

CAPÍTULO 2 Comparação entre análises para
stayability como modelo linear e como modelo de
limiar (*threshold*)

INTRODUÇÃO

O desenvolvimento de metodologias específicas para análises de dados categóricos veio ao encontro das necessidades dos pesquisadores, no estudo e utilização de características como dificuldade de parição ou habilidade de permanência no rebanho. Anteriormente, o uso de modelos lineares levava à obtenção de estimativas de herdabilidade não diferentes de zero para *stayability* em bovinos leiteiros e de corte (Hudson & Van Vleck, 1981; Van Doormaal *et al.*, 1985; Short & Lawlor, 1992; Snelling *et al.*, 1995; Mwansa *et al.*, 2002). Segundo Ducrocq *et al.* (1988), os métodos não lineares poderiam ter maior habilidade para detecção da variabilidade genética que os métodos lineares. O *BLUP* (Melhor Predição Linear Não Viesada), conforme comentado por Thompson (1979) e por Gianola (1982), não seria apropriado para as variáveis categóricas, pois estas violariam várias pressuposições existentes nas metodologias de modelos mistos.

As conclusões de Matos *et al.* (1997b), no entanto, foram de que modelos não-lineares como os de limiar, os quais possuem vantagens teóricas sobre os modelos lineares mistos, não se mostraram melhores para as características reprodutivas das ovelhas das raças Rambouillet e Finnsheep, não incentivando o uso dos modelos de limiar, especialmente considerando-se as dificuldades computacionais. Outro aspecto interessante, citado por Matos *et al.* (1997a), seria que as vantagens do uso dos modelos de limiar sobre os modelos lineares aumentariam quando as herdabilidades das características utilizadas nos programas de seleção decrescessem. Abdel-Azim & Berger (1999) destacaram que a verdadeira importância do uso de modelos de limiar seria a estimação de componentes de variância e que a acurácia das estimativas aumentaria quando aumentasse o número de categorias na característica, quando a distribuição estivesse mais próxima da normal ou quando houvesse número balanceado de dados.

Segundo Ramirez-Valverde *et al.* (2001), o modelo de limiar ofereceria vantagens sobre o modelo linear nas análises sob modelo animal, mas não sob modelo de touro-avô materno, para a característica de dificuldade de parição do Gelbvieh americano.

O objetivo do presente trabalho foi comparar estimativas de herdabilidade e correlação entre classificações (*rank*), obtidas em análises Bayesianas sob modelo linear de touro-avô materno e sob modelo de limiar, na base de dados do PMGRN-USP.

MATERIAL E MÉTODOS

As descrições do arquivo de dados (*st76gc1sn.dat*) e dos resultados obtidos sob modelo de limiar, empregando-se o *software* de Van Tassel *et al.* (1998) encontram-se no Capítulo 1. A implementação adequada à base de dados do PMGRN-USP considerava tamanho de cadeia de Gibbs de 225 mil, período de descarte amostral de 25 mil e tomada de amostra a cada 1000 rodadas.

Considerando-se a mesma implementação e utilizando-se o mesmo *software* de análise, somente alterando a opção para considerar o modelo como linear (opção 0 no módulo *mtgsprep.exe*), foi analisada a *stayability* para, principalmente, comparar a classificação dos touros. A vantagem do modelo linear é a maior velocidade de processamento das análises, porém, como mencionado anteriormente, resulta em estimativas de herdabilidade baixas ou próximas a zero. Uma alternativa para contornar este problema seria a transformação para escala normal subjacente, conforme sugerido por Robertson em Dempster & Lerner (1950):

$$h^2_{i\text{cont}} = \frac{h^2_{i\text{obs}} * p_i(1 - p_i)}{\left[\phi(\hat{\Phi}^{-1}(p_i); 0, 1)\right]}, \text{ em que}$$

$h^2_{i\text{cont}}$ é a herdabilidade em escala contínua subjacente;

$h^2_{i\text{obs}}$ é a herdabilidade na escala observada (binária);

p_i é a frequência de saída para a característica i .

A correlação de rank foi obtida por meio do programa SAS, opção spearman, como já descrito no Capítulo 1.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 1 apresenta as estimativas dos componentes genéticos (variância de touro e residual) e da herdabilidade, sob dois modelos diferentes (de limiar, ou *threshold*, e linear).

