



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



Parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle de vacas da raça Guzzerá utilizando funções *B-spline**

Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto¹, Daniel Jordan de Abreu Santos², João Cláudio do Carmo Panetto¹, Rui da Silva Verneque¹, Rusbel Raul Aspilcueta Borquis³, Humberto Tonhati⁴

*Parte da dissertação de mestrado do segundo autor

¹Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora-MG. E-mail: gaby@cnpgl.embrapa.br

²Mestrando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal –UNESP/Jaboticabal. Bolsista CNPq

³Doutorando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal –UNESP/Jaboticabal

⁴Professor Titular – FCAV, UNESP, Jaboticabal-SP

Resumo: Foram comparados nove modelos de regressão aleatória para ajustamento da produção de leite no dia do controle usando funções *B-splines* para 2816 primeiras lactações de vacas Guzzerá. Os modelos incluíram os efeitos aleatórios genético aditivo, de ambiente permanente e residual. Foram considerados como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos (rebanho-ano-estação do controle), os efeitos linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população, sendo esta modelada por um polinômio de 4ª ordem. Os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de funções *B-splines*. A variância residual foi modelada considerando seis classes heterogêneas. Os modelos foram comparados pelo critério de informação de Akaike, de informação bayesiano de Schwarz e pela estimativa das variâncias residual. O modelo que empregou funções *B-splines* quadrática com número de coeficiente de regressão aleatória igual a cinco tanto para efeito genético aditivo como também para ambiente permanente foi o que apresentou melhor resultado.

Palavras-chave: regressão aleatória, herdabilidade, correlação genética, gado Zebu

Abstract: Nine random regression models have been compared by fitting test-day milk yields using *B-splines* functions in 2186 first lactations of Guzzerat cows. Analyses were undertaken fitting random regression models with Legendre polynomials of order 4 fitted for the fixed lactation curve and *B-splines* functions of order 3 fitted for both random animal and permanent environment effects. Contemporary groups (herd-year-season) and cow's age at calving (linear and quadratic effects) were also included as fixed effects. Residual covariances were considered heterogeneous and categorized in six steps. Models were compared, as regards their goodness of fit, using Akaike information criterion, Schwarz Bayesian information criterion, and estimated residual variances. The model using quadratic *B-splines* functions with coefficient number of five for both animal and permanent environment effects was the best one.

Keywords: random regression, heritability, genetic correlation, Zebu cattle

Introdução

Dentre os modelos que consideram o dia do controle, os modelos de regressão aleatória (MRA) apresentam a vantagem de considerar a forma da curva, analisar os diferentes controles por meio de uma estrutura unicaracterística, fornecer a curva de lactação genética de cada animal, além de permitir a seleção animais mais persistentes (Jamrozik & Schaeffer, 1997). Usualmente para produção de leite, são utilizadas funções paramétricas e polinômios ortogonais de Legendre. Recentemente as funções *splines* estão sendo utilizados para ajuste de MRA para dados de produção de leite. Os *splines*, por ajustar os segmentos de uma curva com diferentes graus de uma função, permitem uma boa descrição desta, sendo então esta função, indicada também para formas de curvas atípicas. Sabendo-se que as vacas zebuínas apresentam curva de lactação característica, com curta duração de lactação objetivou-se com a utilização da função *B-spline*, comparar modelos de regressão aleatória para ajuste da produção de leite de primeiras lactações de vacas Guzzerá, visando obter melhor modelagem e interpretação biológicas dos efeitos considerados.



Material e Métodos

Foram analisados 20.524 registros de produção de leite de 2.816 primeiras lactações de vacas da raça Guzerá, provenientes do programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para leite, parceria Embrapa gado de leite com o Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá e a ABCZ. A produção de leite no dia do controle foi dividida em classes mensais, totalizando 10 classes. O arquivo de genealogia conteve 10.753 animais na matriz de parentesco. Foram considerados como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos (rebanho-ano-estação de controle), a covariável idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático) e a curva média da população. Os grupos contemporâneos foram definidos por fazenda, ano e época de controle, sendo esta, dividida em duas (abril-setembro, outubro-março). As análises foram feitas com uso de modelos de regressão aleatória, nos quais a curva fixa de lactação foi modelada por um polinômio de Legendre de quarta ordem e os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente foram modelados por meio de funções *B-splines* (linear, quadrático e cúbico) com nós equidistantes. O resíduo foi considerado heterogêneo, contendo seis classes de variâncias, sendo que os meses de lactação foram agrupados da seguinte forma: 1,2,3-5,6-7,8,9-10, para os modelos em que a curva fixa era modelada por um polinômio de quarta ordem. Os componentes de variância foram estimados pelo Método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o programa Wombat (Meyer, 2006). A comparação entre os modelos foi feita pelo teste razão da verossimilhança (LRT) e pelos critérios de informação de Akaike (AIC), de informação bayesiana de Schwarz (BIC) e estimativa de variância residual (VRP). A citação dos MRA segue o padrão: BSXk, X referindo-se aos graus dos segmentos polinomial, podendo ser este linear (L), quadrático (Q) ou cúbico; e k especifica o número de coeficiente de regressão aleatória para efeito genético aditivo e de ambiente permanente.

