

AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA A POSTURA DE CODORNAS POR MEIO DE MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Robson Marcelo ROSSI¹

Eliane GASPARINO²

- RESUMO: Este trabalho teve por objetivo apresentar um modelo de efeitos mistos, sob o enfoque Bayesiano, que permita estimar parâmetros genéticos para a postura diária de ovos de codornas, por meio de Modelos de Regressão Aleatória (MRA). Foram considerados como efeitos fixos época de nascimento e dieta. A covariável ocasião de postura foi analisada com efeito linear, quadrático e cúbico. Tais modelos apresentaram Critério de Informação da *Deviance*, respectivamente, 17.212, 13.374 e 2.596, culminando na escolha do último. Neste modelo foram significativos os efeitos de época de nascimento e da covariável ocasião de postura, que por sua vez, apresentou tendência cúbica heterogênea decrescente, variando aproximadamente 50% em média, para os valores genéticos preditos, ao longo do tempo. Observou-se variância genética aditiva inicialmente decrescente, atingindo seu ponto de mínimo, com variação inferior a 1%, aproximadamente aos 100 dias de idade e crescente daí por diante. Tal comportamento foi observado de forma análoga para as herdabilidades, cujos valores, em média, foram aproximadamente de 23%. A heterogeneidade genética observada ao longo do tempo sinaliza uma maior influência de fatores ambientais sobre a produção de ovos após o pico de produção.
- PALAVRAS-CHAVE: Heterogeneidade; inferência Bayesiana; longitudinal; MCMC; melhoramento genético; produção animal.

1 Introdução

Em estudos de melhoramento genético, é comum a estrutura dos dados apresentar observações de um mesmo indivíduo ao longo do tempo, além da estrutura de parentesco entre grupos desses indivíduos (ROSSI e MARTINS, 2010). A análise envolve a utilização de funções matemáticas, que geralmente descrevem curvas de crescimento, lactação ou produção, por exemplo, e fornecem interpretação biológica dos parâmetros (LÁZARO *et al.*, 2015).

Dessa forma, as observações são longitudinais e com dependência entre grupos de parentesco. Estes tipos de dados são analisados por meio de um modelo de efeitos mistos, conhecido na área do melhoramento genético como “modelo animal”, usando um Modelo de Regressão Aleatória (MRA). Os MRA são modelos nos quais os coeficientes de regressão são associados às covariáveis aleatórias, assim denominados no melhoramento genético por Henderson Jr. (1982). Em outras palavras, são os modelos conhecidos

¹ Universidade Estadual de Maringá - UEM, Departamento de Estatística, CEP: 87.020-900, Maringá, PR, Brasil.
E-mail: rmrossi@uem.br

² Universidade Estadual de Maringá - UEM, Departamento de Zootecnia, CEP: 87.020-900, Maringá, PR, Brasil.
E-mail: egasparino@uem.br

simplesmente como modelos de efeitos mistos (fixos e aleatórios) (PINHEIRO e BATES, 2000).

Resende *et al.* (2001) relatam que os MRA são capazes de explicar melhor a variabilidade associada às medidas repetidas do que os outros modelos empregados em avaliação genética, além de permitirem a obtenção de diferentes curvas de valores genéticos associadas aos diferentes indivíduos, além de considerar as mudanças nas variâncias genéticas e residuais ao longo do tempo. Neste sentido, os MRA são mais realísticos e possibilitam a predição de valores genéticos para a trajetória de produção.

Os MRA têm sido amplamente utilizados para analisar várias características em algumas espécies de animais. Vários autores têm relatado benefícios de se considerar à heterogeneidade de variância residual nas análises de dados, por exemplo, em bovinos leiteiros (EL FARO e ALBUQUERQUE, 2003), bovinos de corte (MEYER, 2000; TORAL *et al.*, 2009), ovinos e caprinos (SARMENTO *et al.*, 2010; SOUSA *et al.*, 2008), suínos (HUISMAN *et al.*, 2002; LÁZARO *et al.*, 2015; CAVALCANTE-NETO *et al.*, 2011) e codornas de corte (BONAFÉ, 2011).

No contexto inferencial, a abordagem Bayesiana pode ser uma alternativa interessante, pois além de fornecer estimativas precisas e acuradas dos componentes de (co)variância, tende a conduzir a uma maior aproximação entre ganhos genéticos preditos e os ganhos realizados com a seleção. No contexto do melhoramento animal, mesmo para modelos de grande complexidade, essa metodologia permite a simultânea estimação dos parâmetros genéticos, efeitos de ambiente e valores genéticos, mesmo para amostras pequenas.

Para modelar a postura diária de ovos, algumas funções de ligação são comumente utilizadas para relacionar a probabilidade de ocorrência do evento, assumindo a distribuição binomial para a resposta dicotômica, além do que, a estrutura de parentesco entre aves pode ser inserida na modelagem a fim de se estimar parâmetros genéticos de interesse e avaliar sua evolução longitudinal por meio de MRA (MEYER, 2000). Este procedimento está inserido na classe de Modelos Lineares Generalizados Mistos (GLMM), e pode ser abordado sob o enfoque Bayesiano, visto que tal modelagem é muito flexível além de poder fornecer respostas mais condizentes com a realidade biológica.

Considerando que observações de respostas dicotômicas são importantes para o melhoramento genético animal, e pesquisas dessa natureza são escassas na literatura, o objetivo do presente trabalho foi apresentar um modelo de efeitos mistos, sob o enfoque Bayesiano, que permite estimar parâmetros genéticos para a postura diária de ovos de codornas, por meio de MRA. Especificamente, identificar a melhor alternativa para modelagem da variância residual para avaliação das trajetórias genéticas da postura de ovos de codornas.

2 Material e métodos

Uma teoria unificadora da modelagem estatística foi proposta por Nelder e Wedderburn (1972) e denominada de Modelos Lineares Generalizados (MLG). A modelagem é extensão dos modelos lineares clássicos e pode ser mais condizente com as respostas observadas em pesquisas científicas além de proporcionar mais flexibilidade à análise dos dados.

