



**Modelo de regressão aleatória usando polinômios segmentados do tipo B no estudo da  
curva de crescimento em bovinos da raça Tabapuã<sup>1</sup>**

Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes<sup>2</sup>, Robledo de Almeida Torres<sup>3</sup>, Roberto Augusto de Almeida  
Torres Júnior<sup>4</sup>, Luiz Otávio Campos da Silva<sup>5</sup>, Andrea Gondo<sup>6</sup>, Ricardo Frederico Euclides<sup>7</sup>

<sup>1</sup>Parte da tese de doutorado do primeiro autor, financiada pelo CNPq

<sup>2</sup>Embrapa Gado de Corte - CNPGC/Campo Grande, MS. e-mail: gilberto@cnpqc.embrapa.br

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia - UFV/Viçosa, MG. Bolsista do CNPq. e-mail: rtorres@ufv.br

<sup>4</sup>Embrapa Gado de Corte - CNPGC/Campo Grande, MS. e-mail: rtorres@cnpqc.embrapa.br

<sup>5</sup>Embrapa Gado de Corte - CNPGC/Campo Grande, MS. e-mail: locs@cnpqc.embrapa.br

<sup>6</sup>Embrapa Gado de Corte - CNPGC/Campo Grande, MS. e-mail: andrea@cnpqc.embrapa.br

<sup>7</sup>Departamento de Zootecnia - UFV/Viçosa, MG. Bolsista do CNPq. e-mail: rbaja@ufv.br

**Resumo:** Para avaliar o uso de polinômios segmentados do tipo B na modelagem do crescimento de bovinos da raça Tabapuã, foram estimados componentes de (co) variância e parâmetros genéticos para características de ponderal utilizando modelo de regressão aleatória (MRA) com polinômios segmentados lineares do tipo B (PSLB). A estimação dos componentes de (co) variância foi realizada por abordagem Bayesiana via amostrador de Gibbs. A estimação dos componentes de (co) variâncias foi realizada com sucesso, sem problemas de convergência, confirmando as interessantes propriedades numéricas do PSLB. Maiores ganhos genéticos são esperados ao se utilizar como critérios de seleção pesos após a desmama, devido a estimativas de herdabilidades diretas mais altas neste período. Quanto à herdabilidade materna ( $h^2_m$ ), embora de baixa magnitude, maior resposta a seleção para habilidade materna pode ser obtida com a seleção realizada com base em pesos próximos a desmama, devido a maiores  $h^2_m$  para este período. As correlações genéticas aditiva direta e materna estimadas entre os pesos foram de magnitude média a alta e de sinal positivo. MRA usando PSLB como função base são uma boa alternativa a ser aplicada em avaliações genéticas de características de ponderal em bovinos de corte.

**Palavras-chave:** avaliação genética, Bayesiana, dados longitudinais, função de covariância, nós

**Random regression model using B-splines in the study of growth curve in Tabapuã  
cattle**

**Abstract:** To evaluate the use of B-splines on growth modeling of Tabapuã cattle, (co) variance components and genetic parameters were estimated for growth traits using random regression model (RRM) with linear B-splines (LBS). The estimation of (co) variance was performed by Bayesian approach with Gibbs sampling. The estimation of (co) variance was performed successfully, without convergence problems, confirming interesting numerical properties of the LBS. Larger genetic gains are expected when using as selection criteria post-weaning weights due to higher direct heritabilities estimates in this period. For maternal heritability ( $h^2_m$ ), although of low magnitude, greater response to selection for maternal ability can be obtained with the selection based on weights around weaning due to higher  $h^2_m$  for this period. The direct and maternal additive genetic correlations estimated between weights presented medium to high magnitude and positive sign. RRM using LBS as base function are a good alternative to be applied in genetic evaluation of growth traits in beef cattle.

**Keywords:** Bayesian, covariance function, genetic evaluation, knots, longitudinal data

**Introdução**

Atualmente, modelos de regressão aleatória (MRAs) têm sido usados para a estimação de parâmetros genéticos de características de ponderal em bovinos de corte (Albuquerque et al., 2010). Polinômios segmentados do tipo B (B-splines) têm sido propostos como alternativas ao uso de polinômios ortogonais de Legendre para modelar as trajetórias de crescimento de bovinos de corte usando MRAs, e.g. Albuquerque et al. (2010) e Baldi et al. (2010), apresentando promissores resultados.



Estes polinômios apresentam boas propriedades numéricas por promover maior esparsialidade e quebra de multicolinearidade. Além disso, o fato de priorizarem o ajuste local em relação ao global os tornam mais robustos em relação a reduzido número de dados para certas faixas do conjunto de dados.

