



VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal *São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008*

Curvas de probabilidade de postura em codornas

Robson Marcelo Rossi¹, Elias Nunes Martins²

¹Departamento de Estatística-UEM, e-mail: rmrossi@uem.br

²Departamento de Zootecnia-UEM, e-mail: enmartins@uem.br

Resumo – Para estabelecer um modelo para a produção de ovos de codornas em três linhagens distintas, avaliou-se a utilização de um modelo condicional e outro com efeitos aleatórios, na presença e ausência de covariáveis. Funções com ligação logística são assumidas em uma abordagem Bayesiana para os modelos propostos. Sem considerar covariáveis nos modelos, observou-se que o modelo condicional não é adequado para ajustar os dados para nenhuma das três linhagens analisadas. Alternativamente, podem ser ajustados de forma mais adequada quando se utiliza o modelo de efeitos aleatórios com função de ligação logística, de acordo com o critério DIC (*Deviance Information Criterion*). As covariáveis grupo de eclosão e dieta não foram significantes na composição do modelo. As linhagens diferem significativamente quanto aos parâmetros das curvas de postura média.

Palavras-chave: análise Bayesiana, equações não-lineares, dados binários correlacionados, DIC, efeito aleatório.

Curves of laying probability in quails

Abstract – This study aimed to establish a model to adjust egg production of quails from three different lineages, using a conditional model and another model with random effects, in the presence and absence of covariates. Functions with logistic connections are assumed in a Bayesian approach for the proposed models. The conditional model without covariates was not appropriate to adjust the data for none of the analyzed lineages. Alternatively, they can be appropriately adjusted by a model of random effects with function of logistic connections, according to the DIC (*Deviance Information Criterion*). Hatching group and diet covariates were not significant in the composition of the model. The lineages differ significantly for the average laying curve parameters.

Keywords: Bayesian analysis, non-linear equations, binary data correlated, DIC, random effect.

Introdução

Em estudos de melhoramento genético, é comum a estrutura de dados conter observações de um mesmo indivíduo ao longo do tempo, além da estrutura de parentesco entre grupos desses indivíduos. Gianola (2001) relata que modelos hierárquicos ou em

múltiplos estágios para dados longitudinais, podem ser assumidos. Para o primeiro estágio de análise, uma função matemática é usada para descrever a trajetória esperada dos indivíduos e um resíduo estocástico reflete alguma distribuição das observações em sua trajetória (são estimados aqui os parâmetros da curva de cada indivíduo). Para o segundo estágio um sub-modelo é usado para descrever a variação entre indivíduos dos parâmetros especificados no primeiro estágio, geralmente são incluídos aqui, os efeitos genéticos e ambientais.

Respostas binárias ou dicotômicas assumem distribuição de Bernoulli com probabilidade de sucesso desconhecida. Normalmente assume-se que observações tomadas longitudinalmente são independentes, o que não reflete a realidade biológica, já que são observações de um mesmo indivíduo ao longo do tempo. Os métodos de regressão padrões são inadequados por vários motivos, entre eles pode-se citar que as covariáveis podem ser fixas para todos os tempos ou variar nos tempos; existe o fator tempo; observações repetidas para a mesma unidade experimental tendem a serem correlacionadas. A abordagem Bayesiana é apropriada para a obtenção de sumários a posteriori de interesse, já que usualmente, em experimentos envolvendo dados binários correlacionados, existem várias covariáveis de interesse, o que acarreta em um grande número de parâmetros.

Este trabalho avaliou em três linhagens distintas a utilização de modelos probabilísticos na descrição de curvas de produção de ovos de codornas, para o primeiro estágio de avaliações genéticas, visando estabelecer o melhor modelo, dentre os propostos, sob o ponto de vista Bayesiano. Considerando a produção diária de ovos, isto é, se a ave pôs ou não pôs o ovo, três modelos serão analisados: nos dois primeiros (M_1 e M_2), respectivamente, um modelo condicional log-linear e um modelo logístico com efeitos aleatórios normais, não há presença de covariáveis; o terceiro (M_3) tem estrutura de um modelo logístico assumindo a presença das covariáveis grupo de eclosão e dieta. Para o melhor modelo, as curvas médias de produção foram comparadas entre as linhagens.

