



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

Inferência robusta e heterocedástica em componentes de variância e parâmetros genéticos multirraciais de uma população cruzada Nelore-Angus sob enfoque Bayesiano¹

Mauricio Morgado de Oliveira², Fernando Flores Cardoso³, José Carlos da Silveira Osório⁴

¹Parte da tese de doutorado do primeiro autor

²Doutorando do Programa de Pós-graduação em Zootecnia-UFPEL/Pelotas-RS, e-mail: mmo@ufpel.tche.br, bolsista do CNPq

³Pesquisador da Embrapa Pecuária Sul - Bagé - RS. e-mail: fcardoso@cppsul.embrapa.br

⁴Departamento de Zootecnia - FAEM-UFPEL/Pelotas - RS, e-mail: jcosorio@ufpel.tche.br, bolsista do CNPq

Resumo – Os objetivos desse estudo foram utilizar um modelo animal multirracial (MAMR) heterocedástico e robusto para considerar heterogeneidade de variância residual devido à raça, heterozigosidade, sexo e grupo de contemporâneos (GC) e robustez para dados extremos, verificando suas conseqüências nas estimativas de componentes de variância e herdabilidades. Foram utilizados 4.016 registros de ganho de peso pós-desmame (GPD) do rebanho de formação da raça Brangus-Ibagé da Embrapa Pecuária Sul, analisados por um MAMR com quatro especificações diferentes da distribuição dos resíduos definidas pela natureza da variância residual homocedástica (HO) ou heterocedástica (HE) e pela densidade marginal dos resíduos Gaussiana (G) ou t de Student (T). O melhor ajuste aos dados foi pelo MAMR-T-HE e foi observada heterocedasticidade devido ao sexo e heterozigosidade dos animais e entre GC.

Palavras-chave: Angus, avaliação genética, inferência bayesiana, multirracial, Nelore

Robust and heteroskedastic inference in variance components and parameters genetic multibreed of a Nelore-Angus crossbred population under Bayesian approach

Abstract – The objectives of this study were to use a multibreed animal model (MAMR) heteroskedastic and robust to consider heterogeneity of residual variance due to breed, heterozygosity, sex and contemporary groups (CG) and to allow robustness to outliers, verifying its consequences on variance components and heritability estimates. Post weaning gain records on 4,016 calves from Brangus breed foundation herd at Embrapa South – Cattle and Sheep were analyzed by MAM with four different residual distribution specifications defined by the nature of residual variance homoskedastic (HO) or Heteroskedastic (HE) and by residual marginal density Gaussian (G) or Student *t* (T). The best data fit was by the MAMR-T-HE and heteroskedasticity due to animal sex and heterozygosity and GC.

Keywords: Angus, Bayesian inference, genetic evaluation, multibreed, Nelore

Introdução

Os ambientes de criação onde o desempenho de bovinos de corte é registrado com vista às avaliações genéticas têm geralmente ampla diversidade climática e de sistemas de produção, freqüentemente com qualidade de dados comprometida por ocorrência de erros de registro, de tratamento preferencial e de potencial efeito de lesões ou doenças (Cardoso et al., 2005). A utilização de modelos hierárquicos é uma alternativa para as avaliações genéticas de populações com registros de dados caracterizados por diferentes tipos de heterogeneidade residual (Foulley et al., 1992) assim como a robustez a dados extremos (Stranden & Gianola, 1998). Os objetivos desse estudo foram: 1) Aplicar um modelo animal multirracial heterocedástico e robusto para considerar heterogeneidade de variância residual devido à raça, heterozigosidade, sexo e grupo de contemporâneos e robustez para dados extremos; 2) Verificar as conseqüências do emprego de um modelo multirracial heterocedástico robusto nas estimativas de componentes de variância e herdabilidades.

Material e Métodos

Foram utilizados neste estudo, dados de ganho pós-desmame (GPD) padronizado para um período de teste de 345 dias do rebanho de formação da raça Brangus-Ibagé (3/8 Nelore x 5/8 Angus) da EMBRAPA Pecuária Sul, totalizando 4.016 registros e 4.819 animais representados no arquivo de pedigree. Os animais com registros tiveram composições raciais que variavam de Angus puro a $\frac{3}{4}$ Nelore, com nenhum animal Nelore puro com registro. Todos esses animais foram criados em pastejo sob condições extensivas.

Para as análises foi adotado um modelo animal multirracial (MAMR; Cardoso & Tempelman, 2004), que pressupõem variâncias genéticas específicas para cada raça e, neste caso, com variância genética devida à segregação entre raças igualada à zero. Seguindo Cardoso et al. (2005), quatro especificações diferentes da distribuição dos resíduos foram consideradas baseadas em um arranjo fatorial 2 x 2 no qual o primeiro fator foi definido pela natureza da variância residual homocedástica (HO) ou heterocedástica (HE) e o segundo fator foi baseado em duas especificações alternativas para a densidade marginal dos resíduos Gaussiana (G) ou *t* de Student (T). O modelo linear misto para todas essas especificações residuais incluiu os efeitos “fixos” de sexo, coeficientes de regressão linear e quadrático associados com idade da vaca, proporção da raça Angus, dominância Nelore-Angus e epistático aditivo x aditivo Nelore-Angus e os efeitos aleatórios de grupo de contemporâneos (GC) e genético aditivo direto. A inferência foi baseada em métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov de 100.000 ciclos, após um período de descarte de 10.000 ciclos. Para verificar o modelo de melhor ajuste foram utilizados o Critério de Informação da Deviance (DIC) e a deviance baseada nos pseudo-fatores de Bayes (PBF).