Para avaliar o uso de polinômios segmentados do tipo B na modelagem do crescimento de bovinos da raça Tabapuã, foram estimados componentes de (co) variância e parâmetros genéticos para características de ponderal utilizando modelo de regressão aleatória (MRA) com polinômios segmentados lineares do tipo B (PSLB).

### Material e Métodos

Foram utilizados registros de peso do 1º ao 600º dia de idade de bovinos da raça Tabapuã criados exclusivamente a pasto e nascidos de 1976 a 2009, provenientes do Arquivo Zootécnico Nacional (Embrapa/ABCZ/MAPA). Animais provenientes de TE/FIV e aqueles filhos de vacas cujas idades ao parto eram inferiores a 2,5 anos ou superiores a 14,5 anos foram excluídos das análises. Os registros de pesos foram agrupados dentro de classes mensais de acordo com a idade em que foram tomados, totalizando 20 classes. Dados fora da faixa dada pela média, obtida para os pesos considerados dentro de classe e sexo,  $\pm$  três desvios-padrão foram eliminados. Os grupos contemporâneos (GC) foram definidos por animais do mesmo sexo, ano, estação e fazenda de nascimento. Foram mantidos somente grupos contemporâneos com no mínimo cinco animais. Após as restrições, o arquivo de dados ficou composto por 359.707 registros de pesos de 84.215 animais. A matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco utilizada foi composta por 111.959 animais.

O MRA foi ajustado por PSLB, com seis nós localizados nos pontos 0, 120, 240, 360, 480 e 600 dias. Assumiu-se heterogeneidade de variância residual, sendo definidas seis classes formadas pelos intervalos 1 a 60, 61 a 180, 181 a 300, 301 a 420, 421 a 540 e, 541 a 600 dias. O MRA foi definido como se segue:

$$y_{ijk} = \sum_{n=1}^6 [b_{nk} * s_n(t)] + \sum_{n=1}^6 \sum_{l=1}^4 [c_{nlg} * z_l(IVP_i) * s_n(t)] + \sum_{n=1}^6 [d_{nk} * DEN_i * s_n(t)] + \sum_{n=1}^6 [a_{ni} * s_n(t)] + \sum_{n=1}^6 [m_{nj} * s_n(t)] + \sum_{n=1}^6 [pm_{nj} * s_n(t)] + \sum_{n=1}^6 [pa_{ni} * s_n(t)] + e_{ijk},$$

em que:  $y_{ijk}$  é o  $i^{\text{ésimo}}$  registro do animal  $i$ , filho da mãe  $j$  e pertencente ao GC  $k$ ;  $s_n(t) = n^{\text{ésima}}$  função do modelo de PSLB adotado para o efeito da idade do animal  $i$  ( $t$ );  $b_{nk}$  = coeficiente de regressão para a função  $n$  da idade do animal  $i$ , aninhado dentro do GC  $k$ ;  $z_l(IVP_i) = l^{\text{ésima}}$  função do modelo de polinômio segmentado quadrático adotado para o efeito da idade da vaca ao parto (IVP) do animal  $i$ , sendo que:  $z_1(IVP_i) = (IVP_i - 2,5) / 12$ ,  $z_2(IVP_i) = [z_1(IVP_i)]^2$ ,  $z_3(IVP_i) = \{\text{máximo}[0, (z_1(IVP_i) - 1/3)]\}^2$ ,  $z_4(IVP_i) = \{\text{máximo}[0, (z_1(IVP_i) - 2/3)]\}^2$ ;  $c_{nlg}$  = coeficiente de regressão para a combinação da função  $l$  da IVP e função  $n$  do efeito da idade do animal, aninhado dentro de sexo  $g$ ;  $DEN_i$  = desvio da data de nascimento do animal  $i$  em relação ao dia médio da estação de nascimento, aninhado dentro de GC;  $d_{nk}$  = coeficiente de regressão para a combinação de  $DEN_i$  e a função  $n$  do efeito da idade do animal, aninhado dentro de grupo contemporâneo  $k$ ;  $a_{ni} = n^{\text{ésimo}}$  coeficiente de regressão aleatória para o efeito aleatório aditivo direto do animal  $i$ ;  $m_{nj} = n^{\text{ésimo}}$  coeficiente de regressão aleatória para o efeito aleatório aditivo materno da vaca  $j$ ;  $pm_{nj} = n^{\text{ésimo}}$  coeficiente de regressão aleatória para o efeito aleatório de ambiente permanente materno da vaca  $j$ ;  $pa_{ni} = n^{\text{ésimo}}$  coeficiente de regressão aleatória para o efeito aleatório de ambiente permanente direto do animal  $i$ ;  $e_{ijk}$  = efeito aleatório residual.

