

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Uso de Modelos de Regressão Aleatória para comparação de componentes de variância e parâmetros genéticos para o estudo do teor de proteína no leite¹

Nadson Oliveira de Souza², Vinícius Silva Junqueira³, Laís Costa Brito⁴, Hinayah Rojas de Oliveira⁵, Yara Lauriano da Cunha⁶ Robledo de Almeida Torres⁵

¹Trabalho financiado pela FAPEMIG

²Estudante de Pós-Graduação em Zootecnia – UFV, Viçosa. Bolsista da FAPEMIG. e-mail: nadson_zootecnia@yahoo.com.br

³Estudante de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento – UFV, Viçosa. Bolsista da Capes

⁴Doutoranda em Zootecnia – UFV, Viçosa.

⁵Graduação em Zootecnia – UFV, Viçosa.

⁶Graduação em Agronomia – UFV, Viçosa.

⁷Professor do Departamento de Zootecnia – UFV

Resumo: A caprinocultura leiteira tem se mostrado uma atividade economicamente interessante e, por isso, há necessidade de se estabelecer critérios na seleção dos indivíduos que contribuirão para as gerações seguintes. A aplicação de Modelos de Regressão Aleatória (MRA) tem se mostrado com uma importante estratégia para as avaliações genéticas da pecuária leiteira. Neste estudo foram avaliados 7302 caprinos da raça Alpina e Saanen utilizando 480 MRA. Os efeitos fixos incluídos foram grupo genético, tipo de parto e grupo contemporâneo e foram ajustados diferentes combinações para as ordens do polinômio de Legendre da curva fixa, genética e de ambiente permanente. A idade da cabra ao parto e dias em lactação foram incluídas como covariáveis. Pelos critérios Log L, AIC, BIC foram selecionados quatro modelos, nos quais três a estimativas de variância e parâmetro genéticos se mostraram semelhantes. É possível realizar a seleção de indivíduos geneticamente superiores em determinados períodos.

Palavras-chave: alpina, caprinos, pldc, saanen, viçosa

Comparison of variance components and genetic parameters of Random Regression Models in evaluate protein content in milk

Abstract: Dairy goat production has shown an activity economically interesting and because of this, it is necessary establish criteria for the selection of individuals who will contribute to the following generations. Application of Random Regression Models (RRM) has proven an important strategy for genetic evaluation of dairy production. This study evaluated 7302 individuals using 480 RRM. The fixed effects included was genetic group, parturition and contemporary group and adjusted different combinations orders for Legendre polynomial in fixed, additive genetic and permanent environmental regression. The Log L, AIC, BIC and TRV selected four models, in which three estimates of variance and genetic parameters were similar. You can perform the selection of genetically superior individuals in certain periods.

Keywords: alpine, dairy goats, saanen, viçosa

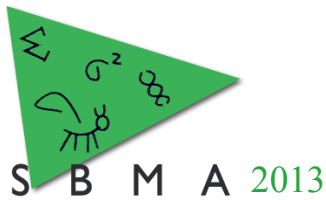
Introdução

O melhoramento genético é uma importante estratégia para alcançar ganhos em eficiência e na produção animal. Neste sentido, os Modelos de Regressão Aleatória (MRA) são utilizados para auxiliar a prática de seleção, por aproveitar melhor as informações, trabalhar com maior número de dados e por estudar características longitudinais (Henderson, 1982). A utilização dos MRA permite obter estimativas de componentes de (co)variância, parâmetros genéticos e prediz valores genéticos dos indivíduos.

Este estudo teve como objetivo avaliar o comportamento das estimativas de variância e parâmetros genéticos o teor de proteína na produção de leite de cabras Saanen e Alpina considerando diferentes classes de heterogeneidade de variância residual.

Material e Métodos

Foram analisados 7302 registros do teor de proteína no leite da produção de leite no dia do controle (PLDC) de caprinos na primeira ordem de parto da raça Saanen e Alpina, pertencentes ao Setor



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

de Caprinocultura da Universidade Federal de Viçosa. As amostras de leite foram coletadas mensalmente em ordenha mecânica duas vezes ao dia e enviadas ao Laboratório de Leite da Universidade Federal de Viçosa para análise. As edições, restrições e análise de consistência do banco de dados foram realizadas pelo programa SAS (2003) e recodificação do pedigree pelo programa Renped (Silva, 2011). Os efeitos fixos foram definidos pelo procedimento PROC GLM, que utiliza a metodologia dos quadrados mínimos generalizados. As variáveis discretas definidas como efeitos fixos ($P < 0,01$) foram: agrupamento genético (11 grupos), tipo de parto (1 a 4 filhotes) e grupo contemporâneo (28 grupos) composto por estação de parto (1- abril a setembro e 2-outubro a março) e ano de parto (1999 a 2013). Como covariáveis foram incluídas idade da cabra ao parto, com efeito linear e quadrático, e dias de lactação para ajustar a regressão fixa da população pelos polinômios ortogonais de Legendre (POL). Foram ajustados 480 modelos, com combinações variadas na ordem de ajuste dos POL para a regressão fixa, genética aditiva, de ambiente permanente. Foram estudadas 4 classes de variância residual (2 a 5). Para a escolha do modelo mais indicado para estudar o teor de proteína no leite de cabras leiteiras Saanen e Alpina foi utilizado o logaritmo da função de verossimilhança (Log L), critério da informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano (BIC) e o teste da razão de verossimilhança (TRV). Para a obtenção dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foi utilizado o método da máxima verossimilhança restrita (REML) pelo programa WOMBAT (Meyer, 2006-2009).

