

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA HABILIDADE DE PERMANÊNCIA NO REBANHO DE VACAS NELORE UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA E MÉTODO R¹

MARCELO HESSEL VAN MELIS², JOANIR PEREIRA ELER³, JOSÉ BENTO STERMAN FERRAZ³

¹ Pesquisa financiada pela FAPESP e CNPq

² Doutorando em Zootecnia, FZEA/USP, Pirassununga, SP, CP 23, CEP: 13635-970

³ Professores Titulares da FZEA/USP, Pirassununga, SP, CP 23, CEP: 13635-970

RESUMO – A característica habilidade de permanência no rebanho de vacas Nelore (HP) foi utilizada com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos pelas metodologias de inferência bayesiana (IB) e método R (MR). Foi utilizado um banco de dados com 56.479 observações, sendo empregado o modelo animal uni-característico. A HP foi definida como a probabilidade de uma vaca parir, no rebanho, na idade de seis anos ou depois desta idade, dado que ela tenha pelo menos um registro de parto antes desta idade. Na IB foi utilizada técnica de amostragem de Gibbs para estimar os componentes de variância. Para o MR, as estimativas foram obtidas de sub-amostras aleatórias contendo 50% dos dados, sendo que a amostragem foi feita dentro dos grupos de contemporâneos. Os coeficientes de herdabilidade foram de $0,216 \pm 0,024$ e $0,158 \pm 0,036$, respectivamente, para a IB e MR. Os dois métodos podem ser utilizados para a estimação de parâmetros genéticos para características categóricas.

PALAVRAS-CHAVE: característica reprodutiva, inferência bayesiana, método R, modelo de limiar

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR STAYABILITY IN NELLORE COWS USING BAYESIAN INFERENCE AND METHOD R

ABSTRACT – The stayability (STAY) trait was used with the purpose to estimate genetic parameters by Bayesian inference (BI) and Method R (MR) methodologies. It was used a database with 56,479 records with animal model single-trait. STAY was defined as the probability of a cow in a herd to calve at a specific age or after this age when she had calved at an earlier age. In the BI, Gibbs sampling was used to estimate the variance components. To MR, the estimates were obtained using a random sample of 50% of the data. The estimates of heritability for STAY were 0.216 ± 0.024 and 0.158 ± 0.036 , by BI and MR, respectively. Both methods can be used to estimate variance components for categorical traits.

KEYWORDS: bayesian inference, method R, reproductive trait, threshold model

INTRODUÇÃO

Na produção comercial de bovinos de corte, a habilidade de permanência no rebanho de vacas Nelore (HP) é uma característica altamente desejável que afeta consideravelmente a lucratividade. Selecionar animais para HP significa reduzir custos com a produção ou compra de fêmeas para reposição. Conseqüentemente, há uma maior resposta à seleção, pois um menor número de animais tem que ser repostos e, assim, é possível obter uma maior intensidade de seleção de fêmeas. A inclusão da HP nos programas de melhoramento poderia permitir a seleção de touros que produziram filhas com maior probabilidade de permanecerem no rebanho por um período mais longo.

A característica HP é binária, indicando se a vaca permanece no rebanho a uma idade específica ou não. Portanto, a estimação do coeficiente de herdabilidade requer a utilização de metodologia específica para análise de dados categóricos. O modelo de limiar ou *threshold* relaciona a escala observada descontínua com uma escala contínua subjacente (Falconer, 1989).

Utilizando abordagens não-lineares descritas por Gianola & Foulley (1983) e Harville & Mee (1984), Delorenzo & Everett (1986) obtiveram herdabilidade para HP aos 41 e 54 meses de $0,12$ e $0,15$, não corrigindo, e $0,28$ e $0,26$, corrigindo para escala subjacente, pelo método de Van Vleck (1972). Estes resultados sugerem que os métodos não-lineares podem ter maior habilidade para detectar variação genética que os métodos lineares (Ducrocq et al., 1988).