Material e Métodos

O experimento foi realizado no setor de Coturnicultura da Fazenda Experimental de Iguatemi, pertencente à Universidade Estadual de Maringá – PR - Brasil, com a utilização das linhagens “amarela”, “azul” e “vermelha” (cor das anilhas), respectivamente com 308, 374 e 378 codornas de postura em desenvolvimento no local.

Os ovos para obtenção das aves foram incubados em duas ocasiões, gerando dois grupos de eclosão. Aos 28 dias de idade as aves foram alojadas em gaiolas individuais e alimentadas com um dos tipos de ração: de alta energia (Dieta 1: 2.900 Kcal/Kg de energia metabolizável) e de baixa energia (Dieta 2: 2.500 Kcal/Kg de energia metabolizável).

Foi considerado como Bernoulli, y_{ij} , o valor observado da postura na ocasião j , do animal i , onde $j = 1, 2, \dots, J (=90)$ e $i = 1, 2, \dots, n (= 308, 374 \text{ e } 378, \text{ respectivamente, para as linhagens amarela, azul e vermelha})$. Três modelos foram considerados na análise:

Modelo M_1 (sem covariáveis): Modelo condicional log-linear com função de ligação logística sugerido por R. R. Bush e F. Mosteller (*Stochastic Models for Learning* - Wiley, 1955, *apud* Kalbfleisch, 1985).

Modelo M_2 (Modelo de efeitos aleatórios com função de ligação Logística - sem covariáveis): Considerando que a probabilidade de postura $P(y_{ij} = 1)$, θ_{ij} .

Ao considerar uma função de ligação logística, de modo geral, a probabilidade de postura, agora θ_{ij} , é dada por: $\theta_{ij} = \frac{\exp\{\alpha_{ij} + j\beta_{ij}\}}{1 + \exp\{\alpha_{ij} + j\beta_{ij}\}}$, tal que: $\logit(\theta_{ij}) = \alpha_{ij} + j\beta_{ij}$, em

que $\alpha_{ij} = \alpha_i$: efeito aleatório do indivíduo i para todas as ocasiões; $\beta_{ij} = \beta_i$: coeficientes de regressão do indivíduo i para todas as ocasiões.

Modelo M₃ (Modelo de efeitos aleatórios com função de ligação Logística - com covariáveis): O modelo M₂ foi generalizando, ao considerar uma função de ligação logística com as covariáveis: grupo de eclosão e dieta.

Para a modelagem Bayesiana foram consideradas distribuições Normais a priori não-informativas para α e β , tal que: $\alpha_i = N(0, \sigma_\alpha^2)$ e $\beta_i = N(0, \sigma_\beta^2)$, assumindo uma estrutura hierárquica com hiperparâmetros $\sigma^2 \sim \text{Gamma}(10^{+3}, 10^{+3})$.

Os cálculos estatísticos, foram realizados com o auxílio do *software* WinBUGS (Spiegelhalter *et al.*, 1994). Os modelos foram comparados por meio do *Deviance Information Criterion* (DIC), proposto por Spiegelhalter *et al.* (2002). A convergência das cadeias foi realizada por meio da livreria CODA no R (Development Core Team, 2007).

Foi utilizada a média a posteriori da distribuição marginal condicional dos parâmetros de interesse de cada animal, e calculada a média geral com o objetivo de apresentar uma curva média para cada linhagem estudada: $\bar{\alpha} = \text{média}(\alpha_i)$, $\bar{\beta} = \text{média}(\beta_i)$ e $\bar{\beta}_k = \text{média}(\beta_{ki})$, desta forma a curva média será dada por: $\logit(\bar{\theta}_j) = \bar{\alpha} + x_k \cdot \bar{\beta}_k$. Comparações entre as linhagens foram feitas, considerando a diferença entre os parâmetros analisados: $\Delta_\alpha = \alpha_i - \alpha_j$ e $\Delta_\beta = \beta_i - \beta_j$; $i, j = 1, 2, 3$ com $i \neq j$. Se $0 \notin \text{ICr}(95\%, \Delta)$ conclui-se pela diferença significativa.

