



## Comparação de homogeneidade e heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória na descrição do crescimento de ovinos Santa Inês<sup>1</sup>

José Lindenberg Rocha Sarmiento<sup>2</sup>, Robledo de Almeida Torres<sup>3,7</sup>, Raimundo Nonato Braga Lobo<sup>4</sup>, Lúcia Galvão de Albuquerque<sup>5,7</sup>, Wandrick Hauus de Sousa<sup>6</sup>, José Ernandes Rufino de Sousa<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Parte da Tese de Doutorado apresentado pelo primeiro autor à UFV.

<sup>2</sup>Professor Adjunto da UFPI, Campus de Bom Jesus, 64.900-000, Bom Jesus-PI, email: [sarmiento@ufpi.edu.br](mailto:sarmiento@ufpi.edu.br)

<sup>3</sup>Professor do Departamento de Zootecnia/UFV, 36571-000, Viçosa-MG.

<sup>4</sup>Pesquisador da EMBRAPA Caprinos

<sup>5</sup>Professora da FCAV/UNESP, 14884-900, Jaboticabal-SP.

<sup>6</sup>Pesquisador da EMEPA-PB

<sup>7</sup>Bolsista do CNPq.

**Resumo:** Utilizaram-se 17.767 registros de pesos de cordeiros da raça Santa Inês com o objetivo de comparar modelos de regressão aleatória com diferentes estruturas para modelar a variância residual. As regressões fixas e aleatórias foram ajustadas por meio de polinômios de Legendre de ordens quatro e três, respectivamente. A variância residual foi ajustada por meio de classes e funções de variâncias. O modelo considerando homogeneidade de variâncias residuais mostrou-se inadequado. De acordo com os critérios utilizados, a variância residual contendo sete classes heterogêneas proporcionou melhor ajuste, embora um mais parcimonioso, com cinco classes, poderia ser utilizado. O ajuste de funções de variâncias com qualquer ordem foi melhor que o obtido por meio de classes, sendo que o polinômio ordinário de ordem seis proporcionou melhor ajuste dentre as estruturas testadas. A modelagem do resíduo interferiu nas estimativas dos parâmetros genéticos. Além da alteração da classificação dos reprodutores, constataram-se, também, alterações consideráveis na magnitude dos valores genéticos preditos em função do ajuste da variância residual empregado. Portanto, faz-se necessário a utilização de heterogeneidade de variâncias residuais para modelar as variâncias associadas à curva de crescimento dos ovinos Santa Inês em estudo.

**Palavras-chave:** Herdabilidade, heterogeneidade de variâncias, modelo animal, ovinos deslanadas, parâmetros genéticos, valor genético

## Comparison of homogeneity and heterogeneity of residual variance in random regression models in the description of the growth of Santa Inês sheep

**Abstract:** Data set of 17,767 records of 4,210 Santa Inês lambs were used aiming to compare random regression models with different structures to fit the residual variance. Fixed and random regressions were fitted by Legendre polynomials of orders four and three, respectively. The residual variance was fitted by classes and functions of variances. The model considering homogeneity of residual variances was inadequate. According to the criteria used, the residual variance containing seven heterogeneous classes provided the best fit, although a more parsimonious one, with five classes, could be used. The fit of variances functions with any order was better than that obtained by classes and the ordinary polynomial of order six provided best fit among the tested structures. The modelling of the residue interfered the estimative of the genetic parameters. Beyond the Change in the classification of the reproducers it was verified alterations in the magnitude of the genetic values predicted as function of the fit of the variance residual studied. Therefore, it is necessary the use of residual heterogeneity variances to model the variances associated to the growth curve of Santa Inês sheep in study.

**Keywords:** animal model, breeding value, genetic parameters, hair sheep, heritability, heterogeneity of variance

### Introdução

Os modelos de regressão aleatória permitem ajustar curvas de crescimento aleatórias para cada indivíduo e obter estruturas de variâncias e covariâncias entre as diferentes medidas por meio de funções de covariâncias. Além disso, o emprego destes modelos permite a modelagem da variância residual sob diferentes estruturas.