Snelling et al. (1995) comparando métodos lineares e não-lineares para obtenção dos parâmetros genéticos para habilidade de permanência, utilizaram os métodos de máxima

verossimilhança restrita (REML) (Patterson & Thompson, 1971) e de máxima verossimilhança marginal (MML) (Hoeschele et al., 1987), na análise de dados de dois rebanhos da raça Hereford e reportaram estimativas de herdabilidade não diferentes de zero obtida por REML, e estimativas iguais a 0,21 e 0,30 para os dois rebanhos, por MML. Os autores sugeriram que o MML seria um método analítico mais apropriado para dados categóricos.

O objetivo deste trabalho foi utilizar duas metodologias para dados categóricos, inferência bayesiana e método R, para estimar parâmetros genéticos num rebanho de vacas da raça Nelore.

MATERIAL E MÉTODOS

O banco de dados editado é apresentado na Tabela 1. Os dados foram provenientes de 15 fazendas situadas nos Estados de São Paulo, Mato Grosso do Sul e Goiás, e pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Agro-Pecuária CFM Ltda.

TABELA 1. Banco de dados editado para habilidade de permanência no rebanho de vacas Nelore

Discriminação	Habilidade de permanência no Rebanho
Número de Observações	56.479
Número de Animais na Matriz de Parentesco	95.639
Número de Grupos de Contemporâneos	570
Número de Animais com Sucesso	15.699
% de Animais com Sucesso	27,8

Os animais foram criados em regime de pasto, sem suplementação. Há duas estações de monta bem definidas, sendo de outubro a dezembro e de março a maio. Para as novilhas foram destinados noventa dias de estação de monta e para as vacas sessenta dias.

A característica de HP foi analisada na idade específica de seis anos. Observações binárias, com zero (0) indicando fracasso e um (1) sucesso foram designadas para cada vaca. O sucesso foi atribuído para as vacas que pariram na idade de seis anos ou depois, dado que tenham pelo menos um bezerro registrado anteriormente, e fracasso foi atribuído às vacas que não alcançaram este pré-requisito.

O modelo utilizado incluiu grupo de contemporâneos como efeito fixo e o animal como efeito aleatório. Os grupos de contemporâneos foram compostos pelas informações de fazenda e ano de nascimento da vaca e fazenda de nascimento de cada um de seus filhos até as idades especificadas.

Para a abordagem bayesiana, o modelo de limiar usado relaciona a resposta observada na escala categórica com uma escala subjacente normal contínua. De acordo com a perspectiva bayesiana, foi assumido que as distribuições iniciais para os efeitos genéticos e os residuais seguem distribuições normais multivariadas:

$$p(\mathbf{a} | \sigma_a^2) \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$p(\mathbf{e} | \sigma_e^2) \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

em que A é a matriz de parentesco e σ_a^2 é a variância genética aditiva. Como σ_e^2 não é estimável (Gianola & Foulley, 1983), um valor arbitrário deve ser então atribuído. Para esta análise foi atribuído 1. Foram definidas distribuições a priori uniformes para os efeitos fixos e para σ_a^2 .

A técnica de aumento dos dados possibilitou a definição de distribuições posteriores condicionais simples para todos os parâmetros do modelo (Sorensen et al., 1995).

Foi obtida uma cadeia amostral com 1.100.000 ciclos, sendo considerado um *burn-in* de 100.000 ciclos e um *thin interval* de 5.000 ciclos, o que possibilitou uma baixa correlação serial entre os ciclos.