No contexto dos modelos lineares generalizados de efeitos mistos, Hadfield (2010) apresenta uma estrutura geral, considerando a probabilidade da observação y , dada a

variável latente w , isto é, $f_i(y_i/w_i)$, em que f_i é a função de densidade de probabilidade associada à y_i .

Para o presente trabalho será definido que $y_{ijk} \sim \text{Bernoulli}(p_{ijk})$, y_{ijk} é o valor observado do evento de interesse (1 se ocorreu, ou 0 se não ocorreu o evento) na ocasião j , do indivíduo (animal) i , com efeito fixo (tratamento) k , onde $j=1,2,\dots,J$, $i=1,2,\dots,n$ e $k=1,2,\dots,K$, isto é, $y_{ijk}=1$, se ocorreu o evento na ocasião j e 0, caso contrário. Sendo assim, optou-se em ajustar um modelo de efeitos aleatórios com função de ligação logística, considerando-se que $p_{ijk} = \exp(w_{ijk}) / [1 + \exp(w_{ijk})]$ é a probabilidade de ocorrência do evento para o indivíduo i na ocasião j com efeito fixo k .

O vetor de variáveis latentes é predito pelo modelo linear

$$\mathbf{w} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} . \quad (1)$$

As regressões fixas (sistemáticas) e aleatórias são representadas por funções contínuas, considerando um modelo segundo Sorensen e Gianola (2002), ajustadas para a característica avaliada e podem ser representadas como apresentado na Eq. (1) de acordo com Hadfield (2010), tais que, \mathbf{X} : a matriz de incidência dos efeitos fixos; \mathbf{Z} : a matriz de incidência com os coeficientes dos polinômios utilizados para modelar os efeitos genéticos aditivos diretos; $\boldsymbol{\beta}$: vetor de efeitos fixos e coeficientes de regressão que descrevem a trajetória média da população; \mathbf{u} : vetor de efeitos genéticos aditivos; \mathbf{e} : vetor de efeitos dos erros aleatórios associados a cada observação.

A Eq. (1), apresentada de forma mais específica, é dada por

$$w_{ijk} = P_k + (\beta_0 + \sum_{c=1}^C \beta_c T_c) + (u_0 + \sum_{l=1}^L u_l T_l)_i + \varepsilon_{ijk} . \quad (2)$$

tais que, w_{ijk} : é o j -ésimo valor da variável latente associada à resposta do indivíduo i associado ao efeito fixo k ; P_k : representa os efeitos fixos do modelo; L e C : ordem (1,2,...) dos polinômios que, na prática podem ser investigados com objetivo de se obter o modelo de melhor ajuste e/ou mais parcimonioso; T : idade do indivíduo ou alguma covariável de interesse (se houver); β_0 e β_c : coeficientes de regressão fixa da medição na idade (ou ocasião de medida); u_0 e u_l : coeficientes de regressão aleatória relacionando a medição do indivíduo i a um *intercepto* e idade, respectivamente. Tais coeficientes são os efeitos aleatórios de valor genético aditivo, isto é, u_0 representa diferenças genéticas entre indivíduos não explicadas pela idade e u_l representa diferenças genéticas entre indivíduos em função da idade; ε_{ijk} erro aleatório.

Por este modelo, a curva de valores genéticos para determinado indivíduo pode ser vista mediante dois grupos de regressão: regressão fixa para todos os indivíduos pertencendo a um mesmo nível de efeito fixo, a qual descreve a forma geral para um determinado indivíduo; regressões aleatórias descrevendo os desvios da regressão fixa, gerando diferentes curvas para os diferentes indivíduos.

O modelo geral será uma normal multivariada dada por

$$\begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta} \\ \mathbf{u} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} \sim \text{NMV} \left(\begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_0 \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \mathbf{B} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{G} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right), \quad (3)$$

em que β_0 é a média para o vetor de efeitos fixos e B a matriz de (co)variância *a priori*. G e R são, respectivamente, as matrizes de (co)variância dos efeitos aleatórios e residual, respectivamente, u e e .

G uma matriz estruturada cujos componentes são a matriz de incidência (dos tratamentos) (X) e a matriz relação de parentesco entre indivíduos (A), tal que

$$G = \begin{bmatrix} V_1 \otimes X & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & V_2 \otimes A \end{bmatrix}, \quad (4)$$

em que $V_1 \otimes X = \sigma_{ul}^2 I$ e $V_2 \otimes A = \sigma_{al}^2 I$ (\otimes é o produto de Kronecker).

Os elementos da diagonal de G são referentes às variâncias genéticas dos coeficientes da curva, considerando o modelo M_3 , e os elementos fora da diagonal às covariâncias genéticas entre estes parâmetros. Estes valores dizem como os coeficientes estão geneticamente associados, porém na prática, estas informações não tem muita utilidade, uma vez que não se seleciona com base nos coeficientes, mas sim nos valores genéticos gerados a partir deles. A única solução para o vetor de valores genéticos, g , é dada por $\hat{g} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}(y - X\beta)$ (SILVA et al., 2008). De posse de \hat{g} , as curvas individuais ajustadas dos valores genéticos podem ser obtidas (ver procedimento no Apêndice).

σ_a^2 é a variância genética aditiva para o coeficiente de regressão de ordem I. Os demais termos são as covariâncias genéticas aditivas entre os coeficientes de regressão. Consequentemente, para o cálculo da herdabilidade ($0 \leq h^2 \leq 1$), foi utilizada a relação entre a variância genotípica e a variância fenotípica, isto é, $h^2 = \sigma_a^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_e^2)$.

Tradicionalmente, a estimação dos componentes de (co)variância são obtidos por meio da metodologia de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e alguns algoritmos, como o WOMBAT (MEYER, 2007), BLUPF90 e GIBBSF90 (MISZTAL, 2012) e métodos RR-BLUP (*Random Regression - Best Linear Unbiased Prediction*) são facilitadores para as pesquisas no sentido prático. Outra perspectiva é uma modelagem dos dados binários sob a ótica dos GLMM, de forma unificada, onde a evolução temporal pode ser acomodada no preditor linear e, simultaneamente, acomodar a estrutura de dependência temporal por meio de uma matriz de (co)variâncias além da estrutura de parentesco, considerando os efeitos genéticos (aleatórios).