Resultados e Discussão

Os modelos foram ajustados as dados e por meio do menor DIC significativo, verificou-se que o modelo M₂ foi o melhor modelo nas linhagens analisadas.

Tabela 1. Critério de Informação de Deviance (DIC).

Linhagem	M ₁	M ₂	M ₃
<i>Amarela</i>	20.686,2	17.150,0	17.150,0
<i>Azul</i>	29.023,6	23.650,0	25.969,5
<i>Vermelha</i>	27.926,5	21.240,0	25.332,7

Considerando o modelos M₂, as médias *a posteriori* dos parâmetros das curvas de postura dos animais foram: $\bar{\alpha} = -0,4518$ e $\bar{\beta} = 0,08302$; $\bar{\alpha} = -1,17$ e $\bar{\beta} = 0,084787$; $\bar{\alpha} = -0,8178$ e $\bar{\beta} = 0,0894$, respectivamente, linhagem amarela, azul e vermelha. A linhagem amarela apresentou indicativo de superioridade em relação a probabilidade de postura e essa hipótese foi verificada, por meio de contrastes entre as distribuições *a posteriori*. Os resultados apresentados na Tabela 2 indicam diferenças significativas a 5%, entre todas as linhagens, considerando o parâmetro que representa o início da postura (α) e o parâmetro que representa a evolução da postura (β).

Tabela 2. Estimativas *a posteriori* das distribuições dos contrastes entre parâmetros das curvas médias, com seus respectivos intervalos de credibilidade (P_{2.5%}-P_{97.5%}) em nível de 95%.

Contrastes	Média	DP	Mediana	P _{2.5%}	P _{97.5%}
$\Delta_{\alpha}^1 = \alpha_1 - \alpha_2$	0,71914	0,00142	0,71910	0,71715	0,72112*
$\Delta_{\alpha}^2 = \alpha_1 - \alpha_3$	0,83551	0,00632	0,83533	0,82513	0,84692*
$\Delta_{\alpha}^2 = \alpha_2 - \alpha_3$	0,11637	0,00670	0,11583	0,10432	0,12927*
$\Delta_{\beta}^1 = \beta_1 - \beta_2$	-0,00176	0,00032	-0,00185	-0,00234	-0,00112*
$\Delta_{\beta}^2 = \beta_1 - \beta_3$	-0,01368	0,00010	-0,01370	-0,01381	-0,01347*
$\Delta_{\beta}^3 = \beta_2 - \beta_3$	-0,01191	0,00037	-0,01186	-0,01260	-0,01123*

Δ^1 : contraste entre linhagem amarela e azul; Δ^2 : contraste entre linhagem amarela e vermelha; Δ^3 : contraste entre linhagem azul e vermelha; * *Diferença significativa a 5%*.

Conclusões

A metodologia Bayesiana se mostrou de fácil utilização e eficiente para modelar a produção diária de ovos de codornas.

O modelo condicional log-linear (M₁) não se mostrou adequado para ajustar os dados de postura de ovos codornas para as linhagens analisadas no primeiro estágio. Alternativamente, o modelo de efeitos aleatórios com função de ligação logística (M₂), que não assume covariáveis, é suficiente e adequado para o ajuste já que grupo de eclosão e dieta não foram significativas para o modelo.

As linhagens diferem significativamente, considerando os parâmetros das curvas de postura média de produção.

Literatura Citada

- GIANOLA, D. Bayesian analyses of Longitudinal Data with Quantitative Genetic Applications. In: RBRAS e 9º SEAGRO, 46., 2001, Piracicaba. **Proceeding...**, Piracicaba: ESALQ/USP 2001.
- KALBFLEISCH, J. G. **Probability and statistical inference**. Volume 2.Ed., Springer-Verlag, NY, 1985.
- R Development Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2007. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>.
- SPIEGELHALTER, D. J. et al. **BUGS - Bayesian Inference using Gibbs Sampling**. MRC Bioestatics Unit, Cambridge, 1994.
- SPIEGELHALTER, D. J. et al. BUGS – A Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society Series B**, v.64, p.583-639, 2002.