

### **Avaliação genética multirracial via regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline***

Virgínia Mara Pereira Ribeiro<sup>1</sup>, Fernanda Santos Silva Raidan<sup>1</sup>, Adriane Rafaela Barbosa<sup>1</sup>,  
Larissa Kretli Winkelstroter<sup>1</sup>, Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva<sup>2</sup>, Fabio Luiz Buranelo Toral<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte - MG. email: [virginiamara16@gmail.com](mailto:virginiamara16@gmail.com)

<sup>2</sup>Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora - MG.

**Resumo:** Objetivou-se modelar as variâncias genéticas da idade ao parto, duração da lactação e produção de leite em até 305 dias de vacas mestiças Holandês (H) x Gir (G), de primeiro parto. Um modelo de regressão aleatória foi utilizado para modelar os valores genéticos em função da composição racial dos produtos. Polinômios lineares do tipo *spline*, com três, cinco e sete nós dispostos ao longo da fração de H dos produtos foram utilizados para ajuste da trajetória média e dos valores genéticos. O modelo com sete nós apresentou o melhor ajuste. As variâncias genéticas e as herdabilidades variaram ao longo das frações de H, indicando a possibilidade de diferenças nas mudanças genéticas decorrentes da seleção em cada grupo genético. O modelo utilizado permite ajustar a heterogeneidade de variâncias genéticas e é uma alternativa para avaliação genética em populações multirraciais.

**Palavras-chave:** Gir, Girolando, Holandês, multirracial

### **Multibreed genetic evaluation by random regression using linear splines**

**Abstract:** This work was carried out to model genetic variance for age at first calving, lactation length and 305-day milk yield in the first lactation of crossbred Holstein (H) x Gyr (G) cows. A random regression model was applied to model breeding values according to progeny's breed composition. Linear splines with three, five and seven knots over the breed composition of progeny, expressed as H percentage, were used to model the mean trajectory and breeding values. The model with seven knots fitted better the data than models with three or five knots. The genetic variances and heritabilities varied over the percentage of H in the progeny. Possibly, these results highlight the differences in response to selection for each genetic group. The model presented here allows to fit the genetic heteroskedasticity and might be considered an alternative for multibreed genetic evaluation.

**Keywords:** Gyr, Girolando, Holstein, multibreed

### **Introdução**

O uso crescente de animais cruzados nos sistemas de produção tem suscitado a necessidade de desenvolvimento de metodologias para avaliação genética de populações multirraciais. Neste sentido, modelar corretamente as médias genóticas e as covariâncias genéticas entre parentes é fundamental para a qualidade das avaliações (Lo et al., 1993). O objetivo neste trabalho foi modelar as variâncias genéticas da idade ao parto (IPP), duração da lactação (DLAC) e produção de leite (L305) de vacas mestiças Holandês (H) x Gir (G), de primeiro parto, por meio de um modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline*.

### **Material e Métodos**

Foram utilizados dados de idade ao parto (IPP), duração da lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias de lactação (L305) de 14.389 vacas mestiças Holandês (H) x Gir (G), de primeiro parto. As composições raciais dos produtos (vacas com registros de IPP, DLAC e L305) foram expressas como percentual de alelos de origem da raça H, e variaram de zero (0) H (vacas Gir) até 0,875 H (87,5% de H). Essas vacas eram filhas de touros H, 3/4 H, 5/8 H e G. O número de animais no arquivo de pedigree foi igual a 39.104.

Um modelo de regressão aleatória foi utilizado para modelar os valores genéticos dos animais em função da composição racial de suas filhas. Polinômios lineares do tipo *spline* (Misztal, 2006), com nós dispostos de acordo com a fração de H em cada grupo genético, sendo 0; 0,5; e 0,875 (modelo com 3 nós), 0; 0,25; 0,50; 0,75 e 0,875 (5 nós) ou 0; 0,25; 0,375; 0,50; 0,625; 0,75 e 0,875 (7 nós), foram utilizados para ajuste das variâncias e dos valores genéticos. Conforme demonstrado por Misztal (2006),