Molenberghs et al. (2010) apresentaram uma metodologia, sob o enfoque frequentista, similar e capaz de modelar dados com tais características, entretanto não abordam o assunto no contexto do “modelo animal”. Iddi e Moleberghs (2012) citaram que este modelo pode ser combinado com intuito de reconhecer simultaneamente a presença de dependência (correlação) e superdispersão por meio de dois conjuntos separados de efeitos aleatórios e, concluíram que a abordagem via modelos hierárquicos apresentou mais vantagens, em especial sua flexibilidade na modelagem da superdispersão, na associação e obtenção dos efeitos além da interpretação marginal direta dos parâmetros.

Alternativamente, os componentes de (co)variância entre coeficientes de regressão aleatórios para obtenção das estimativas de parâmetros genéticos das reprodutrices, para o modelo selecionado com base em critérios de comparação de modelos, podem ser obtidos pelo método Bayesiano via MCMC (*Markov Chain Monte Carlo*). Hadfield (2010)

apresenta o *MCMCglmm* (*MCMC Generalised Linear Mixed Models*), um pacote de funções específicas implementado no programa R (R CORE TEAM, 2017) que utiliza o método MCMC para gerar amostras no contexto dos GLMM. Tal procedimento flexibiliza e amplia a capacidade de se modelar dados em estruturas complexas como do presente trabalho, dentro do contexto Bayesiano.

Foram utilizadas distribuições *a priori* não informativas para todos os parâmetros do modelo, isto é, matrizes identidades para \mathbf{R} e \mathbf{G} , e normal multivariada com média zero e variância alta (10^{+3}) para os parâmetros genéticos. Foram gerados 2.050.000 valores em um processo MCMC, considerando um período de descarte amostral de 50.000 valores iniciais, em seguida tomados valores em saltos de tamanho igual a 50 para eliminar um possível efeito de autocorrelação amostral, assim a amostra final conteve 40.000 valores gerados. Estimativas Bayesianas dos componentes de (co)variância genética aditiva, residuais e parâmetros genéticos (médias *a posteriori* das distribuições marginais condicionais do modelo apresentado na Eq. (3)) foram obtidas (Apêndice) por meio do pacote *MCMCglmm* do programa computacional R.

Foram considerados neste trabalho, polinômios de grau $C=1$ para a covariável ocasião de postura e até grau $L=3$ para os efeitos genéticos (Linear - M_1 , Quadrático - M_2 e cúbico - M_3), explicitadas no modelo da Eq. (2), a serem investigados. A seleção do modelo mais parcimonioso foi por meio do *DIC* (Critério de Informação da *Deviance*) Bayesiano desenvolvido por Spiegelhalter *et al.* (2002), que serve tanto para a comparação, quanto para seleção de (co)variáveis em modelos. Segundo os autores, quanto menor o *DIC*, melhor é o ajuste. Os autores sugerem utilizar um critério para o módulo da diferença entre os valores de *DIC* de dois modelos, A e B analisados, $D=|DIC_A-DIC_B|$: Se $D<5$, se conclui que a diferença não é significativa, se $5\leq D\leq 10$, que a diferença é significativa, e se $D>10$, que a diferença é altamente significativa.

O monitoramento da convergência das cadeias geradas foi por meio de análises gráficas e por testes diagnósticos de Heidelberger e Welch (1983), disponíveis no pacote *coda* (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*), do programa R. Foram consideradas como estimativas para os parâmetros dos efeitos fixos, as respectivas médias *a posteriori*. Foram consideradas como estimativas para os elementos da matriz de (co)variância assim como, para os parâmetros necessários no cálculo dos valores genéticos preditos, as respectivas modas *a posteriori* dos parâmetros de interesse. Foram construídos os intervalos das regiões com 95% de alta densidade *a posteriori* (HPD: região de máxima densidade *a posteriori* para a probabilidade de ocorrência do parâmetro), para todos os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos estimados ao longo do tempo (Apêndice).

O banco de dados utilizado para aplicação dos procedimentos descritos é proveniente de um experimento realizado no setor de Coturnicultura da Fazenda Experimental de Iguatemi (FEI), pertencente à Universidade Estadual de Maringá (UEM), Paraná, Brasil, no período de agosto de 2006 a janeiro de 2007, com a utilização de 308 codornas de postura (*Coturnix coturnix japonica*). Foram efetuadas incubações com ovos coletados em dois períodos distintos, considerando intervalo de oito dias, gerando dois grupos de eclosão (variável *Época de Nascimento*, *EN*: 1 ou 2). Os ovos foram identificados por pai e mãe de tal forma que foi possível a identificação da genealogia do pintainho ao nascimento. As aves foram anilhadas e criadas em boxes com cama de palha de arroz, recebendo ração para crescimento conforme recomendação do NRC (1994). Aos 28 dias de idade foi realizada a sexagem e as fêmeas foram divididas em dois grupos de eclosão, de tal forma que cada matriz teve filhas nos dois grupos. Nessa idade as aves foram alojadas em gaiolas

individuais e cada grupo passou a ser alimentado com um dos tipos de ração (variável *Dieta*: 1 ou 2): com nível preconizado de energia (*Dieta 1*: 2.900 Kcal/kg de energia metabolizável, EMAn) ($n=163$ aves) e de baixa energia (*Dieta 2*: 2.500 Kcal/kg de EMAn) ($n=145$ aves). Ambos os efeitos fixos, *EN* e *Dieta*, estão representados no modelo da Eq. (2) pelo termo P_k . Os dados de postura (ocorrência do evento de interesse) foram coletados a partir da primeira postura observada no lote, aproximadamente aos 30 dias de idade e, seguiu-se até o 90° (120 dias de idade, aproximadamente) dia de observação (covariável: *Ocasão de postura*). Foi definido que y_{ijk} , é o valor observado da postura (1 se a ave pôs ovo, ou 0 se não pôs ovo) do animal i , no dia j , com tratamento k , onde $i=1, 2, \dots, n$ ($=308$), $j=1, 2, \dots, J$ ($=90$) e $k=1, 2$.