As estimativas de herdabilidade, comparando-se o modelo usado, foram de menor magnitude para o modelo linear (quase um terço do valor estimado sob modelo de limiar), em conformidade aos estudos de Hudson & Van Vleck (1981), Van Doormaal *et al.* (1985), Short & Lawlor (1992), Snelling *et al.* (1995) e Mwansa *et al.* (2002). Observa-se que a região de credibilidade da herdabilidade para o modelo de limiar (0,10 a 0,22) é muito semelhante à do modelo linear (0,04 a 0,09), no entanto apresentam, respectivamente, distribuições platicúrtica e leptocúrtica (Figura 1).

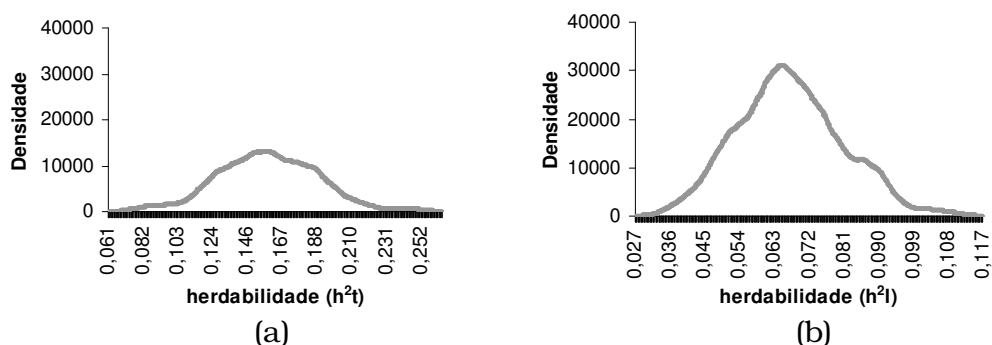


FIGURA 1 – Distribuições a posteriori das estimativas de herdabilidade obtidas por modelo de limiar (a) e por modelo linear (b).

Quando as estimativas de herdabilidade, resultantes das análises por modelo linear foram transformadas para escala normal subjacente, o valor obtido ficou em $0,13 \pm 0,05$, com região de credibilidade entre 0,06 e 0,21, valores bem próximos àqueles encontrados sob modelo de limiar (Tabela 1).

Na raça Hereford, Martínez *et al.* (2002) não encontraram diferenças entre estimativas de herdabilidade obtidas por modelo linear misto generalizado para dados binários e modelo linear misto com Máxima Verossimilhança Restrita, utilizando MATVEC (os valores, para *stayability* aos 72 meses de idade foram, respectivamente para limiar e linear, $0,49 \pm 0,18$ e $0,31 \pm 0,10$).

TABELA 1 – Descrição dos dados e das estimativas dos componentes genéticos (variância de touro, *vs*, e variância residual, *ve*) e herdabilidades, obtidas na análise Bayesiana da *stayability*, sob modelo de limiar e modelo linear

	Limiar	Linear
Descrição dos dados	0: 63,3% 1: 36,7%	0,37±0,48
Correlação serial	0,013	0,055
Média	4,18	0,32
Moda	4,11	0,31
<i>vs</i> Mediana	4,16	0,32
Mínimo	2,00	0,20
Máximo	6,70	0,50
Região de Credibilidade a 95%	2,48 a 5,86	0,20 a 0,46
Correlação serial	-	-0,098
Média	-	19,08
Moda	-	19,05
<i>ve</i> Mediana	-	19,07
Mínimo	-	18,70
Máximo	-	19,60
Região de Credibilidade a 95%	-	18,76 a 19,36
Correlação serial	0,013	0,057
Média	15,84	6,66
Moda	15,68	6,45
<i>h</i> ² Mediana	15,81	6,54
Mínimo	7,90	3,50
Máximo	24,70	10,80
Região de Credibilidade a 95%	9,62 a 21,85	4,16 a 9,42

As Diferenças Esperadas na Progenie (DEPs) preditas e transformadas para escala de probabilidade, conforme explicado anteriormente no Capítulo 1, estão descritas na Tabela 2.

Observa-se que o modelo de limiar foi mais eficiente na detecção da variabilidade existente entre os touros, dada a maior amplitude entre as DEPs mínima e máxima (26% contra 8% do modelo linear).

TABELA 2 – Estatística descritiva das DEPs dos touros (N=4180), obtidas sob dois modelos diferentes*

Estatística	Limiar	Linear
Média	50,22	50,07
Desvio-padrão	0,024	0,006
Mínimo	37,29	46,06
Máximo	63,64	54,05

*DEPs em porcentagem.

