



Modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle de bovinos Gir Leiteiro utilizando-se polinômios de Legendre ou Splines lineares

Rodrigo Junqueira Pereira¹, Lenira El Faro², Rui da Silva Verneque³, Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto³, Anibal Eugênio Vercesi Filho⁴, Lucia Galvão de Albuquerque¹

¹Departamento de Zootecnia, FCAV-UNESP, Jaboticabal - SP. rodjunper@yahoo.com.br

²Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, APTA/SAA, Ribeirão Preto - SP

³Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora - MG

⁴Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, APTA/SAA, Mococa - SP

Resumo: Com o objetivo de comparar modelos de regressão aleatória, foram utilizados 59.744 registros de produção de leite no dia do controle de 7.810 primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro e cruzadas Gir Leiteiro-Holandês. Os dados foram analisados por modelos de regressão aleatória, cujos efeitos aleatórios genético-aditivo e de ambiente permanente, foram modelados utilizando-se polinômios ortogonais de Legendre ou funções *splines* lineares. A modelagem da variância residual foi feita por meio de 5 classes. O modelo considerando polinômios de Legendre de quarta ordem para o efeito genético aditivo, quinta ordem para o efeito de ambiente permanente e cinco classes de variância residual, caracteriza-se pela parcimônia e ajusta adequadamente a produção de leite no dia do controle de vacas da raça Gir Leiteiro.

Palavras-chave: bovinos de leite, função de covariância, parâmetros genéticos

Random regression models using Legendre polynomials or linear Splines for test-day milk yield of Gyr cattle

Abstract: Data comprising 59,744 test-day milk yield records of 7,810 first lactations of Gyr and crossbred Gyr-Holstein cows were used to compare random regression models. Records were analyzed by random regression models. Random regressions on Legendre polynomials or linear Splines functions of days in milk, for additive genetic and permanent environmental effects, were considered. Residual variances were fitted by 5 classes. A model applying a fourth order Legendre polynomial for the additive genetic effect, fifth order for the permanent environmental effect and five classes of residual variances is parsimonious and fits Gyr cows test-day milk records adequately.

Keywords: covariance function, dairy cattle, genetic parameters

Introdução

Modelos de Regressão Aleatória (MRA) utilizam a produção de leite no dia do controle (PLDC) em detrimento da produção acumulada até 305 dias de lactação. Diversos benefícios são atribuídos ao uso dos MRA, como: o uso dos registros do controle leiteiro pode ser maximizado, com incremento da acurácia na avaliação dos indivíduos; maior precisão na definição dos grupos contemporâneos e quantificação dos efeitos ambientais; possibilidade de cálculo do valor genético para persistência da produção de leite como funções dos dias em lactação; permitir a avaliação genética de animais cuja lactação ainda está em curso, sem a necessidade de projeções, o que viabiliza a realização de avaliações mais frequentes e a possibilita a redução do intervalo de gerações. Polinômios ortogonais de Legendre (PL) têm sido frequentemente utilizados para a modelagem da estrutura de covariância entre as PLDC em bovinos leiteiros por MRA e, em geral, se mostram capazes de modelar bem as mudanças nas variâncias ao longo da lactação. Contudo, a utilização de PL de altas ordens pode levar a estimativas de componentes de variância implausíveis para o início e o fim da lactação, por colocarem alta ênfase nas observações dos extremos (Meyer, 2005). Uma alternativa aos PL de altas ordens são os polinômios segmentados (*splines*). Segundo Misztal (2006), cada coeficiente de uma função *spline* atua somente em uma fração da trajetória estudada, proporcionando a possibilidade de melhores propriedades numéricas e maior facilidade no processo de estimação dos parâmetros. Assim, objetivou-se com este estudo



comparar modelos de regressão aleatória para a produção de leite no dia do controle de primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro e seus cruzamentos utilizando-se polinômios ortogonais de Legendre e funções *splines* lineares dos dias em lactação.