Esta pesquisa cumpriu todas as exigências éticas e legais vigentes e o seu registro encontra-se no Comitê de Ética no Uso de Animais (CEUA) da Universidade Estadual de Maringá, sob o parecer de N°. 8134170415.

3 Resultados e discussão

A seguir são apresentados na Tabela 1, para cada modelo analisado, o *DIC*, as estimativas *a posteriori* dos parâmetros de interesse (foram apresentados os parâmetros de **G**, apenas para o modelo final) e os respectivos ajustes individuais das curvas de valor genético e das variâncias genéticas e residuais, ao longo do tempo.

O modelo M_1 , com efeito linear, apresentou um *DIC* de 17.212, e variância residual $\sigma_e^2=0,0081$. Não foi detectada significância (valor zero contido no intervalo HPD (95%)) para os efeitos fixos de *Época de nascimento* (*EN*) e *Dieta*, entretanto significância (valor zero não contido no intervalo HPD (95%)) para os parâmetros de *intercepto* e da covariável *Ocasão de postura*. O modelo M_2 , com efeito quadrático, apresentou um *DIC* de 13.374, significativamente inferior ao modelo M_1 , segundo critério de Spiegelhalter *et al.* (2002), descartando o efeito linear. A variância residual apresentou valor ($\sigma_e^2=0,0221$), aproximadamente e significativamente igual ao obtido em M_1 . O efeito de *Dieta*, assim como em M_1 , continua não significativo, entretanto, contrariamente ao modelo M_1 , é evidenciada a significância do efeito de *EN*. A significância para os parâmetros de *intercepto* e da covariável *Ocasão de postura* (ocasião) também corroboram com as do modelo M_1 . O modelo M_3 , com efeito cúbico, apresentou um *DIC* de 2.596, inferior e altamente significativo quando comparado ao modelo M_2 , descartando o efeito quadrático. A variância residual ($\sigma_e^2=503,4$) apresentou variação distinta em relação aos modelos M_1 e M_2 . Analogamente aos resultados apresentados em M_2 , foi detectada significância do efeito de *EN* e não significância do efeito de *Dieta*. As significâncias para os parâmetros de *intercepto* e da covariável *Ocasão de postura* também corroboram com as dos modelos M_1 e M_2 (Tabela 1).

Tabela 1 - Estimativas dos parâmetros dos modelos analisados

Modelo	Parâmetros	Média	Mediana	Moda	HPD(95%)	
M_1	<i>Intercepto</i>	-0,4980	-0,4986	-0,5022	-0,7001	-0,2866*
	<i>Ocasião</i>	0,0760	0,0759	0,0757	0,0638	0,0887*
	<i>EN</i>	-0,0028	-0,0028	-0,0023	-0,0135	0,0080 ^{ns}
	<i>Dieta</i>	0,0065	0,0065	0,0066	-0,0042	0,0167 ^{ns}
	σ_e^2	0,0081	0,0072	0,0024	0,0001	0,0173*
	<i>DIC</i>	17,212	-	-	-	-
M_2	<i>Intercepto</i>	-2,7553	-2,7562	-2,7596	-3,0614	-2,4480*
	<i>Ocasião</i>	0,2578	0,2577	0,2575	0,2283	0,2872*
	<i>EN</i>	0,0302	0,0022	0,0303	0,0017	0,0575*
	<i>Dieta</i>	-0,0014	-0,0014	-0,0019	-0,2860	0,0246 ^{ns}
	σ_e^2	0,0221	0,0156	0,0105	0,0010	0,0625*
	<i>DIC</i>	13,374	-	-	-	-
M_3	<i>Intercepto</i>	-28,0024	-28,7548	-31,3014	-44,4127	-3,3032*
	<i>Ocasião</i>	0,9724	0,9860	0,9526	0,2044	1,5290*
	<i>EN</i>	0,5348	0,5389	0,5482	0,1146	0,9577*
	<i>Dieta</i>	0,0731	0,0646	0,0469	-0,1192	0,2800 ^{ns}
	$G_{1,1}$	11,861,84	10,612,90	8,825,30	55,70	25,193,03
	$G_{1,2}$	-1,467,13	-1,331,17	-1,137,53	-3,068,84	-6,62
	$G_{1,3}$	33,0772	30,0285	25,5139	0,1694	68,6380
	$G_{1,4}$	-0,1995	-0,1803	-0,1507	-0,4319	0,0042
	$G_{2,2}$	229,79	214,24	186,07	1,29	467,18
	$G_{2,3}$	5,4022	-5,0397	-4,4003	-10,8661	-0,0339
	$G_{2,4}$	0,0334	0,0309	0,0247	0,0005	0,0692
	$G_{3,3}$	0,1284	0,1198	0,1048	0,0009	0,2553
	$G_{3,4}$	-0,0008	-0,0007	-0,0006	-0,0016	0,0001
	$G_{4,4}$	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
	σ_e^2	503,38	474,84	315,59	0,03	984,16*
	<i>DIC</i>	2,596	-	-	-	-

HPD(95%): Intervalo HPD com 95% de credibilidade; *Significância do parâmetro; *Ocasião*: Ocasião de postura; *EN*: Época de Nascimento; *DIC*: Critério de Informação da *Deviance*; **G**: matriz de (co)variância genética.

Considerando o melhor modelo ajustado, M_3 , verificou-se que as curvas se apresentaram heterogêneas e curvilíneas (tendência cúbica crescente, de aproximadamente 25% até os 50 dias de idade e decrescente, de aproximadamente 30% daí por diante, implicando em uma variação, aproximadamente 50% em média, para os valores genéticos preditos) ao longo do tempo (Figura 1).