Vários trabalhos têm mostrado a necessidade de considerar heterogeneidade de variâncias residuais em modelos de regressão aleatória (Meyer, 2000; Lewis & Brotherstone, 2002). Para

características de crescimento de ovinos, estas variâncias tendem a aumentar com a idade, como verificado por Fischer et al. (2004). Desta forma, a modelagem da curva de crescimento considerando a variância residual heterogênea em função da idade pode melhorar a partição da variância fenotípica nas variâncias devido aos efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise. Os poucos trabalhos com ovinos de corte encontrados na literatura consultada diferiram quanto à modelagem da variância residual.

Desta forma, objetivou-se com este trabalho comparar diferentes estruturas para modelar a variância residual em modelos de regressão aleatória e avaliar a influência desta modelagem na estimativa de herdabilidades e predição de valores genéticos em diferentes idades ao longo da curva de crescimento de ovinos Santa Inês.

### **Material e Métodos**

Utilizaram-se 17.767 registros de pesos de cordeiros da raça Santa Inês provenientes de três rebanhos experimentais, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB) e Empresa de Pesquisa Agropecuária Brasileira (EMBRAPA Caprinos e EMBRAPA Tabuleiros Costeiros), relativo ao período de 1983 a 2005.

Os pesos foram analisados por meio de um modelo animal unicaracterístico de regressão aleatória. Os efeitos fixos incluídos na análise foram grupo contemporâneo (definido como: rebanho, ano e estação da pesagem, sexo do cordeiro, tipo de nascimento e classes de idade do cordeiro), idade da ovelha ao parto, efeitos linear e quadrático, e os coeficientes de regressão fixos, representados por polinômios de Legendre de ordem quatro (Sarmiento, 2007). Os efeitos aleatórios considerados foram os coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e de ambiente permanente do animal, representados por meio de polinômios ortogonais de Legendre de ordem três.

A variância residual foi assumida como homogênea e heterogênea por meio de diferentes estruturas. Inicialmente, considerou-se heterogeneidade entre classes de idade (CL<sub>m</sub>, sendo m o número de classes), agrupadas como segue: CL1, homogênea; CL2, 1-112 e 113-196 dias; CL3, 1-56, 57-112 e 113-196 dias; CL4, 1-28, 29-56, 57-112 e 113-196 dias; CL5, 1-28, 29-56, 57-84, 85-112 e 113-196 dias; CL6, 1-28, 29-56, 57-84, 85-112, 113-140 e 141-196 dias; e CL7, 1-28, 29-56, 57-84, 85-112, 113-140, 141-168 e 169-196 dias de idade. Posteriormente, as variâncias residuais foram ajustadas por meio de coeficientes de regressão de funções de variâncias, ajustadas por polinômios ordinários (FO) e de Legendre (FL), com ordens variando de dois a seis, ou seja, linear a quádrupla (FO<sub>m</sub> ou FL<sub>m</sub>, sendo m a ordem de ajuste). As análises foram executadas com auxílio do programa DXMRM do software DFREML (Meyer, 1998).

Os diferentes modelos foram comparados pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), critério de informação de Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC), sendo o primeiro utilizado apenas para modelos aninhados.

### **Resultados e Discussão**

Comparando a modelagem do resíduo por meio de classes, observaram-se aumentos no Log L, significativos ( $P < 0,01$ ) pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), com o aumento do número de classes (Tabela 1), o que sugere a necessidade de considerar heterogeneidade da variância residual. Mudanças consideráveis nos valores do Log L (significativas,  $P < 0,01$ , pelo LRT), AIC e BIC ocorreram até o modelo CL5 (Tabela 1). A partir do modelo CL5 pequenas mudanças foram verificadas no Log L ( $P > 0,01$  pelo LRT), embora o AIC tenha apontado que o modelo CL7 proporcionou melhor ajuste. De acordo com os valores do BIC, o ajuste com o modelo CL5 foi adequado.

Nos modelos em que se empregaram funções de variâncias residuais utilizando polinômios ortogonais de Legendre, a de quinta ordem (FL5) apresentou menor valor para todos os critérios. Todavia, as funções que empregaram polinômios de Legendre apresentaram dificuldade de convergência, a qual não foi alcançada com a ordem seis. Comparando as diferentes ordens com os polinômios ordinários, observaram-se aumentos nos valores do Log L ( $P < 0,01$ ) e diminuição nos valores de AIC e BIC com o aumento da ordem de ajuste, sugerindo que o modelo de ordem seis proporcionou melhor ajuste.