quando polinômios lineares do tipo *spline* são utilizados para modelar os efeitos genéticos, as soluções para os coeficientes de regressão aleatória de cada animal já representam os valores genéticos dos animais para cada nó especificado e as variâncias na matriz de (co)variâncias dos coeficientes de regressão aleatória também representam as variâncias nos pontos representados pelos nós. As variâncias residuais foram consideradas homogêneas. As trajetórias médias também foram ajustadas por polinômios lineares do tipo *spline*, com nós nos mesmos pontos definidos para ajuste dos efeitos genéticos. Os efeitos de composição racial (percentual de H, covariável linear) e percentual de heterozigose (covariável linear) foram incluídos para IPP, DLAC e L305. Também foram considerados os efeitos de grupo de contemporâneas (rebanho e ano de nascimento) e mês de nascimento para IPP. No caso de DLAC e L305, foram considerados os efeitos de grupo de contemporâneas (rebanho e ano de parto) e mês de parto. Amostras das distribuições a *posteriori* dos parâmetros foram obtidas com o GIBBS3F90 (Misztal et al., 2014), considerando-se cadeias com 1.100.000 ciclos, dos quais foram descartados os 100.000 iniciais e aproveitadas amostras a cada 100 ciclos. O valor da função de verossimilhança restrita (- 2RLL) e o critério de informação da deviance (DIC) foram utilizados para comparação dos ajustes dos modelos.

### Resultados e Discussão

O modelo com sete nós para ajuste das trajetórias médias e dos efeitos genéticos apresentou o melhor ajuste para IPP, DLAC e L305 (Tabela 1). Esse resultado demonstra a necessidade de utilização de modelos que contemplam diferenças nas variâncias dos grupos genéticos presentes na base de dados.

Tabela 1. Critérios de ajuste dos modelos de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* para análise da idade ao parto (IPP), duração da lactação (DLAC) e produção de leite em até 305 dias de lactação (L305) de vacas mestiças Holandês (H) x Gir (G), de primeiro parto

Nós	IPP		DLAC		L305	
	- 2RLL	DIC	- 2RLL	DIC	- 2RLL	DIC
0; 0,5; 0,875	50.318	52.240	36.173	38.536	115.297	118.254
0; 0,25; 0,50; 0,75; 0,875	49.503	52.239	36.605	38.435	113.922	118.172
0; 0,25, 0,375, 0,50, 0,625, 0,75; 0,875	48.091	52.106	35.024	35.024	113.463	117.779

As variâncias residuais para IPP, DLAC e L305 foram 13.630 dias<sup>2</sup>; 6.060 dias<sup>2</sup> e 1.256.000 kg<sup>2</sup> respectivamente. As variâncias genéticas e herdabilidades para IPP foram diminuindo à medida que a fração de alelos de origem da raça H aumentou (Figura 1).

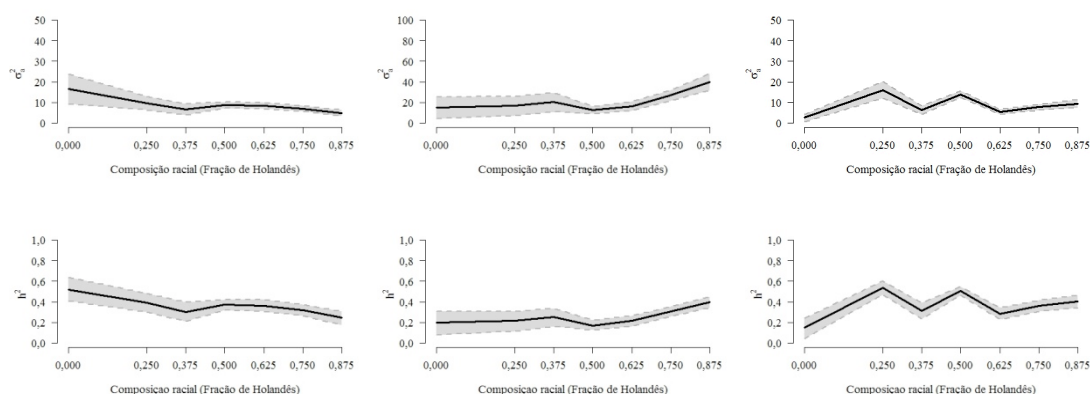
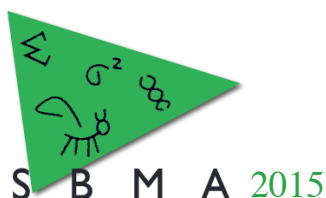


Figura 1. Variâncias genéticas (linha superior) da idade ao parto ( $\times 10^{-3}$  dias<sup>2</sup>, esquerda), duração da lactação ( $\times 10^{-2}$  dias<sup>2</sup>, centro) e produção de leite em até 305 dias ( $\times 10^{-5}$  kg<sup>2</sup>, direita) de vacas mestiças Holandês (H) x Gir (G), de primeiro parto, e suas herdabilidades correspondentes (linha inferior) em função da composição racial (fração de H).