Ferreira *et al.* (2017) ao avaliarem parâmetros genéticos para a produção de ovos em 2.165 galinhas de raças puras entre o 5º e 12º mês de idade, testaram doze diferentes estruturas de matrizes de (co)variâncias genotípicas e residuais em modelos de regressão aleatória, por meio de modelos mistos. Utilizaram o método REML para obtenção das estimativas e considerando polinômios de Legendre de ordem até três para as trajetórias observadas, e concluem considerando um modelo com intercepto linear de tendência cúbica e estruturas de (co)variância desestruturada para ambas as matrizes, de efeitos aleatórios (**G**) e residuais (**R**). Esses autores ainda relatam variações nas herdabilidades entre 15 e 51% no período observado.

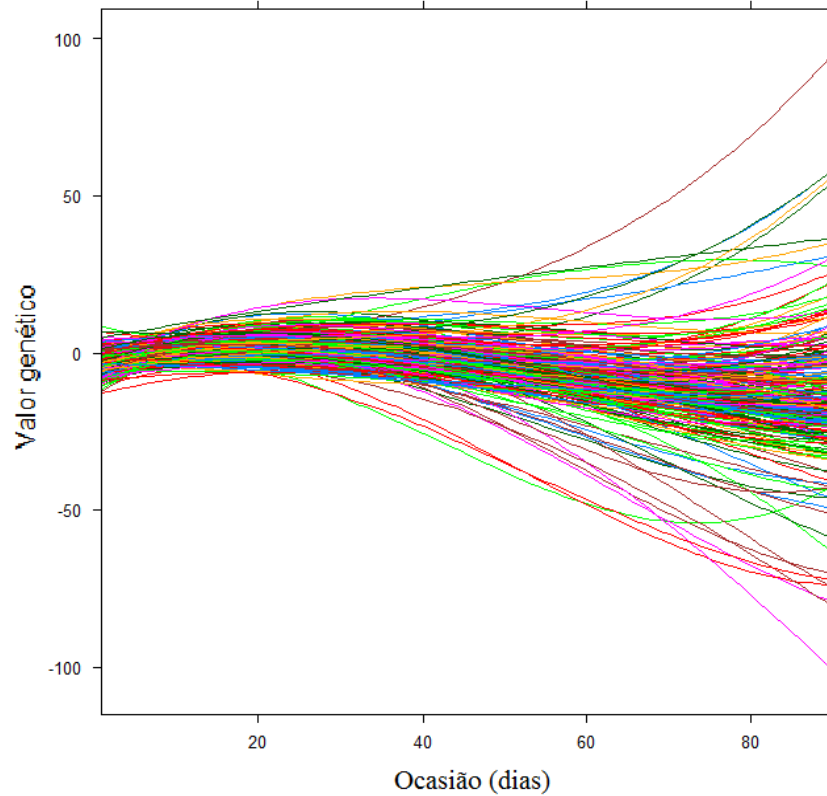


Figura 1 - Curvas individuais ajustadas para o valor genético - M_3 .

A maior aplicação de \mathbf{G} foi para obtenção das variâncias genéticas aditivas e herdabilidades (Figura 2). A evolução da variância genética (σ_a^2), ao longo do tempo, apresentou tendência quadrática, com valor máximo em 104,12 e decrescendo do início da postura até o ponto de mínimo ($mín=103,92$), aproximadamente aos 100 dias de idade (72º dia de postura). A evolução da herdabilidade (h^2), ao longo do tempo, apresentou tendência análoga à de σ_a^2 , decrescendo e atingindo o ponto de mínimo ($mín=23,43\%$), aproximadamente aos 100 dias de idade. Tais tendências nas trajetórias, em ambos os parâmetros genéticos, podem sinalizar uma maior influência de fatores ambientais sobre a produção de ovos após o pico de produção.

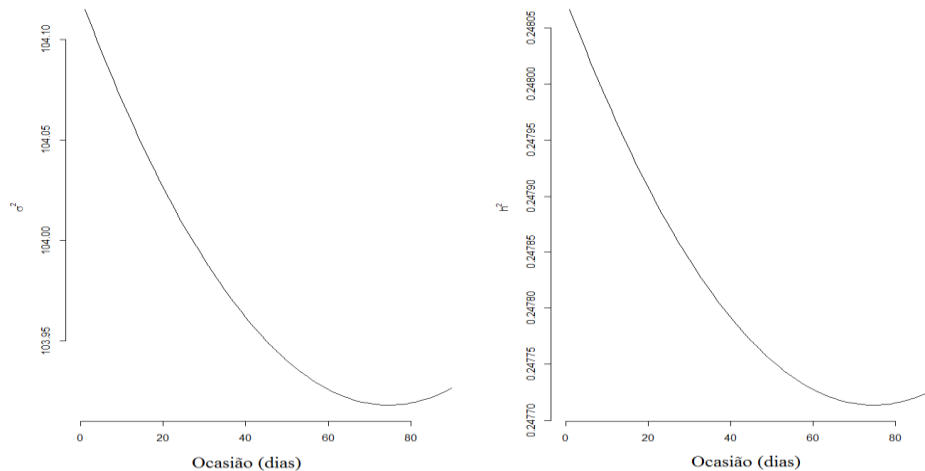


Figura 2 - Variâncias genéticas (σ_a^2) e Herdabilidades (h^2) - M_3 .

Em uma análise no mesmo banco de dados, considerando os parâmetros da curva de postura como características observadas, Rossi e Martins (2010), relataram valores de herdabilidade para o parâmetro que representa o início da postura de 21 e 23%, considerando, respectivamente, aves tratadas com *Dieta 1* (2.900 kcal/kg EMAn) e *Dieta 2* (2.500 kcal/kg EMAn). Analogamente, para o parâmetro que representa a evolução da postura, isto é, a velocidade de alcance do pico de postura, os autores encontraram valores aproximados de $h^2=50\%$ e concluíram que, para ambos os parâmetros, não foram encontradas diferenças significativas entre grupos de tratamentos, corroborando os resultados encontrados no presente estudo.

