

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

Modelos de regressão aleatória utilizando *splines* lineares para o ajuste de pesos de bovinos Nelore

Rodrigo Junqueira Pereira¹, Mário Luiz Santana Júnior¹, Denise Rocha Ayres¹, Annaiza Braga Bignardi¹,
Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes², Luiz Antônio Josahkian³

¹ Curso de Zootecnia – Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), Campus Universitário de Rondonópolis/UFMT, Rondonópolis – MT. e-mail: rodjunper@gmail.com; 10mario@gmail.com; d.ayres@ig.com.br; annaizabb@hotmail.com

² Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte – Embrapa, Campo Grande – MS. e-mail: gilberto.menezes@embrapa.br

³ Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), Uberaba – MG. E-mail: abczsut@abcz.org.br

Resumo: Com o objetivo de comparar modelos de regressão aleatória (MRA) utilizando *splines* lineares para o ajuste dos pesos do nascimento aos 630 dias de idade, foram utilizados 385.200 registros fenotípicos de 67.940 animais da raça Nelore. Foram ajustados MRA utilizando *splines* lineares com nós posicionados em diferentes idades, sendo que para cada modelo as mesmas posições dos nós foram utilizadas para todos os efeitos. As estimativas das herdabilidades para o efeito genético-aditivo direto variaram entre 0,15 e 0,30 e foram superiores para idades próximas aos 630 dias. As estimativas das herdabilidades para o efeito genético-aditivo materno variaram entre 0,05 e 0,14 e foram superiores para idades anteriores à da desmama. As estimativas das correlações genético-aditivas diretas foram próximas à unidade para pesos em idades adjacentes, decrescendo para valores em torno 0,11 com distanciamento entre as idades. Mesmo comportamento foi observado para as correlações genético-aditivas maternas, com estimativas variando entre 0,08 e 1. De acordo com os critérios utilizados na comparação dos modelos (DIC, BIC e AICc), aquele modelo com 6 nós posicionados nas idades 0, 120, 205, 365, 450 e 630 dias e 5 segmentos, foi o que melhor se ajustou aos dados de peso do nascimento aos 630 dias de idade da raça Nelore no Brasil.

Palavras-chave: curva de crescimento, desempenho, zebuínos

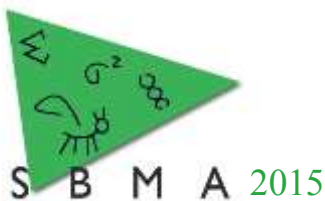
Random regression models using linear splines to fit weight of Nellore cattle

Abstract: In order to compare random regression models (RRM) using linear splines to fit weights from birth to 630 days of age, 385,200 phenotypic records from 67,940 Nellore cattle were used. The RRM were modeled using linear splines with knots positioned at different ages, where in each model the same positions of the knots were used for all effects. Estimates of heritability for the direct genetic-additive effect ranged from 0.15 to 0.30 and were higher for weights close to about 630 days. Estimates of heritability for maternal genetic-additive effect ranged from 0.05 to 0.14 and were higher to earlier ages at weaning. Estimates of direct genetic-additive correlations were close to the unit for weights in adjacent ages, decreasing to values around 0.11 with time span between ages. The same behavior was observed for maternal genetic-additive correlations, with estimates ranging from 0.08 to 1. According to the criteria used in comparing models (DIC, BIC and AICc), the model with 6 knots positioned at ages 0, 120, 205, 365, 450 and 630 days and 5 segments, was the best to fit data from birth to 630 days of age to Nellore cattle in Brazil.

Keywords: growth curve, performance, zebu

Introdução

Nos animais, ocorre um acúmulo contínuo (mas não linear) de massa corporal do nascimento até a idade adulta, o qual pode ser representado graficamente pela curva de crescimento do animal. Apesar deste caráter contínuo, no geral, os programas de melhoramento genético utilizam pesos ajustados às idades-padrão, formando classes arbitrárias de idades, e as avaliações genéticas são então realizadas por meio de análises multi-características ou ainda, no caso da maioria dos programas de melhoramento no Brasil, por análises bi-características. Ao serem escolhidas as idades-padrão, somente um registro por idade e por animal é utilizado. Adicionalmente, caso o animal tenha um registro de peso a uma idade que não esteja dentro do intervalo de idade aceitável estabelecido, esse registro é desconsiderado e o animal ficará sem informação para esta característica. O principal problema decorrente de tais práticas é a perda de informações para a avaliação genética e consequentemente a predição de valores genéticos com menor acurácia. Os modelos de regressão aleatória para a avaliação genética do peso apresentam uma série de vantagens em relação aos modelos tradicionais, dentre as quais se destacam o incremento da acurácia na



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

avaliação dos indivíduos, já que toda a informação disponível para cada animal é utilizada, e a ausência da necessidade de criar classes de idades ou de utilizar fatores de ajuste para peso em uma determinada idade. Assim, objetivou-se com este estudo comparar modelos de regressão aleatória utilizando *splines* lineares para o ajuste dos pesos do nascimento aos 630 dias de idade de bovinos da raça Nelore do Brasil.

