

VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 10 e 11 de junho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Análises multicaracterísticas da produção de leite no dia do controle de vacas da raça Gir utilizando componentes principais

Annaiza Braga Bignardi¹, Lenira El Faro², Lucia Galvão de Albuquerque³, Humberto Tonhati³, Carlos Henrique Cavallari Machado⁴

¹Doutoranda do Programa de Pós-Graduação Genética e Melhoramento Animal – UNESP-FCAV/Jaboticabal-SP. Bolsista da Fapesp. e-mail: annaiza@hotmail.com

²Pesquisador Científico – Faz. Experimental de Zootecnia de Ribeirão Preto – SAA -Apta-SP . e-mail: lenira@apta.sp.gov.br

³Professor adjunto - FCAV - UNESP/Jaboticabal. Pesquisador do CNPQ e INCT-CA.

⁴ABCZ - Superintendente técnico-adjunto de Melhoramento Genético

Resumo: Foram analisados 14.035 controles leiteiros mensais de produção de leite de 2.440 primeiras lactações de vacas da raça Gir leiteiro. As análises foram realizadas por meio de 4 modelos: multicaracterísticas padrão, três modelos de posto reduzido ajustando os primeiros 2,3 e 4 componentes principais genéticos. Para todos os modelos foram considerados os efeitos aleatórios genético aditivo e residual, e os efeitos sistemáticos do grupo de contemporâneo e da idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrática) e do número de dias em lactação (efeito linear). A matriz de covariâncias residual, para todos os modelos, foi assumida ter posto completo. Os resultados indicam que somente dois componentes principais são requeridos para modelar a estrutura de covariâncias genéticas entre as produções de leite no dia do controle. Além disso, o modelo de posto reduzido diminui consideravelmente o número de parâmetros, sem reduzir a qualidade de ajuste.

Palavras-chave: componente principal, modelos posto reduzido, herdabilidade

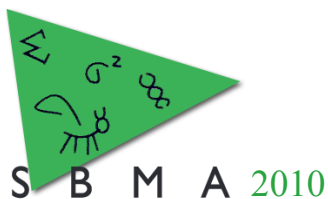
Multivariate analyses of test-day milk yields for Gyr cattle fitting principal components

Abstract: A total of 14,035 individual monthly test-day milk yields from 2,440 complete first lactations of Gyr cattle. A standard multivariate analysis, reduced rank analyses fitting the first 2, 3 and 4 genetic principal components were carried out. All models included also fixed effects of the contemporary groups, age of cow (linear and quadratic effects) and days in milk (linear effect). The residual covariance matrix was assumed to have full rank throughout. The results indicate that only two principal components are required to model the genetic covariance structure among the test-days milk yield. Furthermore, reduced rank model allows decreasing the number of parameter without reducing the goodness of fit considerably.

Keywords: heritability, principal components, reduced rank analyses

Introdução

Os modelos denominados “test-day models” (TDM), tem sido o método de escolha para análise de produção de leite no dia do controle (PLDC). Nos TDM é possível a inclusão de lactações incompletas, aumentando o número de filhas por touro, proporcionando, conseqüentemente, uma maior confiabilidade nos testes de touros (Swalve, 1995). A maior desvantagem dos TDM é a dificuldade computacional de analisar um elevado volume de dados e a necessidade de estimar muito mais parâmetros, uma vez que utilizando modelo multicaracterísticas completo cada PLDC é considerada como uma característica distinta, assim o número de efeitos no modelo aumenta linearmente com o número de controles considerados. Todavia, atualmente, existem diferentes abordagens para diminuir a dimensão dos dados, como a análise de componentes principais (modelos de posto reduzido). A análise de componentes principais tem como objetivo identificar os fatores que explicam a máxima quantidade de variação, e constitui na transformação de um conjunto de variáveis originais correlacionadas, num novo conjunto de variáveis as quais são combinações lineares das variáveis originais, mas não são correlacionadas entre si, eliminando assim as informações redundantes (Kirkpatrick & Meyer, 2004). O objetivo proposto neste trabalho foi comparar as diferentes metodologias de análises multicaracterísticas,



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 10 e 11 de junho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

para a produção de leite no dia do controle de primeiras lactações de vacas da raça Gir visando implementar a utilização destes modelos em programas de avaliação genética de bovinos de leite.

Material e Métodos

Foram analisados 14.035 controles leiteiros mensais de produção de leite de 2.440 primeiras lactações de vacas da raça Gir leiteiro pertencentes a rebanhos controlados pela Associação Brasileira de Criadores de Gado Zebu (ABCZ). Os dados analisados foram provenientes de animais de 24 a 61 meses de idade, com partos registrados entre os anos de 1990 e 2005, de 119 rebanhos de diversas regiões do Brasil. As lactações foram registradas a partir do quinto dia de lactação e foram truncadas aos 305 dias. As produções de leite no dia do controle (PLDC) foram agrupadas em dez classes mensais de lactação. Foram realizadas 4 análises multi-características: multicaracterísticas padrão, três modelos de posto reduzido ajustando os primeiros 2, 3 e 4 componentes principais genéticos. Para todos os modelos foram considerados os efeitos aleatórios genético aditivo e residual, e os efeitos sistemáticos do grupo de contemporâneo (rebanho-ano-mês do controle) e da idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrática) e do número de dias em lactação (efeito linear). A matriz de covariâncias residual, para todos os modelos, foi assumida ter posto completo. Os componentes de covariância e os parâmetros genéticos dos modelos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando o pacote Wombat (Meyer, 2006). A comparação entre os modelos foi efetuada pelos critérios de informação de Akaike e Bayesiano de Schwarz.

