

INFERÊNCIA BAYESIANA PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA NELORE

CARINA UBIRAJARA DE FARIA¹, CLÁUDIO DE ULHÔA MAGNABOSCO², ARCADIO DE LOS REYES³, RAYSILDO BARBOSA LÔBO⁴, LUIZ ANTÔNIO F. BEZERRA⁵, VANESSA BARBOSA⁶, EDSON JÚNIOR HEITOR DE PAULA⁷

¹Doutoranda da Universidade Federal de Goiás, Bolsista CNPq-Brasil, Embrapa Cerrados, Caixa Postal 08223, Planaltina, DF, e-mail: carina@cnpaf.embrapa.br,

²Pesquisador da Embrapa Cerrados/Arroz e Feijão, Bolsista CNPq-Brasil, Caixa Postal 08223, Planaltina, DF, e-mail: mclaudio@cpac.embrapa.br

³Professor Titular do Departamento de Produção Animal da EV/UFG, Caixa Postal, 131, Goiânia, GO, e-mail: adreyesb@vet.ufg.br,

⁴Professor Associado, FMRP-USP, Ribeirão Preto, SP, e-mail: rayblobo@fmrp.usp.br,

⁵Departamento de Genética da FMRP-USP, Ribeirão Preto, SP, e-mail: lafbezerra@fmrp.usp.br,

⁶Mestranda da Universidade Federal de Goiás, Bolsista CNPq-Brasil, e-mail: vbarbosa@cnpaf.embrapa.br, 7Zootecnista, Bolsista CNPq-Brasil, Embrapa Arroz e Feijão, e-mail: edsonjr@cnpaf.embrapa.br

INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético conduzidos atualmente, objetivam, de maneira geral, aumentar a produtividade, melhorar a qualidade dos produtos e minimizar os custos. No entanto, o aperfeiçoamento de métodos para a estimação dos componentes de (co)variância se faz cada vez mais necessário uma vez que as metodologias empregadas para as avaliações dos valores genéticos individuais utilizam-se dessas estimativas. Desta forma, a Amostragem de Gibbs é uma nova alternativa para a estimação de componentes de (co)variância, pois apresenta propriedades de interesse para o melhoramento animal e com amplos recursos estatísticos capazes de fornecer estimativas cada vez mais acuradas. Neste estudo o objetivo foi aplicar o método da Amostragem de Gibbs para estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para características de crescimento como peso aos 365 e 450 dias de idade e perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade, utilizando dados de campo de bovinos da raça Nelore, bem como, conhecer as distribuições posteriores desses parâmetros de interesse em bovinos de corte.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de 69.025 animais da raça Nelore, incluindo o parentesco, oriundos de rebanhos distintos participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN), criados a pasto, distribuídos em diversas regiões do país, onde o clima predominante varia de subtropical quente úmido a tropical quente úmido, apresentando duas estações definidas, o período seco e período das águas. As características de crescimento estudadas foram: peso aos 365 (P365) e 450 dias de idade (P450) e perímetro escrotal aos 365 (PE365) e 450 dias de idade (PE450). Os grupos contemporâneos consideraram animais nascidos na mesma fazenda - sexo - ano - época do ano ou estação de nascimento. A estação de nascimento foi dividida em estação um, que compreendeu os meses de janeiro a março, a estação dois, de abril a junho, a estação três, de julho a setembro e a estação quatro, outubro a dezembro. A idade da vaca ao parto foi dividida em seis classes descritas, respectivamente, como: menor ou igual a três anos, menor ou igual a quatro anos, menor ou igual a cinco anos, menor ou igual a seis anos, de seis a dez anos e maior que dez anos. As análises foram realizadas usando o modelo animal, conforme o modelo matricial descrito a seguir:

$$y = X + Za + e$$

Considera-se y como sendo o vetor das variáveis dependentes, o vetor dos efeitos fixos, X a matriz de incidência que associa com y , a representa o vetor dos efeitos genéticos aditivos diretos, Z a matriz de incidência que associa a com y e, finalmente, e o vetor de resíduos. O modelo incluiu os efeitos fixos de grupos contemporâneos e a classe de idade da vaca ao, e como efeitos aleatórios, as contribuições dos efeitos diretos. Para a implementação do algoritmo de Gibbs utilizando o MTGSAM (Multiple Trait using Gibbs Sampler under Animal Model) foi considerado um tamanho de cadeia amostral de 200.000 ciclos, período de descarte amostral de 20.000 ciclos e intervalo de utilização das amostras de 100 ciclos, sendo que os valores iniciais refletiam nenhum conhecimento prévio dos parâmetros ($v = 0$).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das estimativas de componentes de variância e herdabilidade, para as características de crescimento, obtidos pela Amostragem de Gibbs, são apresentados na TABELA 1. Conforme as estimativas obtidas para os pesos e perímetros escrotais, pode-se concluir que as características de crescimento, por apresentarem herdabilidades altas, são excelentes indicadores de ganhos genéticos através da seleção.