A correlação de *rank* foi de 97%, ou seja, haveria pouca alteração na classificação dos 4180 avaliados.

Quando a mesma correlação foi aplicada sobre um por cento dos melhores touros (42 touros, TOP 1%) e sobre um por cento dos piores, o valor ficou acima de 99%. As mudanças de *rank* dos touros, portanto, ocorreriam nas posições intermediárias. Os resultados estão em acordo ao comentário de Matos *et al.* (1997b) que, em geral, observam-se altas correlações entre os valores genéticos dos touros preditos sob modelos linear e *threshold*. Perez-Enciso *et al.* (1993) sugeriram que este critério poderia não ser verdadeiro e utilizaram a capacidade de ajustamento (denominada *goodness of fit*), medida pelo quadrado médio do erro (MSE) e pela correlação entre o valor observado e o valor ajustado, e a habilidade de predição (observações futuras a partir de dados passados baseando-se nos parâmetros de dispersão), para comparar modelos mistos lineares e de Poisson para dados de tamanho de leitegada em suínos.

CONCLUSÃO

Para um programa de melhoramento, cujo principal produto é a avaliação genética dos animais, o modelo de análise considerado para *stayability*, sob enfoque Bayesiano, não influenciou a classificação dos animais quanto aos valores genéticos preditos. Assim, análises sob modelo linear, que têm reduzido tempo de processamento, poderiam ser preferidas quando houver muitos registros de produção, bastando transformar a escala das estimativas de herdabilidade.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDEL-AZIM, G. A.; BERGER, P. J. Properties of threshold model predictions. *J. Anim. Sci.*, v. 77, p. 582-590, 1999.

DEMPSTER, E. R.; LERNER, I. M. Heritability of threshold characters. With an appendix by A. Robertson. *Genetics*, v. 35, p. 212-236, 1950.

DUCROCQ, V.; QUAAS, R. L.; POLLAK, E. J.; CASELLA, G. Length of productive life of dairy cows. 2. Variance component estimation and sire evaluation. *J. Dairy Sci.*, v. 71, p. 3071-3079, 1988.

GIANOLA, D. Theory and analysis of threshold characters. *J. Anim. Sci.*, v. 54, p. 1079-1096, 1982.

HUDSON, G. F. S.; VAN VLECK, L. D. Relations between production and stayability in Holstein cattle. *J. Dairy Sci.*, v. 64, p. 2246-2250, 1981.

MARTÍNEZ, G. E.; KOCH, R. M.; CUNDIFF, L. V. *et al.* Genetic parameters and genetic trends for stayability in Hereford cows. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier – França. Anais... Montpellier: França, 2002. Seção 2, Comunicação 02-32 (CD-ROM).

MATOS, C. A. P.; THOMAS, D. L.; GIANOLA, D. *et al.* Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear

models: I. Estimation of genetic parameters. *J. Anim. Sci.*, v. 75, p. 76-87, 1997a.

MATOS, C. A. P.; THOMAS, D. L.; GIANOLA, D. et al. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: II. Goodness of fit and predictive ability. *J. Anim. Sci.*, v. 75, p. 88-94, 1997b.

MWANSA, P. B.; CREWS, D. H. Jr.; WILTON, J. W.; KEMP, R. A. Multiple trait selection for maternal productivity in beef cattle. *J. Anim. Breed. Genet.*, v. 119, p. 391-399, 2002.

PEREZ-ENCISO, M.; TEMPELMAN, R. J.; GIANOLA, D. A comparison between linear and Poisson mixed models for litter size in Iberian pigs. *Livest. Prod. Sci.*, v. 35, p. 303, 1993.

RAMIREZ-VALVERDE, R.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J. K. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, v. 79, p. 333-338, 2001.

SHORT, T. H.; LAWLOR, T. J. Genetic parameters of conformation traits, milk yield and herd life in Holsteins. *J. Dairy Sci.*, v. 75, p. 1987-1998, 1992.

SNELLING, W. M.; GOLDEN, B. L.; BOURDON, R. M. Within-herd genetic analysis of stayability of beef females. *J. Anim. Sci.*, v. 73, p. 993-1001, 1995.

THOMPSON, R. Sire evaluation. *Biometrics*, v. 35, p. 339-353, 1979.

VAN DOORMAAL, B. J.; SCHAEFFER, L. R.; KENNEDY, B. W. Estimation of genetic parameters for stayability in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.*, v. 68, p. 1763-1769, 1985.

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.