Resultados e Discussão

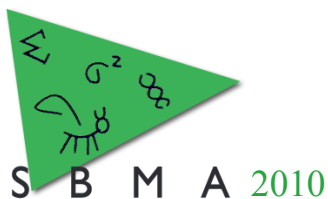
Os resultados das análises com os valores do logaritmo da função de verossimilhança (log L), o critério de informação de Akaike (AIC) e o Bayesiano de Schwarz (BIC) estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Modelos, número de parâmetros (n), função de verossimilhança (log L) e critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC).

Modelos*	n	log L	AIC	BIC
MCP2	74	-18834,79	37817,58	38382,15
MCP3	82	-18831,84	37822,76	38453,29
MCP4	89	-18831,01	37840,05	38519,07
MC	110	-18831,66	37883,32	38722,55

*MCPn: modelo ajustando n primeiros componentes principais, MC: modelo multicaracterísticas. Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em AIC e BIC.

O modelo contendo o maior número de parâmetros (MC) promoveu o pior ajuste, de acordo com os dois critérios de comparação. Dentre os modelos avaliados, foi possível observar que os valores de ambos os critérios (AIC e BIC) diminuíram quando o número de parâmetro dos modelos MCP reduziu. Entre todos os modelos analisados, o MCP2 foi o melhor de acordo com ambos os critérios, além disso, esse modelo apresentou convergência mais rápida. Comparando o MCP2 ao MC, que por sua vez apresentou pior ajuste, há uma expressiva redução no número de parâmetros (36). Meyer (2009) também reportou que os MCP apresentaram convergência mais rápida que o MC. As estimativas de variância fenotípica obtidas pelos modelos MC e MCP2 foram muito similares, sendo mais elevadas no período intermediário da lactação (entre as PLDC3 e PLDC5). As estimativas de variâncias genéticas obtidas pelo MC foram superiores às obtidas pelo MCP2 em todo o período da lactação, principalmente na PLDC1 e PLDC10. Na Tabela 2, são apresentadas as estimativas de herdabilidade para as PLDC obtidas pelos modelos MC e MCP2. Nota-se que as herdabilidades estimadas pelos dois modelos foram muito próximas em todas as PLDC, exceto na PLDC1 e PLDC10. Herrera et al. (2008), utilizando mesmo conjunto de dados, mas utilizando modelos de regressão aleatória empregando função de Ali & Schaeffer, reportaram estimativas de herdabilidade muito semelhantes às relatadas neste estudo. Já Costa et al. (2002) trabalhando também com vacas da raça Gir, utilizando modelos de regressão aleatória empregando polinômios de Legendre, encontraram estimativas de herdabilidade mais altas, variando de 0,71 (início) a 0,27 (final da lactação).



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 10 e 11 de junho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade para as produções de leite no dia do controle (PLDC) obtidas com os modelos multicaudalísticas padrão (MC) e modelos de posto reduzido ajustando os dois primeiros componentes principais.

Modelos	PLDC1	PLDC2	PLDC3	PLDC4	PLDC5	PLDC6	PLDC7	PLDC8	PLDC9	PLDC10
MC	0,28	0,21	0,21	0,23	0,21	0,28	0,26	0,25	0,23	0,25
MCP2	0,24	0,19	0,21	0,22	0,20	0,26	0,24	0,23	0,22	0,21

As estimativas de correlações genéticas obtidas pelo MC foram de menor magnitude que às obtidas pelo MCP2, principalmente entre as PLDC do início e do final da lactação. Nos dois modelos as PLDC adjacentes no período final da lactação apresentaram estimativas de correlações genéticas próximas à unidade. Assim o modelo MCP2 poderia ser adotado, uma vez que, foram constatadas poucas mudanças nos parâmetros genéticos estimados em relação ao MC. Um aspecto importante a ser considerado em avaliações genéticas de um grande número de animais e características como em programas de avaliação nacionais de leite, é o requerimento computacional. Em bovinos de leite as PLDC têm substituído a produção acumulada até 305 dias e além das PLDC, outras características como a percentagem de proteína, a percentagem gordura, os sólidos totais e contagem de células somáticas também vêm sendo incorporadas aos programas. O emprego de modelos de posto reduzido ao invés de modelos multicaudalísticas padrão, em programas de avaliação genética que utilizam a análise simultânea de várias características, seria muito vantajoso, uma vez que, esses modelos necessitam de uma menor demanda computacional, resultando em grande economia de tempo e, conseqüentemente, facilitando as análises de rotina.

Conclusões

Os resultados indicam que somente dois componentes principais são requeridos para modelar a estrutura de covariâncias genéticas entre as produções de leite no dia do controle. Além disso, o modelo de posto reduzido diminui consideravelmente o número de parâmetros, podendo assim ser uma ótima opção nas avaliações genéticas.

Literatura citada

- COSTA, C. N.; MELO, C. M.; MACHADO, C. H. et. al. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.5, 1520-1531, 2005.
- HERRERA, L. G. G.; EL FARO L., ALBUQUERQUE L. G.; TONHATI H.; CAVALI C. H. Estimativas de parâmetros genéticos para 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.
- KIRKPATRICK, M.; MEYER, K. Direct estimation of genetic principal components: simplified analysis of complex phenotypes. **Genetics**, v.168, p.2295–2306, 2004.
- MEYER, K. WOMBAT - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood" In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006. I CD-ROM.
- MEYER, K. Factor-analytic models for genotype × environment type problems and structured covariance matrices. **Genetics Selection Evolution** v.41, p.21-32, 2009.
- SWALVE, H. H. The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yield traits. **Journal of Dairy Science**, v.78, n.4, p.929-938, 1995.