Material e Métodos

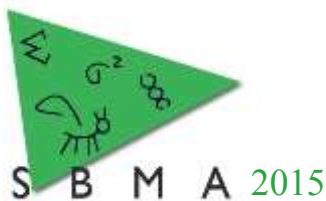
O banco de dados utilizado foi disponibilizado pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e incluiu todos os registros de peso e genealógicos da raça Nelore coletados entre os anos de 1919 e 2012. Os registros genealógicos e fenótipos passaram por consistências tendo em vista a eliminação de possíveis erros. Foram utilizados pesos do nascimento aos 630 dias de idade. Os grupos contemporâneos foram formados por animais nascidos no mesmo rebanho, ano e mês, do mesmo sexo, do mesmo grupo de idade à pesagem (classes de 30 dias de idade) e mesmo regime alimentar. Foram definidos três regimes alimentares (a pasto; semi-confinado e confinado). Para a estimação de parâmetros genéticos com maior acurácia as seguintes restrições foram impostas quanto à inclusão de um animal na análise: peso dentro do intervalo média do grupo contemporâneo ± 4 desvios-padrão; no mínimo 5 pesagens; grupo contemporâneo com no mínimo 15 animais. Após as consistências, foram utilizados 385.200 registros de peso de 67.940 animais. O arquivo de genealogia incluiu 257.629 animais. O modelo estatístico geral foi:

$$y_{ijklmd} = GC_i + IM_j + \sum_{o=1}^c \beta_{ko} \varphi_{od} + \sum_{o=1}^c \alpha_{lo} \varphi_{od} + \sum_{o=1}^c \delta_{lo} \varphi_{od} + \sum_{o=1}^c \theta_{mo} \varphi_{od} + \sum_{o=1}^c \omega_{mo} \varphi_{od} + \varepsilon_{ijklmd}$$

em que: y_{ijklmd} é o peso do animal l na idade d ; GC_i é o efeito sistemático do grupo contemporâneo i ; IM_j é o efeito sistemático da classe j de idade da mãe ao parto (23-34; 35-46; ...; 227-240 meses) de acordo com a classe de idade do animal l (classes de 30 dias); β_{ko} são os coeficientes de regressão para o efeito de sexo k ; α_{lo} , δ_{lo} , θ_{mo} e ω_{mo} são os coeficientes de regressão para os efeitos genético-aditivo direto, de ambiente permanente do animal, genético-aditivo materno e de ambiente permanente materno; φ_{od} são as covariáveis dos polinômios para cada coeficiente de regressão na idade d ; c é o número de coeficientes de regressão utilizado e ε_{ijklmd} é o erro aleatório associado à observação. Foram ajustados modelos de regressão aleatória utilizando *splines* lineares com nós posicionados em diferentes idades, sendo que para cada modelo as mesmas posições dos nós foram utilizadas para todos os efeitos: M1, nós {0, 205, 450, 630}; M2, nós {0, 205, 365, 630}; M3, nós {0, 120, 205, 450, 630}; M4, nós {0, 205, 365, 485, 630}; M5, nós {0, 120, 205, 365, 450, 630}. Foi considerada uma estrutura de variâncias residuais heterogênea com 16 classes, sendo um componente de variância residual para cada classe de idade: 0-29, 30-59, ..., 300-359, 360-419, ..., 600-630. 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: $-2 \ln[\text{Densidade Marginal a posteriori}]$ ($-2 \ln \text{DMP}$); critérios de informação da Deviance (DIC), de Akaike corrigido para o tamanho amostral (AICc), como proposto por Burnham & Anderson (2004) e Bayesiano de Schwarz (BIC).

Resultados e Discussão

De acordo com o critério $-2 \ln \text{DMP}$, o modelo M5, com 6 nós posicionados nas idades 0, 120, 205, 365, 450 e 630 dias e 5 segmentos, foi o que melhor se ajustou aos dados (Tabela 1). Este foi o modelo mais parametrizado dentre os avaliados. De acordo com os critérios DIC, BIC e AICc (Tabela 1), os quais além de considerar a qualidade de ajuste também penalizam o aumento na parametrização dos modelos, M5 ainda seria o modelo mais adequado para os dados. Utilizando o modelo escolhido (M5), foram obtidas as estimativas de herdabilidade e de correlações genéticas. As estimativas médias *a posteriori* das herdabilidades para o efeito genético-aditivo direto variaram entre 0,15 e 0,30 e foram superiores para pesos em idades próximas aos 630 dias (Figura 1). Com comportamento oposto, as estimativas médias *a posteriori* das herdabilidades para o efeito genético-aditivo materno variaram entre 0,05 e 0,14 e foram superiores para pesos em idades anteriores à da desmama (Figura 1). As estimativas médias *a posteriori* para as correlações genético-aditivas diretas foram próximas à unidade para pesos em idades adjacentes, decrescendo para valores em torno 0,11 com distanciamento entre as idades. Mesmo