Dentre os modelos testados, o ajuste obtido com FO6, como indicado pelos valores dos critérios AIC e BIC, foi melhor que o ajuste com cinco classes e FL5.

As estimativas de herdabilidades direta e materna diferiram em função da modelagem da variância residual (resultados não apresentados). As herdabilidades diretas estimadas quando o resíduo foi considerado heterogêneo foram superiores às estimadas quando o resíduo foi mantido constante, as quais variaram de 0,1 a 0,19. Já as herdabilidades maternas estimadas em função da modelagem da variância residual diferiram, principalmente, do nascimento aos 15 dias de idade. As herdabilidades direta e materna estimadas pelo modelo com homogeneidade saíram de praticamente zero, próximo ao nascimento, para 0,18 com o modelo assumindo heterogeneidade, o que é biologicamente coerente.

Tabela 1 – Número de parâmetros (NP), Logaritmo da função de máxima verossimilhança (Log L), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano (BIC) e teste da razão de verossimilhança (LRT) estimados com os modelos que empregaram diferentes estruturas de variância residual

Modelo	NP	Log L1	AIC2	BIC2	LRT
CL1	25	-964	3168	3129	(CL2-CL1) 812,2*
CL2	26	-558	2358	2326	(CL3- CL2) 867,2*
CL3	27	-124	1492	1469	(CL4- CL3) 155,8*
CL4	28	-46	1339	1323	(CL5- CL4) 88,0*
CL5	29	-2,2	1253	1245	(CL6- CL5) 0,3 ns
CL6	30	-1,9	1254	1254	(CL7- CL5) 4,4 ns
CL7	31	0	1252	1260	-
FL2	26	-157	316	284	(FL3-FL2) 84*
FL3	27	-115	235	211	(FL4-FL3) 8*
FL4	28	-111	227	212	(FL5-FL4) 220*
FL5	29	0	9	1	-
FO2	26	-162	316	284	(FO3-FO2) 84*
FO3	27	-120	234	211	(FO4-FO3) 62*
FO4	28	-89	173	158	(FO5-FO4) 124*
FO5	29	-27	51	43	(FO6-FO5) 54*
FO6	30	0	0	0	-

\* significativo a 1% de probabilidade; ns não significativo. 1 Valores expressos como desvio do melhor valor, dentro de cada estrutura; 2Valores expressos como desvio do melhor valor.

CL = classes de idade; FL = polinômio de Legendre; FO = polinômio ordinário.

A modelagem da variância residual também afetou a predição dos valores genéticos (resultados não apresentados), o que era esperado devido às alterações nas estimativas de herdabilidades. As correlações de ordem entre os valores genéticos preditos sob homogeneidade e heterogeneidade do resíduo para peso ao nascimento foi de apenas 0,23; já para os pesos aos 112 e aos 196 dias de idade, estas correlações foram altas, 0,97 e próximo a unidade, respectivamente. As alterações na magnitude dos valores genéticos preditos assumindo homogeneidade ou heterogeneidade foram mais expressivas, chegando a diferenças de 94% para o peso ao nascer, 31% para peso aos 112 dias e de 41% para o peso aos 196 dias de idade.

### Conclusões

A melhor modelagem da variância residual foi a que considerou uma função de variância com polinômio ordinário de ordem seis. As estimativas de herdabilidades e a predição dos valores genéticos foram afetadas pela modelagem da variância residual. Portanto, faz-se necessária a utilização de heterogeneidade de variâncias residuais para modelar as variâncias associadas à curva de crescimento dos ovinos Santa Inês em estudo.

### Literatura Citada

- FISCHER, T.M.; VAN DER WERF, J.H.J.; BANKS, R.G. et al. Description of lamb growth using random regression on field data. **Livestock Production Science**, v.89, p.175-185, 2004.
- LEWIS, R.M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Animal Science**, v.74, p.63-70, 2002.
- MEYER, K. "DXMRR" – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: **WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION**, 6, 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale: University of New England, 1998. CD ROM.
- MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.
- SARMENTO, J.L.R. **Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês**. Viçosa; UFV, 2007. 101p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Viçosa. 2007.