Resultados e Discussão

Os resultados das análises com os valores do logaritmo da função de Máxima Verossimilhança (log L), o Critério de Informação de Akaike (AIC) e o Bayesiano de Schwarz (BIC) são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Número de parâmetros (p), número de segmentos (ns), logaritmo da função de verossimilhança (log L), critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) e estimativas das variâncias residuais (VRP) para os modelos ajustados pelas funções *B-splines*.

Modelo*	p	ns	log L	AIC	BIC	VRP
<i>B-spline</i> com a curva média ajusta por um polinômio						
BSL3.3	18	2	-16105,417	32246,834	32389,202	0,94821
BSL4.4	26	3	-16006,095	32064,190	32269,832	0,86674
BSL5.5	36	4	-15992,261	32056,522	32341,256	0,81501
BSL6.6	48	5	-15904,783	31905,566	32285,212	0,79544
BSQ4.4	26	2	-15989,802	32031,604	32237,246	0,84008
BSQ5.5	36	3	-15931,206	31934,412	32219,148	0,78308
BSQ6.6	48	4	-15885,287	31866,574	32246,220	0,83489
BSC5.5	36	2	-15932,128	31936,256	32220,990	0,79841
BSC6.6	48	3	-15878,514	31853,028	32232,674	0,74980

Valores em negrito indicam os menores valores para os critérios estatísticos.

Os valores de log L melhoraram à medida que o número de parâmetros dos modelos aumentou. Foi também observado que o aumento da ordem da função influenciou no aumento do log L mas não



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



influenciou muito nos valores obtidos pelos critérios adotados. Esse resultado pode ser atribuído ao pequeno número de classes de produção (dez) utilizado nas análises que limita o tamanho dos segmentos e indica que de acordo com o número de segmentos adotado, ordens diferenciadas da função “*B-spline*” podem ajustar melhor os dados. Considerando-se o AIC e o VRP, o melhor modelo foi o BSC6.6. No caso de se considerar o BIC, o melhor modelo foi o BSQ5.5. Como o BIC é um critério que tende a penalizar modelos mais parametrizados, e visando selecionar o modelo mais parcimonioso, as estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas com uso do BSQ5.5 (36 parâmetros).

As estimativas de herdabilidade (h^2) obtidas pelo modelo BSQ5.5 (Figura 1) variaram de 0,20 a 0,33. As estimativas de herdabilidade encontradas neste estudo foram próximas às encontradas por Herrera et al. (2008), que estudaram produções de leite de vacas da raça Gir empregando a funções paramétricas. Bohmanova et al. (2008) trabalhando com funções *splines* linear encontraram valores mais altos que os estimados neste trabalho, estudando vacas holandesas. Em relação às correlações genéticas, foram observadas estimativas próximas à unidade entre as produções de controles adjacentes e menores à medida que aumentou o intervalo entre os mesmos. Foi observado também estimativa negativa da correlação genética entre o primeiro e o último mês de controle, entretanto de baixa magnitude (-0,03).

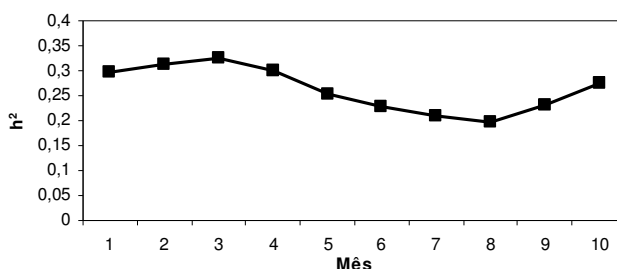


Figura 1 Estimativas de herdabilidade para as produções de leite mensais, para o modelo BSQ5.5.

Conclusões

O modelo que empregou funções *B-spline* quadrática e com número de coeficiente de regressão aleatória igual a cinco para efeito genético aditivo e para ambiente permanente foi o mais adequado de acordo com os critérios para descrever a variação existente na produção de leite no decorrer da lactação.

Agradecimentos

Os autores agradecem o apoio da Fapemig e do CNPq.

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.
- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762-770, 1997.
- MEYER, K.. “WOMBAT” – Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Armidale. Proceedings...Armidale: University of New England, 2006.
- BOHMANOVA, J.; MIGLIOR, F.; JAMROZIK, J.; MISZTAL, I.; SULLIVAN, P. G., Comparison of Random Regression Models with Legendre Polynomials and Linear Splines for Production Traits and Somatic Cell Score of Canadian Holstein Cows. **Dairy Science**, v. 91 p.3627–3638, 2008.