comportamento foi observado para as correlações genético-aditivas maternas, com estimativas médias *a posteriori* variando entre 0,08 e 1. A estimativa de correlação genético-aditiva direta entre os pesos aos 365 e 630 dias de idade foi 0,90 (Figura 1) sugerindo que o valor genético aos 365 dias é um bom indicador do potencial genético do animal para o peso em idades próximas ao abate (considerando abate por volta dos 24 meses) e que seria possível selecionar os animais já aos 365 dias de idade, antecipando a idade de seleção e reduzindo os custos com pesagens. A estimativa de correlação genético-aditiva materna entre os pesos aos 120 e 205 dias de idade foi 0,96 (Figura 1) sugerindo que o valor genético aos 205 dias é um bom indicador do potencial genético do animal para o peso à fase materna (120 dias) e que seria possível reduzir os custos com pesagens pela eventual eliminação da pesagem aos 120 dias de idade.

Tabela 1. Números de coeficientes de regressão por efeito (c) e de parâmetros (p), posição dos nós (pn), -2.ln da densidade marginal *a posteriori* (-2lnDMP) e critérios de informação da deviance (DIC), bayesiano de Schwarz (BIC) e de Akaike corrigido para o tamanho amostral (AICc)

| Modelo | c | pn | p | -2lnDMP* | DIC* | BIC* | AICc* |
|--------|---|----------------------------|-----|----------|--------|--------|--------|
| M1 | 4 | 0, 205, 450, 630 | 56 | 54.535 | 20.215 | 53.969 | 54.447 |
| M2 | 4 | 0, 205, 365, 630 | 56 | 67.549 | 33.361 | 66.983 | 67.460 |
| M3 | 5 | 0, 120, 205, 450, 630 | 76 | 29.603 | 10.996 | 29.295 | 29.555 |
| M4 | 5 | 0, 205, 365, 485, 630 | 76 | 33.498 | 10.812 | 33.189 | 33.450 |
| M5 | 6 | 0, 120, 205, 365, 450, 630 | 100 | 0 | 0 | 0 | 0 |

* valores expressos como desvios dos “melhores” valores (0)

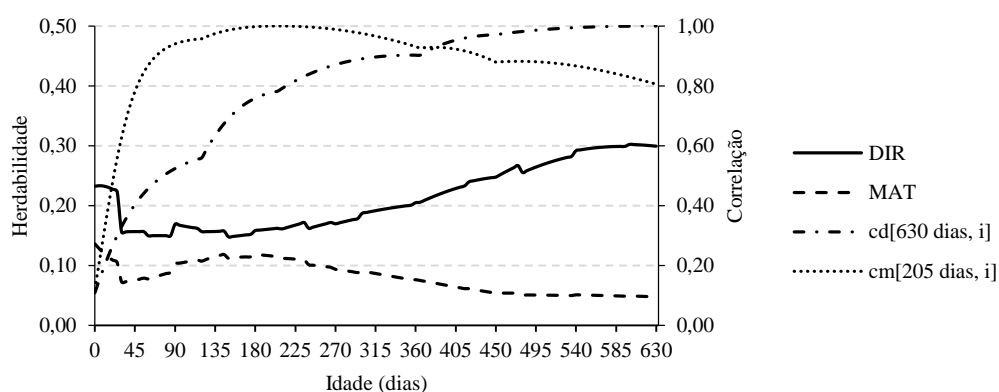


Figura 1. Estimativas de herdabilidades para os efeitos direto (DIR) e materno (MAT) e correlações genético-aditivas para os efeitos direto (cd[630 dias,i]) e materno (cm[205 dias,i]).

Conclusões

Um modelo de regressão aleatória que utiliza *splines* lineares com 6 nós posicionados nas idades 0, 120, 205, 365, 450 e 630 dias e 5 segmentos para os efeitos genético-aditivos direto e materno e de ambiente permanente do animal e materno, se ajusta bem aos registros de pesos do nascimento aos 630 dias de bovinos da raça Nelore no Brasil.

Agradecimentos

À Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), pela concessão do banco de dados.

Literatura citada

- Burnham K. P. and Anderson D. R. 2004. Multimodel inference: understanding AIC and BIC in model selection. *Sociological Methods & Research* 33:261-304.
- Misztal, I.; Tsuruta, S.; Strabel, T.; Auvray, B.; Druet, T. and Lee, D. H. 2002. Blupf90 and related programs. p.19-23. In: *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France.