Resultados e Discussão

De acordo com os critérios utilizados nesse estudo, os melhores modelos para estudar teor de proteína no leite foram F2A3AP3H4, F2A3AP3H3, F6A4AP5H5 e o F3A3AP3H4 (Tabela 1). Na Tabela 2 podem ser observadas as correlações de Pearson das variâncias genéticas e de ambiente permanente. É possível perceber correlação de elevada magnitude para a variância genética (VG) do modelo (1) com o (2) e com o (4), indicando comportamento semelhante para este componente de variância. A correlação do modelo (3) com os outros modelos é de média magnitude, indicando pequena semelhança entre as estimativas de variância genética. As correlações entre as estimativas de variância de ambiente permanente entre os modelos foram menores, indicando que a magnitude da variação e o sentido não foram semelhantes.

Tabela 1. Melhores modelos segundo os critérios Log L, AIC e BIC para estudar o teor de proteína no leite considerando heterogeneidade de variância residual.

Modelo	NP	Log L	AIC	BIC	TRV
(1) F2A3AP3H4	16	6339,817	6323,817	6268,786	***
(2) F2A3AP3H3	15	6344,758	6329,758	6278,166	***
(3) F6A4AP5H5	30	6369,75	6339,75	6236,575	completo
(4) F3A3AP3H4	16	6368,851	6352,851	6297,821	ns

***: $P < 0,01$; ns: não significativo; FX: ordem do polinômio para a curva fixa; AX: ordem do polinômio para a curva genética; APX: ordem do polinômio para a curva de ambiente permanente; HX: número de classes de variância residual; NP: número de parâmetros.

As correlações de ambiente permanente entre os modelos são de baixa a moderada magnitude, indicando que as estimativas não apresentam comportamento semelhante nos diferentes modelos ajustados.

Na Figura 1 pode-se observar o comportamento das herdabilidades nos quatro modelos durante todo o período estudado. A estimação dos componentes de variância genético aditivo e de ambiente permanente e, por consequência, dos parâmetros genéticos é realizada como desvio da regressão fixa. Por isso, é esperado que modelos que apresentam ordens de ajuste para os POL semelhantes produzam estimativas semelhantes, como observado.

Tabela 2. Mostra as estimativas de correlações de Pearson das variâncias genéticas (abaixo da diagonal principal) e de ambiente permanente (acima da diagonal principal) dos modelos indicados modelos para teor de proteína no leite de cabras.

Modelos	(1)F2A3AP3H4	(2)F2A3AP3H3	(3)F6A4AP5H5	(4)F3A3AP3H4
(1) F2A3AP3H4	1	1,00***	0,57***	1,00***
(2) F2A3AP3H3	1,00***	1	0,58***	1,00***
(3) F6A4AP5H5	0,69***	0,69***	1	0,62***
(4) F3A3AP3H4	0,27***	0,28***	-0,21***	1

***: $P < 0,001$; FX: ordem do polinômio de Legendre para a curva fixa; AX: ordem do polinômio de Legendre para a regressão genética aditiva; APX: ordem do polinômio de Legendre para a regressão de ambiente permanente; HX: número de classes de variância residual.

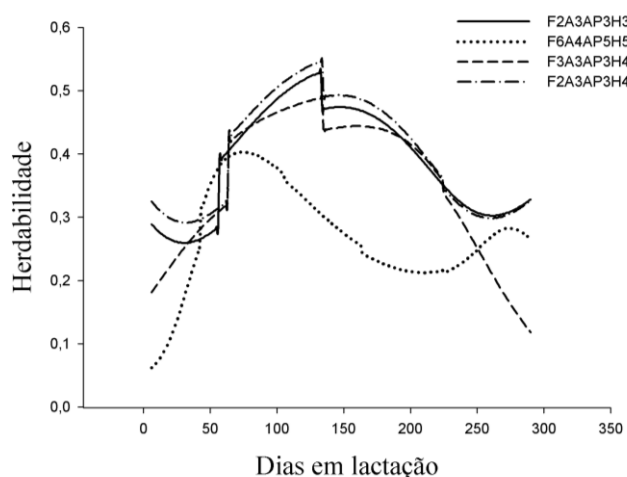


Figura 1. Comportamento da herdabilidade dos quatro melhores modelos para estudar o teor de proteína no leite de cabras da raça Saanen e Alpina durante o período de lactação.

Conclusões

De acordo com os resultados encontrados neste estudo é possível selecionar indivíduos que promoveriam o aumento da produção no teor de proteína no leite nas gerações seguintes.

Agradecimentos

À FAPEMIG pelo auxílio no custeio das despesas com o evento e pela concessão da bolsa de estudos.

Literatura citada

- HENDERSON, J.C.R. Analysis of Covariance in the Mixed Model: Higher-Level, Nonhomogeneous and Random Regression. *Biometrics*, v. 38, p. 633-40, 1982.
- MEYER, K. Wombat - a Program for Mixed Model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. Manual Version, p. 77, 2006-2009.
- SILVA, F.G. **Estudo Da Produção De Leite De Caprinos Utilizando Modelos De Regressão Aleatória**. 2011. 143 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.