Ribeiro *et al.* (2012) encontraram estimativas h^2 que variaram de 20 a 25% para todos os períodos estudados e concluíram que as baixas estimativas de herdabilidade indicam que se devem fazer mudanças de manejo para o controle dos efeitos de ambiente, para obtenção de menor variabilidade dentro dos grupos genéticos.

Ribeiro *et al.* (2017) ao avaliar a produção parcial de ovos em 3.503 codornas de corte, estimaram herdabilidades entre 3 e 16% (consideradas baixas), e entre 20 e 25%, respectivamente, para os grupos genéticos UFV1 e UFV2. Os autores concluíram que a seleção até os 112 dias para o primeiro grupo e até 147 para o segundo, pode promover ganhos genéticos ao reduzir o intervalo de geração, embora, a produção completa de ovos indique que a seleção com base em períodos parciais, possa não resultar em resultados genéticos satisfatórios.

Similarmente, Abou Khadiga *et al.* (2017) também trabalhando com codornas japonesas ($n=1.200$), investigaram diferentes MRA por meio do método REML para estimação dos parâmetros, e sugerem um polinômio de Legendre de 2ª ordem para os efeitos fixos e de 3ª ordem para os efeitos genéticos aditivos e ambientais permanentes. Os autores procederam a uma validação cruzada e concluíram que tal modelo tem capacidade preditiva de 98,7%. Relataram também na pesquisa, valores moderadamente baixos de herdabilidade, entre 10 e 17%.

Teixeira *et al.* (2013), avaliaram parâmetros genéticos considerando a produção parcial de ovos, colhidos da 6ª à 52ª semana de idade, em codornas de duas linhagens de corte e, com o uso do modelo multicaracterístico nos períodos de produção parcial e total, observaram valores de herdabilidade variando de 7 a 13%.

Para avaliação de parâmetros genéticos considerando ovos colhidos da 6ª à 57ª semana de idade, em duas linhagens de codornas de corte, Teixeira *et al.* (2013b) utilizando MRA por meio de estimação frequentista (assumindo resposta normalmente distribuída), concluíram que o modelo de 3ª ordem, para efeitos fixos, de 4ª ordem, para efeitos genéticos e de ambiente, propiciou melhor ajuste para ambas as linhagens, além de não provocar grandes alterações nos componentes de variância e fornecer melhores estimativas de herdabilidade, sendo portanto mais parcimonioso. Os autores concluem que as estimativas de herdabilidade, para ambos os grupos genéticos, foram de baixa magnitude e variaram de 1 a 21%, corroborando os resultados da presente pesquisa.

Neste trabalho foram avaliados três modelos Bayesianos para estimar parâmetros genéticos para postura diária de ovos de codorna por meio de MRA, sendo que, apenas os modelos M_2 e M_3 foram sensíveis ao efeito fixo de EN , indicando que existe diferença na evolução da postura ao longo do tempo considerando o período de nascimento de cada lote.

O intervalo de nascimento entre um lote e outro foi de oito dias, considerado pequeno, entretanto variáveis operacionais associadas à incubadora e até mesmo às condições ambientais de criação das aves, podem influenciar a qualidade do ovo. Nenhum dos modelos analisados detectaram efeito da *Dieta* (EMAn) sobre o desenvolvimento da postura ao longo do tempo. As codornas são animais mais rústicos se comparados a galinhas poedeiras e suas exigências nutricionais ainda são objetos de estudos. A exigência de EMAn para codornas de postura, apresentam elevada heterogeneidade, sendo o valor referencial considerado como 2.900 Kcal/kg. Contudo, variações associadas ao material genético e condições climáticas, podem alterar a exigência de diferentes nutrientes, inclusive de EMAn. Para este estudo, o valor de 2.500 Kcal/kg foi suficiente para manter a postura das aves avaliadas.

Alguns autores citam que tanto em codornas de postura como de corte, sofrem pouca influência da densidade energética na formação do ovo (MOURA *et al.*, 2010). As variâncias genéticas observadas tanto no M_2 como no M_3 revelaram heterogeneidade no padrão de posturas das codornas no início da postura, que neste trabalho ocorreu aproximadamente do 30º dia e no final do período avaliado (120º).

Esse comportamento de postura é esperado em função de diversos fatores, entre eles o potencial genético dos animais, porém a observação das curvas individuais do valor genético ajustados para o M_2 e M_3 , revelaram que ao final do período de avaliação essa heterogeneidade é maior.

Com base nos resultados evidenciados no presente trabalho é possível sugerir que, o melhor momento para fazer a seleção das matrizes seria no início e no final da postura. Preisinger e Flock (2000) corroboram tais resultados e comentaram que as variâncias genéticas e fenotípicas observadas durante o pico de postura são significativamente reduzidas quando comparadas com o início e o final da postura. No modelo M_3 a evolução da herdabilidade (h^2), ao longo do período de postura apresentou comportamento quadrático, semelhante à variância genética (σ_a^2), embora os valores absolutos sejam muito próximos, observa-se uma tendência de redução em h^2 ao longo do período de postura o

que poderia sinalizar uma maior influência de fatores ambientais sobre a produção de ovos após o pico de produção.

Todos os modelos analisados evidenciaram heterogeneidade genética durante as observações do período experimental, entretanto, baseado nos resultados apresentados, por meio do *DIC*, o modelo M_3 seria o mais indicado para ajustar os dados de postura em codornas, por meio de MRA.

Conclusões

O modelo de efeitos mistos, com um polinômio de terceiro grau para o efeito genético, foi considerado mais parcimonioso para o ajuste da postura diária de codornas. O uso de procedimentos Bayesianos, implementado no pacote *MCMCglmm* do programa R, além de flexível, possibilita obtenção de estimativas precisas, além de resultados comparativos entre diferentes estruturas analisadas. Tais resultados podem fornecer incrementos positivos e de grande impacto para o sistema de coturnicultura, em termos produtivos e econômicos.