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

No caso da DLAC, as variâncias genéticas e herdabilidades foram praticamente constantes entre 0 H e 0,5 H, com tendência de aumento após esse segundo ponto (Figura 1). As variâncias e herdabilidades de L305 foram mais altas para os grupos genéticos 0,25 H e 0,5 H e, de modo geral, apresentaram tendências de crescimento à medida que a fração de alelos de origem da raça H aumentou (Figura 1). Estes resultados revelam que as respostas à seleção devem ser diferentes entre os grupos genéticos, caso sejam consideradas intensidades de seleção iguais.

Trabalhos sobre avaliações multirraciais foram realizados com dados de bovinos de corte (Cardoso & Tempelman, 2004; Toral et al., 2012), e de leite (Facó et al., 2007). Ficou demonstrado, nestes trabalhos, que as variâncias e herdabilidades são específicas para cada grupo genético. Na prática, pode haver coleta de dados seletiva, onde alguns grupos genéticos têm seus dados incluídos nos programas de melhoramento de raças sintéticas e outros grupos não possuem dados registrados. Ainda, os grupos podem ter sido expostos à diferentes intensidades de seleção. Esses dois fatores podem ser responsáveis por parcelas significativas das diferenças nas variâncias e herdabilidades entre grupos.

Metodologias propostas para avaliação multirracial contemplaram a estimação de variâncias específicas para as raças puras e uma variância atribuída a segregação (Cardoso & Tempelman, 2004; Toral et al., 2012). Então, as variâncias para cada grupo genético podem ser obtidas a partir de combinações das variâncias das raças puras e da variância de segregação (Lo et al., 1993). Considerando uma população composta por cruzamentos de duas raças puras, haveria necessidade de estimação das duas variâncias para essas raças e da variância da segregação. Para isso, é fundamental haver, na base de dados, registros de animais das duas raças puras,  $F_1$  e  $F_2$ . Na prática, as populações multirraciais não são bem estruturadas porque os cruzamentos são direcionados para a produção de uma determinada composição racial ( $5/8 H + 3/8 G$ , por exemplo) e há poucos registros de animais puros. Isso, certamente, dificulta a obtenção de valores precisos para as variâncias do modelo proposto por Lo et al. (1993).

O modelo proposto neste trabalho parece ser robusto às restrições existentes nas bases de dados de raças sintéticas. Contudo, os resultados apresentados são preliminares e ainda carecem de maior detalhamento, inclusive por meio de simulação computacional.

### Conclusões

Modelos de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* permitem modelar a heterogeneidade de variâncias e obter parâmetros específicos para cada grupo genético, em populações multirraciais. As mudanças genéticas decorrentes da seleção são diferentes para cada grupo genético.

### Agradecimentos

À Associação Brasileira de Criadores de Girolando, à Embrapa Gado de Leite e aos técnicos, Marcello de Aguiar Rodrigues Cembranelli e Leandro de Carvalho Paiva, pelo fornecimento dos dados.

### Literatura citada

- Cardoso, F.F.; Tempelman, R.J. 2004. Hierarchical bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. *Journal of Animal Science* 82: 1589-1601.
- Facó, O.; Filho, R. M.; Lôbo, N. B.; Oliveira, S. P.; Martins, G. A. 2007. Heterogeneidade de (co)variância para a produção de leite nos grupos genéticos formadores da raça Girolando. *Revista Ciência Agronômica* 38: 304-309.
- Lo, L.L.; Fernando, R.L.; Grossman, M. 1993. Covariance between relatives in multibreed populations: additive model. *Theoretical and Applied Genetics* 87: 423-430.
- Misztal, I.; Tsuruta, S.; Lourenço, D.; Aguilar, I.; Legara, A.; Vitezica, Z. 2014 *Manual for BLUPF90 family of programs*. Georgia: Athens: University of Georgia.
- Misztal, I. 2006. Properties of random regression models using linear splines. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 123: 74-80.
- Toral, F.L.B.; Torres Júnior, R.A.A.; Lopes, P.S.; Cardoso, F.F.; Silva, L.O.C. 2012. Heteroskedasticity for weaning weight of Charolais-Zebu crossbred calves. *Revista Brasileira de Zootecnia* 41: 1163-1172.