O método R (Reverter et al., 1994) utiliza regressão linear das predições dos valores genéticos mais acurado sobre o menos acurado. As predições dos valores genéticos foram obtidas na escala subjacente utilizando um modelo de limiar máximo a posteriori. A predição mais acurada foi obtida utilizando-se o conjunto de dados total e a menos acurada, uma sub-amostra aleatória dos dados. As estimativas de herdabilidade foram obtidas de 200 sub-amostras aleatórias contendo 50% dos dados, sendo que a amostragem foi feita dentro dos grupos de contemporâneos. A amostragem dentro de grupos de contemporâneos tem como meta reduzir a variância amostrada e também eliminar o viés resultante da seleção sobre os efeitos fixos (Druet et al., 2001). Segundo Reverter et al. (1994), a amostragem dentro de efeitos fixos aumenta a conectabilidade entre indivíduos, sendo importante na

minimização do efeito das variâncias amostradas. Se o coeficiente de regressão for maior que 1, então a herdabilidade está sendo subestimada, e se for menor que 1, a herdabilidade está sendo superestimada. Quando o coeficiente de regressão for igual a 1, quer dizer que a precisão foi atingida e então os componentes de variância são utilizados. O critério de convergência utilizado foi 10^{-9} para a iteração do score de Fisher requerido para a obtenção das predições máximo a posteriori.

Os intervalos de confiança foram computados para todas as estimativas de herdabilidade realizadas pelo método R, adotando-se um intervalo de confiança a 95%. Os intervalos de confiança têm como objetivo fornecer maior número de informações para a avaliação e descrição das estimativas de herdabilidade oriundas do método R (Mallinckrodt et al., 1997). Como as distribuições das herdabilidades não seguiram uma distribuição normal, foi utilizada a transformação Box-Cox para calcular os intervalos de confiança, sendo:

$$IC = \bar{X} \pm t * \sigma, \text{ em que:}$$

IC - intervalo de confiança; \bar{X} - estimativa média da herdabilidade transformada; t - valor crítico da distribuição t, para um intervalo de confiança de 95 %, com graus de liberdade N-1, em que N é o número de estimativas; σ - desvio padrão para as estimativas de herdabilidade transformada para determinado conjunto de dados. Após os cálculos dos intervalos de confiança na escala transformada, os limites foram convertidos de volta para a escala original.

Estimativas dos componentes de variância para a característica HP foram obtidas por inferência bayesiana e método R, utilizando os programas MTGSAM_THR (VAN TASSELL et al., 1998) e ABTK (GOLDEN et al., 1992), respectivamente, em análises uni-características com modelo animal.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2 são apresentadas as estimativas pontuais, desvios-padrão e as regiões de credibilidade a 95% (intervalo de confiança a 95%, para o método R) dos coeficientes de herdabilidade para a característica HP.

TABELA 2. Estimativa dos coeficientes de herdabilidades para habilidade de permanência no rebanho de vacas Nelore pelos métodos de inferência bayesiana e R

Método	Número de Amostras	Média	Desvio Padrão	Região credibilidade, 95%
Bayesiano	200 ¹	0,216	0,024	0,174 a 0,249
R	200 ²	0,158	0,036	0,098 a 0,246 ³

¹ - número de ciclos pós *thin interval*; ² - número de sub-amostras de 50% dos dados;

³ - Intervalo de confiança a 95%

As estimativas médias (\pm desvio-padrão) de herdabilidade para HP obtidas pela IB e MR foram de $0,216 \pm 0,024$ e $0,158 \pm 0,036$, respectivamente. Snelling et al. (1995) obtiveram valores similares em rebanhos da raça Hereford, bem como Doyle et al. (2000) estudando fêmeas da raça Angus e Silva et al. (2003) estudando vacas Nelore. A técnica utilizada neste trabalho baseia-se em modelos não lineares, como nos trabalhos de Snelling et al. (1995), Doyle et al. (2000) e Silva et al. (2003), que parecem mais adequados para a análise de dados categóricos.

A região de credibilidade (RC) a 95% foi de 0,174 a 0,249, para a IB, e o intervalo de confiança (IC) a 95% foi de 0,098 a 0,246, para o MR. Estes resultados também estão de acordo com os trabalhos de Snelling et al. (1995), Doyle et al. (2000) e Silva et al. (2003). Nota-se ainda que a estimativa de herdabilidade obtida pela IB está compreendida no IC a 95% das estimativas obtidas pelo método R. Assim sendo, não podemos dizer que as estimativas são diferentes.