Agradecimentos

Aos dois revisores e editores pelos comentários e sugestões.

ROSSI, R. M., GASPARINO, E. Genetic evaluation for quails posture through random regression models. *Rev. Bras. Biom.* Lavras, v.36, n.2, p.360-375, 2018.

- **ABSTRACT:** *This study aimed to present a mixed effects model Bayesian, that allows to estimate genetic parameters for daily laying of quail eggs through random regression models (RRM). As fixed effects season of birth and diet. The covariate posture of occasion was analyze model with linear, quadratic and cubic. This models present Deviance Information Criterion (DIC), respectively, 17,212, 13,374 and 2,596, culminating in the last selection. In this model the effects of season of birth and the covariate occasion posture were significant, heterogeneous cubic tendency descending, ranging approximately 50% on average for the predicted values, over time. It was observed initially decreasing additive variance, reaching its lowest point with a variation of less than about 1% at 100 days of age and increasing from then onwards. This pattern was observed analogously to heritability whose values, on average, were approximately 23%. Genetic heterogeneity is observed over time, which indicates a larger influence of environmental factors on egg production after peak production.*
- **KEYWORDS:** *Animal breeding; animal production; Bayesian inference; heterogeneity; longitudinal; MCMC.*

Referências

ABOU KHADIGA, G.; MAHMOUD, B. Y. F.; FARAHAT, G. S.; EMAM, A. M.; EL-FULL, E. A. Genetic analysis of partial egg production records in japanese quail using random regression models. *Poultry Science*, v.96, n.8, p.2569-2575, 2017.

BONAFÉ, C. M. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.4, n.4, p.765-771, 2011.

CAVALCANTE-NETO, A.; THOLON, P.; LUI, J. F.; LARA, A. C.; FONSECA, C.; RIBEIRO, M. N.; SARMENTO, J. L. Modelos de regressão aleatória com diferentes

estruturas de variância residual para descrever o tamanho da leitegada. *Revista de Ciência Agronômica*, v.42, n.4, p.1043-1050, 2011.

DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R. A. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.

FERREIRA, P. B.; RORATO, P. R. N.; BREDA, F. C.; MICHELOTTI, V. T.; ROSA, A. P.; MACEDO, A. Genotypic parameters for egg production in pure breed hens by using random regression model. *Ciência Rural*, v.47, n.5, p.1-7, 2017.

HADFIELD, J. D. MCMC methods for Multi-response Generalized Linear Mixed Models: The MCMCglmm R Package. *Journal of Statistical Software*, v.33, n.2, 2010. 22p.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations Research*, v.31, p.1109-1144, 1983.

HENDERSON JR., C. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. *Biometrics*, v.38, n.9, p.623-640, 1982.

HUISMAN, A. E.; VEERKAMP, R. F.; VAN ARENDONK, J. A. M. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. *Journal Animals Science*, v.80, n.3, p.575-582, 2002.

IDDI, S.; MOLENBERGHS, G. A combined overdispersed and marginalized multilevel model. *Computational Statistics and Data Analysis*, v.56, p.1944-1951, 2012.

LÁZARO, S. F.; FELIPE, V. P. S.; GONÇALVES, F. M.; PASSAFARO, T. L.; SILVA, M. A. Avaliação genética do tamanho de leitegada em suínos das raças Landrace e Large White. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.67, n.1, p.274-282, 2015.

NELDER, J.; WEDDERBURN, R. Generalized linear models. *Journal of the Royal Statistical Society. Series A (General)*, v.135, n.3, p.370-384, 1972.

MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. *Livestock Production Science*, v.65, n.1-2, p.19-38, 2000.

MEYER, K. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *Journal Zhejiang University Science. B*, v.8, n.11, p.815-821, 2007.

MISZTAL, I. *Computational techniques in animal breeding*. Athens, 2012. 198p.

http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=course12_uga.pdf. Acesso em 1/9/2014.

MOLENBERGHS, G.; VERBEKE, G.; DEMÉTRIO, C. G. B.; VIEIRA, A. M. C. A Family of Generalized Linear Models for Repeated Measures with Normal and Conjugate Random Effects. *Statistical Science*, v.25, n.3, p.325-347, 2010.

- MOURA, G. S.; BARRETO, S. L. T.; LANNA, E. A. T. Efeito da redução da densidade energética de dietas sobre as características do ovo de codorna japonesa. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.39, n.6, p.1266-1271, 2010.
- NRC-NATIONAL RESEARCH COUNCIL. *Nutrient Requirements of Poultry*. Washington, D. C., National Academy Press, 9.ed., 1994. 155p.
- PREISINGER, R.; FLOCK, D. K. Genetic changes in layer breeding: Historical trends and future prospects. *Occasional Publications of the British Society of Animal Science*, v.27, p.20-28, 2000.
- PINHEIRO, J. C.; BATES, D. M. *Mixed-Effects Models in S and S-PLUS*. New York: Springer-Verlag, 2000.
- R CORE TEAM. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, 2017. Vienna, Austria. Disponível em: <http://www.R-project.org>.
- RESENDE, M. D. V.; REZENDE, G. D. S. P.; FERNANDES, J. S. C. Regressão aleatória e funções de covariância na análise de medidas repetidas. *Revista de Matemática e Estatística*, v.19, p.21-40, 2001.
- RIBEIRO, J. C.; SILVA, L. P.; SOUSA, M. F.; LEITE, C. D. S.; BONAFÉ, C. M.; CAETANO, G. C.; CRISPIM, A. C.; ROBLEDO, A. T. Genética valuation for egg mass in partial periods and complete period in meat quails. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.41, n.5, p.1158-1162, 2012.
- RIBEIRO, J. C.; SILVA, L. P.; SOARES, A. C. C.; CAETANO, G. C.; LEITE, C. D. S.; BONAFÉ, C. M.; SOUSA, M. F.; ROBLEDO, A. T. Genetic parameters for egg production in meat quails through partial periods. *Ciência Rural*, v.47, n.4, p.1-7, 2017.
- ROSSI, R. M.; MARTINS, E. N. Aspectos genéticos de curvas de probabilidade de postura em codornas. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.39, n.8, p.1708-1716, 2010.
- SARMENTO, J. L. R.; TORRES, R. A.; LOBO, R. N. B.; ALBUQUERQUE, L. G.; SOUSA, W. H. S.; SOUSA, E. R. Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.39, n.8, p.1723-1732, 2010.
- SILVA, M. A.; THIEBAUT, J. T. L.; VALENTE, B. D.; TORRES, R. A.; FARIA, F. J. C. Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal. Belo Horizonte: FEPMVZ-Editora, 2008. 375p.
- SILVA, L. P.; RIBEIRO, J. C.; LEITE, C. D. S.; SOUSA, M. F.; BONAFÉ, C. M.; CAETANO, G. C.; CRISPIM, A. C.; TORRES, R. A. Evaluation of alternative schemes for recording body weights in meat-type quails by using random regression. *Genetics and Molecular Research*, v.12, p.1533-1539, 2013.
- SORENSEN, D.; GIANOLA, D. *Statistics for biology and health*. New York: Springer-Verlag, 2002.
- SOUSA, J. E. R.; SILVA, M. A.; SARMENTO, J. L. R.; SOUSA, W. H.; SOUSA, M. S. M.; FRIDRICH, A. B. Homogeneidade e heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória sobre o crescimento de caprinos Anglo-Nubianos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.43, n.12, p.1725-1732, 2008.

