fêmeas que tiveram o respectivo parto e 0 (fracasso) para aquelas que tiveram a oportunidade e, no entanto, não pariram. Para as fêmeas em que não se tinha registro do próximo parto até a data do registro de parto mais recentes do banco de dados e desde que o intervalo entre o último parto e tal data fosse menor ou igual a 820 dias, os fenótipos seguintes foram considerados como observações perdidas. Mais detalhes sobre o processo de geração dos fenótipos podem ser encontrados em Jamrozik et al. (2013). Após a geração de fenótipos, o banco possuía 452.868 observações referentes a 75.193 fêmeas. As análises foram realizadas por Inferência Bayesiana utilizando-se o programa GIBBS3F90 (Misztal, 2014). Foram comparados modelos de regressão aleatória para o ajuste da HPR no intervalo do segundo ao oitavo parto. O modelo utilizado foi:

$$y_{ijklt} = AE_{it} + IPP_{jt} + \sum_{m=1}^o \beta_{km} \varphi_{mt} + \sum_{m=1}^o \alpha_{lm} \varphi_{mt} + \sum_{m=1}^o \delta_{lm} \varphi_{mt} + \varepsilon_{ijklt},$$

em que: y_{ijklt} é o fenótipo para HPR da vaca l no parto t ; AE_{it} é o efeito sistemático da subclasse ano-estação de nascimento i no parto t ; IPP_{jt} é o efeito sistemático da classe de idade ao primeiro parto j no parto t ; β_{km} são os coeficientes de regressão para o efeito de cada grupo contemporâneo k ; α_{lm} e δ_{lm} são os coeficientes de regressão para os efeitos genético-aditivo e de ambiente permanente de cada vaca l ; φ_{mt} são as covariáveis dos polinômios de Legendre para cada coeficiente de regressão no parto t ; o é o número de coeficientes de regressão do polinômio de Legendre utilizado e ε_{ijklt} é o erro aleatório associado à observação. Foram ajustados modelos de regressão aleatória utilizando polinômios ortogonais de Legendre de ordens variando entre 1 e 4 (2 a 5 coeficientes, respectivamente) sendo que para cada análise a mesma ordem era utilizada para os efeitos genético-aditivo, grupo contemporâneo e ambiente permanente. Foi considerada uma estrutura de variâncias residuais heterogênea, sendo um componente de variância residual para cada parto. Para a estimação de parâmetros genéticos, para cada modelo, foi gerada uma cadeia com 300.000 amostras. O *burn-in* utilizado foi de 30.000 amostras e o intervalo de descarte amostral foi igual a 10. A convergência foi monitorada pela inspeção gráfica das amostras \times iterações. Para a comparação dos modelos foram utilizados os seguintes critérios: correlação (R) entre o fenótipo predito com o respectivo modelo e o fenótipo observado, a média dos valores absolutos dos resíduos (RES) e Critério de Informação da Deviance (DIC) como proposto por Spiegelhalter et. al. (2002).

Resultados e Discussão

A HPR média foi de 73%, 56%, 43%, 32%, 23%, 16% e 11% para o segundo, terceiro, quarto, quinto, sexto, sétimo e oitavo parto, respectivamente. Os valores de R e RES melhoraram com o aumento na ordem dos polinômios indicando um incremento na qualidade de ajuste dos modelos (Tabela 1). No entanto, o incremento da ordem dos polinômios utilizados no modelo acarreta uma maior parametrização do mesmo, tornando-o mais complexo. Por este motivo, também foi feita a comparação dos modelos utilizando o DIC, um critério que considera a qualidade de ajuste, mas que também penaliza a maior



XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

parametrização provocada pelo incremento nas ordens dos polinômios. Utilizando como critério o DIC, o modelo que apresentava quatro coeficientes de regressão (cúbico) para cada efeito aleatório mostrou-se o mais adequado para a característica estudada (Tabela 1). Jamrozik et al. (2013), trabalhando com dados da raça Simental no Canadá, também recomendaram como o mais adequado um modelo onde as regressões aleatórias para os efeitos de grupo contemporâneo, genético-aditivo e de ambiente permanente foram modeladas por polinômios ortogonais de Legendre cúbicos.

Tabela 1. Número de coeficientes de regressão (k) para os efeitos aleatórios de grupo contemporâneo, genético-aditivo e de ambiente permanente, número de parâmetros (p), correlação entre o fenótipo predito com o respectivo modelo e o fenótipo observado (R), média dos valores absolutos dos resíduos (RES) e Critério de Informação da Deviance (DIC) para os modelos.

Modelo	k	p	R	RES	DIC
LEG222	2	16	0,928	0,033	4.153.171
LEG333	3	25	0,958	0,019	3.987.254
LEG444	4	37	0,975	0,012	3.590.155
LEG555	5	52	0,986	0,006	3.755.741

Utilizando-se o modelo escolhido pelo critério DIC, foram obtidas as estimativas de herdabilidade e correlação para a HPR em cada parto estudado. As estimativas médias *a posteriori* das herdabilidades para a HPR em cada parto variaram entre 0,04 e 0,09, sendo superiores para os partos 5 ao 8, tendo comportamento crescente. Para a raça Simental no Canadá, Jamrozik et al. (2013) encontraram valores de magnitude superior (0,12 a 0,36) e decrescentes do 2º ao 8º parto. Utilizando a definição tradicional de HPR (sucesso quando a vaca permanece no rebanho até a idade de 6 anos dado que ela teve a oportunidade de acasalar e parir regularmente até essa idade), Santana Jr. et al. (2015) reportaram estimativa de herdabilidade de 0,11 para a raça Nelore. As estimativas médias *a posteriori* das correlações genéticas entre as HPR foram altas, decrescendo com o distanciamento entre os partos, variando entre 0,79 e 0,94. Magnitudes e comportamento semelhantes para as correlações genéticas foram observados por Jamrozik et al. (2013). Mesmo para os partos mais distantes, o segundo e o oitavo, as HPR apresentaram uma correlação genética alta (0,79), indicando que a HPR até o segundo parto é um bom indicador da HPR nos partos posteriores e, portanto, a seleção pode ser realizada no segundo parto (mesmo que a herdabilidade seja menor), diminuindo o intervalo de gerações e aumentando o ganho genético.

Conclusões

A metodologia de regressão aleatória pode ser utilizada para o ajuste e avaliação genética da característica habilidade de permanência no rebanho em partos consecutivos para a raça Tabapuã, sendo o modelo que utiliza polinômios ortogonais de Legendre cúbicos (quatro coeficientes) para cada efeito aleatório o mais adequado.

Literatura citada

- Jamrozik, J.; McGrath, S.; Kemp, R. A. and Miller, S. P. 2013. Estimates of genetic parameters for stayability to consecutive calvings of Canadian Simmentals by random regression models. *Journal of Animal Science* 91:3634-3643.
- Misztal, I. BLUPF90 Manual. 2014. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>> Acesso em 05/12/2014.
- Santana Jr., M. L.; Eler, J. P.; Bignardi, A. B. and Ferraz, J. B. S. 2015. Two-trait random regression model to estimate the genetic association of scrotal circumference with female reproductive performance in Nelore cattle. *Theriogenology*, 83:1534-1540.
- Spiegelhalter, D. J.; Best, N. G.; Carlin, B. P. and Van Der Linde, A. 2002. Bayesian measures of model complexity and fit. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B. Statistical Methodology* 64:583-639.