A estimação dos componentes de (co) variância foi realizada por abordagem Bayesiana via amostrador de Gibbs. Utilizou-se uma cadeia de 110.000 ciclos, burn-in igual a 10.000 e intervalo amostral igual a 10, resultando em 10.000 amostras. Foi utilizado o programa Gibbs3f90 (Misztal, 2010). Foram consideradas as prioris do default do programa. A convergência foi verificada por análise gráfica visual e pela análise do tamanho amostral efetivo.



### **Resultados e Discussão**

A estimação dos componentes de (co)variâncias foi realizada com sucesso, sem problemas de convergência, confirmando as interessantes propriedades numéricas do PSLB. As estimativas de componentes de (co)variância apresentaram, ao longo período avaliado, comportamento biologicamente esperado e foram concordantes com aquelas estimadas por um modelo multicaracterístico para pesos aos 120, 240, 360 e 480 dias de idade (resultados não apresentados). Estes resultados sugerem a viabilidade do uso de MRAs com PSLB como alternativa na modelagem da curva de crescimento de bovinos de corte, pois além do exposto, permitem maior aproveitamento dos dados disponíveis o que pode resultar em aumento da acurácia média das avaliações genéticas conforme Albuquerque et al. (2010).

As estimativas das herdabilidades diretas ( $h^2$ ) e maternas ( $h^2_m$ ) variaram dentro dos seguintes intervalos 0,05 a 0,25 e 0,03 a 0,11, respectivamente. Estes resultados foram de magnitude inferior aos encontrados por Sousa Júnior et al. (2010) em estudo com bovinos da raça Tabapuã usando MRA com polinômios ortogonais de Legendre, entretanto, apresentaram comportamento semelhante de variação ao longo do período avaliado. Maiores ganhos genéticos são esperados ao se utilizar como critérios de seleção pesos após a desmama, devido a  $h^2$  mais altas estimadas para este período. No entanto, ressalta-se que, quanto mais tardia a seleção para pesos, maior a chance de aumento do peso adulto das matrizes, uma vez que a correlação entre pesos a partir do sobreano com o peso adulto é alta (Sousa Júnior, et al., 2010). Quanto as  $h^2_m$ , embora de baixa magnitude, maior resposta a seleção para habilidade materna em rebanhos da raça Tabapuã pode ser obtida com a seleção realizada com base em pesos próximos a desmama, devido a maiores  $h^2_m$  para este período.

As correlações genéticas aditiva direta e materna estimadas entre os pesos foram de magnitude média a alta e de sinal positivo corroborando com os resultados de Baldi et al. (2010) e Sousa Júnior et al. (2010). Diferentemente de outros dados longitudinais, o peso é o resultado da soma acumulada do ganho ao longo da vida do animal, o que cria uma dependência estrutural acarretando que as correlações entre pesos em diferentes idades sejam predominantemente positivas. Foi verificado que à medida que as idades à pesagem se distanciaram, as correlações ficaram menores, sendo que uma possível explicação para isso seria que tanto o grupo gênico quanto a expressão dos genes ligados ao crescimento varia ao longo da vida do animal, sendo esta expressão mais semelhante para idades mais próximas.

As estimativas das correlações genéticas aditiva direto-materna foram de baixa magnitude variando de -0,29 a 0,11. As estimativas foram crescentes até em torno dos 120 dias, atingindo o máximo de -0,29, e depois tenderam a decrescer chegando a zero em torno do 480 dias.

### **Conclusões**

Modelos de regressão aleatória usando polinômios segmentados lineares do tipo B como função base são uma boa alternativa a ser aplicada em avaliações genéticas de características de ponderal em bovinos de corte.

### **Agradecimentos**

Ao professor Ignacy Misztal e ao pesquisador Shogo Tsuruta da University of Georgia, EUA.

### **Literatura citada**

- ALBUQUERQUE, L.G.; BOLIGON, A.A.; BALDI, F. et al. Breeding values accuracy for growth traits using random regression and multi-trait models in Nellore cattle. In: Proceedings of the 9<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany. **Anais...** Leipzig, 2010 (CD-ROM).
- BALDI, F.; ALENCAR, M.M.; ALBUQUERQUE, L.G. Random regression analyses using B-splines functions to model growth from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 127, n.6, p. 433-441, 2010.
- MISZTAL, I. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs>>. Acesso em: 25/05/2010.
- SOUSA JÚNIOR, S.C.S.; OLIVEIRA, S.M.P.; ALBUQUERQUE, L.G., et al. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.5, p.1037-1045, 2010.