As estimativas, embora não possam ser consideradas altas, sugerem que resposta à seleção e ganho genético podem ser alcançados por seleção. As diferenças esperadas na progênie (DEPs) de HP utilizadas na seleção de touros são principalmente uma predição da habilidade das suas filhas em conceber e produzir bezerras quando fêmeas maduras.

Deve ser lembrado que a HP é uma característica economicamente importante, pois engloba outras características que (junto com seus valores econômicos) maximizam a resposta do objetivo de seleção para um determinado sistema de produção e comercialização.



CONCLUSÕES

Ambos os métodos permitem estimar parâmetros genéticos para características categóricas, podendo ser utilizados em programas de avaliação genética de bovinos de corte.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- DELORENZO, M.A.; EVERETT, R.W. Prediction of sire effects for probability of survival to fixed ages with a logistic linear models. **J. Dairy Sci.**, v. 69, p. 501-509, 1986.
- DOYLE, S.P.; GOLDEN, B.L.; GREEN, R.D.; BRINKS, J.S. Additive genetic parameter estimates for heifer pregnancy and subsequent reproduction in Angus females. **J. Anim. Sci.**, v. 78, p. 2091-2098, 2000.
- DRUET, T.; MISZTAL, I.; DUANGJINDA, M. et al. Estimation of genetic covariances with Method R. **J. Anim. Sci.**, v.79, p.605-615, 2001.
- DUCROCQ, V.; QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J. et al. Length of productive live of dairy cows: 2. Variance component estimation and sire evaluation. **J. Dairy Sci.**, v. 71, p. 3071, 1988.
- FALCONER, D.S. **Introduction to Quantitative Genetics**. 3rd Ed. Longman Scientific and Technical, New York, 1989.
- GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. **Genet. Sel. Evol.**, v.15, p.201-224, 1983.
- GOLDEN, B.L.; SNELLING, W.M.; MALLINCKRODT, C.H. **Animal breeder's toolkit: User's guide and reference manual**. Colo. State Univ. Agric. Exp. Stn. Tech. Bull. LTB92-2. 1992.
- HARVILLE, D.A.; MEE, R.W. A mixed model procedure for analyzing ordered categorical data. **Biometr.**, v. 40, p. 393-408, 1984.
- HOESCHELE, I.; GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Estimation of variance components with quasi-continuous data using Bayesian methods. **J. Anim. Breed. Genet.**, v. 104, p.334-349, 1987.
- MALLINCKRODT, C.H.; GOLDEN, B.L.; REVERTER, A. Approximate confidence intervals for heritability from Method R estimates. **J. Anim. Sci.**, v.75, p.2041-2046, 1997.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biomet.**, v. 58, p. 545-54, 1971.
- REVERTER, A.; GOLDEN, B.L.; BOURDON, R.M. et al. Method R variance components procedure: application on the simple breeding value model. **J. Anim. Sci.**, v.72, p.2247-53, 1994.
- SILVA, J. A. II de V.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. et al. Heritability estimate for stayability in Nellore cows. **Livest. Prod. Sci.**, v. 79, p. 97-101, 2003.
- SNELLING, W.M.; GOLDEN, B.L.; BOURDON, R.M. Within-herd analyses of stayability of beef females. **J. Anim. Sci.**, v. 73, p. 993-1001, 1995.
- SORENSEN, D.A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D. et al. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genet. Sel. Evol.**, v. 27, p. 229 - 249, 1995.
- VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. **J. Anim. Sci.**, v. 76, p. 2048-2061, 1998.
- VAN VLECK, L.D. Estimation of heritability of threshold characters. **J. Dairy Sci.**, v. 55, p. 218, 1972.