Material e Métodos

Foram utilizados 59.744 registros de PLDC de 7.810 primeiras lactações de vacas Gir Leiteiro (GL) e cruzadas com Holandês, filhas de 765 touros Gir Leiteiro, com idade ao parto entre 24 e 60 meses, distribuídas em 229 rebanhos. Os dados foram provenientes do Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Leite. Foram utilizados os controles entre o 5º e o 305º dia da lactação. As condições à inclusão das vacas no estudo foram: primeiro controle leiteiro realizado antes de 45 dias após o parto e número de controles leiteiros superior a três. Grupos contemporâneos (rebanho-ano-mês de controle) com no menos de quatro vacas foram excluídos. As vacas foram agrupadas em 5 grupos genéticos: 1 = 100% GL; 2 = $87,5\% \leq GL < 100\%$; 3 = $75\% \leq GL < 87,5\%$; 4 = $62,5\% \leq GL < 75\%$; e 5 = $50\% \leq GL < 62,5\%$. Os componentes de covariância foram estimados por método Bayesiano utilizando-se o programa GIBBS3F90 (Misztal, 2010). Nas regressões aleatórias genética aditiva e de ambiente permanente foram utilizados polinômios de Legendre de ordens 4 a 6 ou funções *splines* lineares (SPL) constituídas de 3 (4), 4 (5) ou 5 (6) segmentos (nós). Para cada modelo avaliado utilizando SPL, os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por igual número de segmentos. As variâncias residuais foram assumidas como heterogêneas com 5 classes (5-30, 31-60, 61-120, 121-270 e 271-305 dias em lactação). Foram considerados os efeitos sistemáticos de grupo contemporâneo, os efeitos linear e quadrático da idade da vaca ao parto e a curva média de lactação dentro de cada grupo genético (regressão fixa), modelada por um polinômio de Legendre de ordem 4. Os modelos foram comparados pelos critérios de informação da Deviance (DIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), bem como pela inspeção das estimativas dos parâmetros genéticos. Análise multicaracterística considerando as PLDC de cada um dos dez meses da lactação como uma característica (TDMO), foi realizada para comparação aos resultados obtidos pelos MRA. O modelo TDMO incluiu os mesmos efeitos fixos dos MRA, excluindo-se a regressão fixa sobre os dias em lactação e incluindo-se dias em lactação (efeito linear) como covariável e o efeito sistemático de grupo genético. Para cada modelo avaliado foi gerada uma cadeia de 850.000 amostras, descartando-se as primeiras 50.000 e armazenando-se a cada 50 amostras.

Resultados e Discussão

Os modelos que utilizavam polinômios de Legendre de ordens superiores a 4 para o efeito genético aditivo e a 5 para o efeito de ambiente permanente, apresentaram estimativas de correlações genéticas negativas entre os dias da lactação e foram descartados, visto que este comportamento não é esperado em termos biológicos. Os resultados dos critérios de comparação DIC e BIC, bem como detalhes sobre os modelos restantes, são apresentados na Tabela 1. De acordo com os critérios DIC e BIC, o modelo LEG45, contendo 30 parâmetros, é o melhor modelo para o ajuste às PLDC. Em segundo lugar, o modelo SPL66 seria escolhido. Ambos os critérios combinam qualidade de ajuste com grau de complexidade, sendo os modelos escolhidos aqueles de melhor qualidade e menor grau de complexidade. As estimativas de variância fenotípica obtidas com os modelos LEG45 e SPL66 foram similares àquelas do modelo TDMO. Por outro lado, as estimativas de variância genética foram um pouco maiores para os MRA quando comparadas às do TDMO, porém, apresentando a mesma tendência ao longo da lactação. As variâncias genéticas foram maiores ao início da lactação. As estimativas de herdabilidade obtidas com os modelos LEG45 e SPL66 foram similares e mostraram a mesma tendência das estimativas de variância genética (Figura 1). Com o modelo LEG45, as herdabilidades variaram de 0,12 a 0,25, e com o modelo SPL66, de 0,16 a 0,28. Estimativas de magnitude similar foram descritas por Herrera et al. (2008) e Pereira et al. (2010), utilizando as funções de Wilmink ou Ali & Schaeffer para modelar as regressões fixas e aleatórias. As correlações genéticas entre produções adjacentes, para ambos os modelos, foram próximas de 0,90, decrescendo para valores ao redor de 0,10 entre o início e o final da lactação. Estes resultados estão de acordo com os obtidos por Herrera et al. (2008). Entretanto, Pereira et al. (2010), trabalhando com o mesmo conjunto de dados utilizado neste estudo, reportaram estimativas de



48ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

O Desenvolvimento da Produção Animal e a Responsabilidade Frente a Novos Desafios

Belém – PA, 18 a 21 de Julho de 2011



correlação genética negativas entre as PLDC do início e final da lactação, evidenciando a importância da escolha de um modelo adequado para o ajuste das PLDC em bovinos leiteiros.

Tabela 1- Número de coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genético aditivo (n_a) e de ambiente permanente (n_{ap}), número de segmentos (seg), posição dos nós (pn), número de parâmetros (p), Critérios de Informação da Deviance (DIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), para os modelos utilizando polinômios de Legendre (LEG) ou funções *splines* lineares (SPL).

Modelo	n_a	n_{ap}	seg	pn	p	DIC	BIC
LEG44	4	4	1	-	25	211.500	188.207
LEG45	4	5	1	-	30	208.736*	184.358*
SPL44	4	4	3	5, 29, 71, 305	25	213.443	191.266
SPL55	5	5	4	5, 29, 71, 120, 305	35	210.919	186.706
SPL66	6	6	5	5, 29, 71, 120, 260, 305	47	209.282	184.425

* Indica o modelo escolhido de acordo com o DIC e o BIC

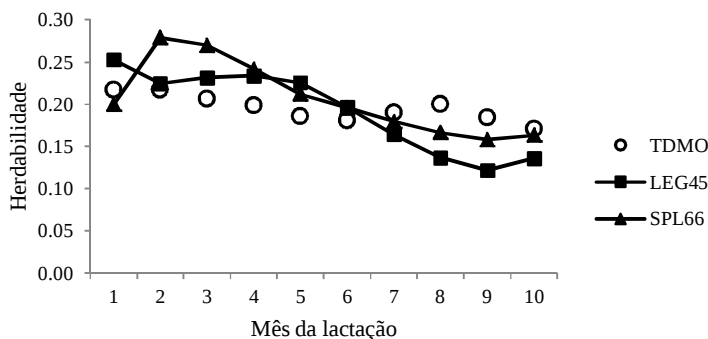


Figura 1 – Estimativas médias *a posteriori* de herdabilidade para a produção de leite no dia do controle utilizando análise multicaracterística (TDMO) e análise de regressão aleatória (LEG45 e SPL66)

Conclusões

O modelo considerando polinômios de Legendre de quarta ordem para o efeito genético aditivo, quinta ordem para o efeito de ambiente permanente e cinco classes de variância residual, caracteriza-se pela parcimônia e ajusta adequadamente a produção de leite no dia do controle de vacas da raça Gir Leiteiro. Este modelo pode ser utilizado na avaliação genética para produção de leite na raça, substituindo o atual modelo que utiliza a produção acumulada até 305 dias de lactação.

Literatura citada

- HERRERA, L.G.G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e persistência da lactação em vacas Gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.9, p.1584-1594, 2008.
- MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.473-500, 2005.
- MISZTAL, I. Properties of random regression models using linear splines. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.123, p.74-80, 2006.
- MISZTAL, I. **BLUPF90 Manual**. [2010]. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>> Acesso em: 10/12/2010.
- PEREIRA, R.J.; LOPES, P.S.; VERNEQUE, R.S. et al. Funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir leiteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.11, p.1303-1311, 2010.