SPIEGELHALTER, D. J.; BEST, N. G.; CARLIN, B. P.; LINDE, A. V. D. BUGS - Bayesian measures of model complexity and fit. *Journal Royal Statistical Society B*, v.64, n.4, p.583-639, 2002.

TEIXEIRA, B. B.; EUCLYDES, R. F.; DA SILVA, L. P. Utilização de dados parciais na seleção de codornas de corte para produção de ovos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.48, n.5, p.559-563, 2013.

TEIXEIRA, B. B.; EUCLYDES, R. F.; DA SILVA, L. P.; TORRES, R. A.; SILVA, F. G.; CARNEIRO, O. S.; LEHNER, H. G.; TEIXEIRA, R. B. Modelos de regressão aleatória na seleção de codornas de corte para produção de ovos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.48, n.7, p.791-796, 2013b.

TORAL, F. L. B.; ALENCAR, M. M.; FREITAS, A. R. Estruturas de variância residual para a estimação de funções de covariâncias para o peso de bovinos da raça Canchim. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.38, n.11, p.2152-2160, 2009.

Recebido em 30.09.2016

Aprovado após revisão em 28.08.2017

Apêndice

Rotinas no R para estimativas dos parâmetros do modelo com efeito linear – M1.

```
# Pacotes utilizados
library(MCMCglmm) # Método glm via MCMC
library(coda) # Análise de convergência
# Hiperparâmetros a priori segundo Hadfield (2010)
L = 2
priori = list(R=list(V=1, nu=0.01), G=list(G1=list(V=diag(L+1), nu=0.01)))
# Chamada da função
linear.cat = MCMCglmm(y ~
poly(ocasio, 1, raw=TRUE) +
poly(ocasio, 1, raw=TRUE):nasc +
poly(ocasio, 1, raw=TRUE):dieta,
random = ~ us(1 + poly(ocasio, L, raw=TRUE)):id,
family="categorical",
ginverse=list(id=Ainv), data=dados.aux,
verbose=FALSE, pr=TRUE, prior=priori, saveX=TRUE, saveZ=TRUE,
DIC=TRUE, nitt=2000000, thin=50, burnin=50000)

# Observação: A inversa da matriz de parentesco, Ainv0, deve ser organizada previamente.
ModelFit = linear.cat
summary(ModelFit)
# Armazenando cadeias dos parâmetros
post.b0 = ModelFit$Sol[, 1] # Intercepto
post.b1 = ModelFit$Sol[, 2] # Ocasão
post.b2 = ModelFit$Sol[, 3] # Época de nascimento
post.b3 = ModelFit$Sol[, 4] # Dieta
cadeias = cbind(post.b0,post.b1,post.b2,post.b3)
# Análise de convergência
heidel.diag(cadeias)
HPDinterval(mcmc(cadeias))
p = 4 # Número de parâmetros de efeitos fixos
k = dim(ModelFit$Sol)[2] # N*2-p (somente dos id*2 por ser linear!)
post.sol = posterior.mode(ModelFit$Sol[,c((p+1):k)]) # Estimativas modais
Z = ModelFit$Z
Pred = Z%*%post.sol # Valores genéticos preditos
saida = cbind(dados.aux$id, dados.aux$ocasio, as.matrix(pred),
exp(as.matrix(pred))/(1 + exp(as.matrix(pred))))
colnames(saida) = c("id", "ocasio", "vg", "vgprob")
saida.final = data.frame(saida)
saida.final = data.frame((saida.final),N,J,byrow=T)
# Parâmetros genéticos (estimativas modais)
sigma.G = matrix(posterior.mode(ModelFit$VCV)[1:4],2,2)
```

```

sigma.G
V = ModelFit$VCV                                # Matriz de (co)variância
HPDinterval(V)
K = cbind(rep(1,J),seq(1,J))
covgen = K%*%sigma.G%*%t(K)
var.a = diag(covgen)                             # Variância genética aditiva
var.e = posterior.mode(V)[5]                     # Variância residual
var.e
# Gráficos
xyplot(vg ~ ocasiao,data=saida.final,groups=id,type="a",xlim=c(1,J),
xlab="Ocasão (dias)",ylab="Valor genético",points=FALSE,lines=TRUE)
par(mfrow=c(1,1))
plot(seq(1,J),var.a,type="l",xlab="Ocasão(dias)",ylab=expression(paste(sigma^2)),
bty="n")

# Observação: Para os modelos com efeito quadrático e cúbico, a programação é análoga
ao modelo com efeito linear, basta substituir L por 2 ou 3.

```