Resultados e Discussão

Os critérios adotados para avaliar o ajuste dos modelos, DIC e a deviance baseada em PBF, favoreceram os modelos multirraciais heterocedásticos em detrimento aos homocedásticos. Com relação à avaliação da importância da densidade marginal dos resíduos (Gaussiana ou *t* de Student), os modelos *t* de Student foram superiores. Desta forma, o MAMR-T-HE foi o modelo mais adequado por ambos os critérios.

A média a posteriori de dos graus de liberdade ou parâmetros de robustez (ν) nos modelos robustos *t* de Student, MAMR-T-HO e MAMR-T-HE, foram $4,76 \pm 0,51$ e $8,16 \pm 1,67$, respectivamente. Esses resultados foram bastante similares aos obtidos por Cardoso et

al. 2005 para o modelo t de Student homocedástico de $4,79 \pm 0,21$ e para o modelo t de Student heterocedástico de $7,33 \pm 0,48$, indicando distribuição residual similar nestes dois conjuntos de dados de ganho pós-desmama. Os valores observados são baixos, na faixa entre quatro e oito, que está associado com a presença substancial de dados extremos em relação à pressuposição de distribuição normal dos resíduos (Stranden & Gianola, 1998).

A heterocedasticidade residual entre GC foi ajustada no modelo pela especificação de efeitos escalares aleatórios para a variância residual e pelo parâmetro de heterocedasticidade η (Cardoso et al., 2005). As médias a posteriori de η para MAMR-G-HE e MAMR-T-HE de $3,97 \pm 0,74$ e $4,50 \pm 0,93$, respectivamente, demonstram evidência de heterocedasticidade entre GC. Observa-se uma tendência de que a variabilidade residual diminua com o aumento da proporção da raça Angus, uma vez que o correspondente fator multiplicativo da variância residual foi de $0,73 \pm 0,24$ e $0,70 \pm 0,24$, respectivamente, para MAMR-G-HE e MAMR-T-HE. Já, o efeito da heterozigossidade na heterocedasticidade residual foram mais convincente, pois os fatores multiplicativos para MAMR-G-HE e MAMR-T-HE foram $0,35 \pm 0,09$ e $0,36 \pm 0,10$, respectivamente, indicando que enquanto a aumenta heterozigossidade a variabilidade residual diminui. Este resultado é consistente com a teoria que a heterozigossidade age como um tampão homeostático para minimizar a variação ambiental e com os resultados obtidos por outros autores (Cardoso et al., 2005). Finalmente, observa-se que o efeito de sexo na variabilidade residual foi muito similar nos dois modelos de erro heterocedástico, e pelo MAMR-T-HE machos inteiros ($1,39 \pm 0,20$) apresentaram variabilidade residual quase 40% maior do que os machos castrados ($1,03 \pm 0,13$) e que as fêmeas (restringido em 1,00).

As estimativas das variâncias genéticas das raças Nelore e Angus diferiram substancialmente entre os diferentes modelos. A raça Angus teve uma variância genética média a posteriori de $189,8 \pm 27,1 \text{ kg}^2$, a qual foi mais de duas vezes maior que a obtida para a raça Nelore de $83,6 \pm 23,3 \text{ kg}^2$ pelo MAMR-G-HO, entretanto, os respectivos valores para o MAMR-T-HO ($130,07 \pm 23,02$ e $93,74 \pm 27,76 \text{ kg}^2$) foram mais próximos e não houve diferença significativa entre esses valores pelo MAMR-G-HE ($127,97 \pm 26,82$ e $131,82 \pm 46,89 \text{ kg}^2$) e pelo MAMR-T-HE ($113,67 \pm 24,26$ e $126,78 \pm 40,80 \text{ kg}^2$). Nos modelos com homocedasticidade residual, MAMR-G-HO e MAMR-T-HO, as diferenças em herdabilidade são exclusivamente devidas à variância genética e, portanto, as herdabilidades observadas foram crescentes com a proporção de Angus, com maiores diferenças para MAMR-G-HO (Figura 1). Nos modelos heterocedásticos, MAMR-G-HE e MAMR-T-HE observa-se maiores diferenças de herdabilidade entre os distintos grupos raciais, pois estas são também devido à raça e à heterozigossidade. Esse padrão de variação das estimativas das herdabilidade entre modelos considerando ou não robustez e heterocedasticidade também foi observado por Cardoso et al. (2005), que trabalhando com uma população cruzada Nelore-Hereford observaram inversão da variabilidade genética dessas raças entre modelos homocedásticos e heterocedásticos.

Conclusões

Avaliações genéticas multirraciais robustas baseadas no modelo t de Student por considerar variâncias genéticas e residuais heterogêneas são mais apropriadas para realizar inferência no mérito genético de animais cruzados Angus-Nelore.

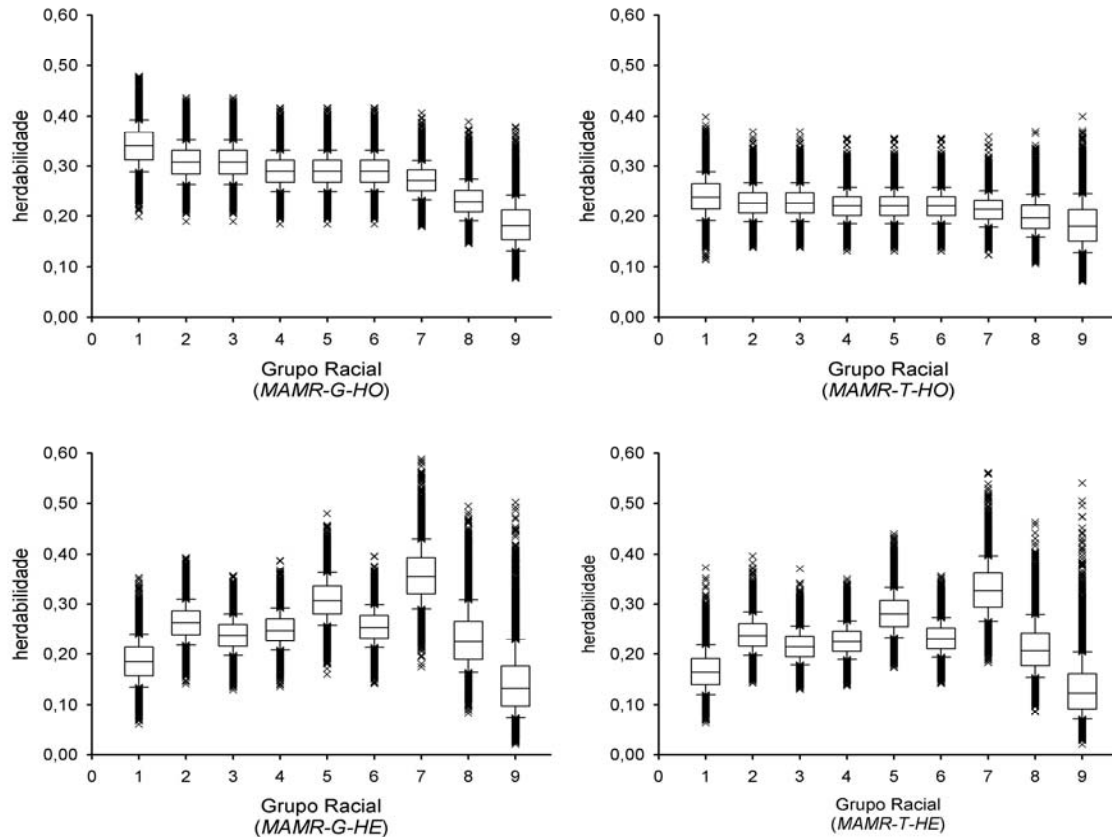


Figura 1 – Box-plots da distribuição a posteriori da herdabilidade de acordo com os grupos raciais: 1 – Angus; 2 – $\frac{3}{4}$ Angus; 3 - $\frac{3}{4}$ Angus avançado; 4 - $\frac{5}{8}$ Angus (PZ); 5 - $\frac{5}{8}$ Angus (ZA); 6 - $\frac{5}{8}$ Angus (PA); 7 - $\frac{1}{2}$ Angus; 8 - $\frac{1}{4}$ Angus e 9 - Nelore, para modelos animais multirraciais (MAMR) com diferentes combinações de distribuições residuais Gaussiana (G) ou t de Student (T), homocedástica (HO) ou heterocedástica (HE) para ganho pós-desmame em Nelore-Angus

Literatura Citada

- CARDOSO, F.F.; ROSA, G.J.M.; TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1766-1779, 2005.
- CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Hierarchical Bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. **Journal of Animal Science**, v.82, n.6, p.1589-1601, 2004.
- FOULLEY, J.L.; CRISTOBAL, M.S.; GIANOLA, D.; IM, S. Marginal likelihood and Bayesian approaches to the analysis of heterogeneous residual variances in mixed linear gaussian models. **Computational Statistics & Data Analysis**, v.13, n.3, p.291-305. 1992.
- STRANDEN, I.; GIANOLA, D. Attenuating effects of preferential treatment with Student-t mixed linear models: A simulation study. **Genetics Selection Evolution**, v.30, n.6, p.565-583, 1998.