As análises bayesianas permitem estimar as densidades marginais posteriores dos parâmetros genéticos, e com essas densidades podem-se visualizar os erros nas estimativas desses parâmetros, tornando-as mais acuradas. Na TABELA 1 também são apresentados as variâncias das amostras, desvios padrões e intervalos de confiança e, para as estimativas pontuais, as médias, modas e medianas dos componentes de variância e herdabilidade das características de crescimento, em análises unicarateres, respectivamente. Pode ser observado que as estimativas de média, moda e mediana para os componentes de variância apresentaram-se semelhantes, sendo que para os valores de herdabilidade, as medidas de tendência central tiveram valores idênticos, conforme esperado em distribuições posteriores classificadas como distribuições normais, ressaltando que para o perímetro escrotal aos 450 dias de idade, a moda da estimativa de herdabilidade foi maior que a média e a mediana, porém esta diferença foi considerada de baixa magnitude. Esses resultados indicam que a distribuição marginal posterior tendem a simetria. Para o peso aos 365 dias, pode ser observado que a média da estimativa da variância genética aditiva direta foi superior que a moda e a mediana, na ordem de 23%. Estes resultados mostram que para estas características existem desvios um pouco acentuados de assimetria da distribuição marginal posterior (FIGURA 1). Porém, isto pode ser explicado pelo fato das variâncias possuírem distribuição inicial qui-quadrado invertida (Uribe, 1996). Assim, as estimativas das médias posteriores para os componentes de (co)variância são baseadas no valor esperado das distribuições IW para todas as variáveis aleatórias (Van Tassel, Van Vleck, 1996). Desta forma, a soma de quadrados, bem como, os quadrados mínimos apresentam distribuição qui-quadrado invertida, não sendo uma distribuição normal. No entanto, quanto maior o número de simulações menor será a variância da média, e de acordo com o teorema dos grandes números, quando o número de amostras é grande, as distribuições marginais posteriores das variâncias tendem à simetria, ou seja, apresentam-se como uma distribuição normal. Neste estudo, foram retiradas 1.800 amostras para cada característica, sendo que este número não foi suficiente para que as distribuições assumissem o comportamento de uma distribuição normal, no entanto, estas apresentaram-se com tendência a normalidade.

Conforme observado na FIGURA 1, quando a Amostragem de Gibbs é corretamente implementada, as distribuições marginais posteriores se apresentam mais estáveis e tendem a normalidade (Blasco et al., 1998).

TABELA 1 Estatística descritiva dos componentes de variância e herdabilidade para peso aos 365 (P365) e 450 dias de idade (P450), perímetro escrotal aos 365 (PE365) e 450 dias de idade (PE450), obtidos a partir de análises unicarateres.

Característica		Média	Moda	Mediana	σ^2k	DP	IC
P365	σ^2a	380,80	309,28	309,03	139,52		357,18 a 404,42
	σ^2e	315,44	317,40	315,44	63,71	7,98	299,48 a 331,40
	h^2d	0,49	0,49	0,49	0,0002	0,01	0,47 a 0,51
P450	σ^2a	384,32	385,71	383,89	220,49		354,62 a 414,02
	σ^2e	356,65	356,09	357,00	99,24	9,96	336,73 a 376,57
	h^2d	0,52	0,52	0,52	0,0002	0,02	0,50 a 0,54
PE365	σ^2a	2,12	2,15	2,12	0,0219	0,15	1,82 a 2,42
	σ^2e	1,01	1,00	1,01	0,0107	0,10	0,81 a 1,21
	h^2d	0,68	0,68	0,68	0,0013	0,04	0,60 a 0,76
PE450	σ^2a	3,76	3,83	3,76	0,0623	0,25	3,26 a 4,26
	σ^2e	1,91	1,85	1,91	0,0294	0,17	1,57 a 2,25
	h^2d	0,66	0,68	0,66	0,0012	0,03	0,60 a 0,72

2a: variância genética aditiva direta; 2e: variância residual; h2d: herdabilidade direta; 2k: variância das amostras; DP: desvio padrão; IC: intervalo de confiança de 95%.

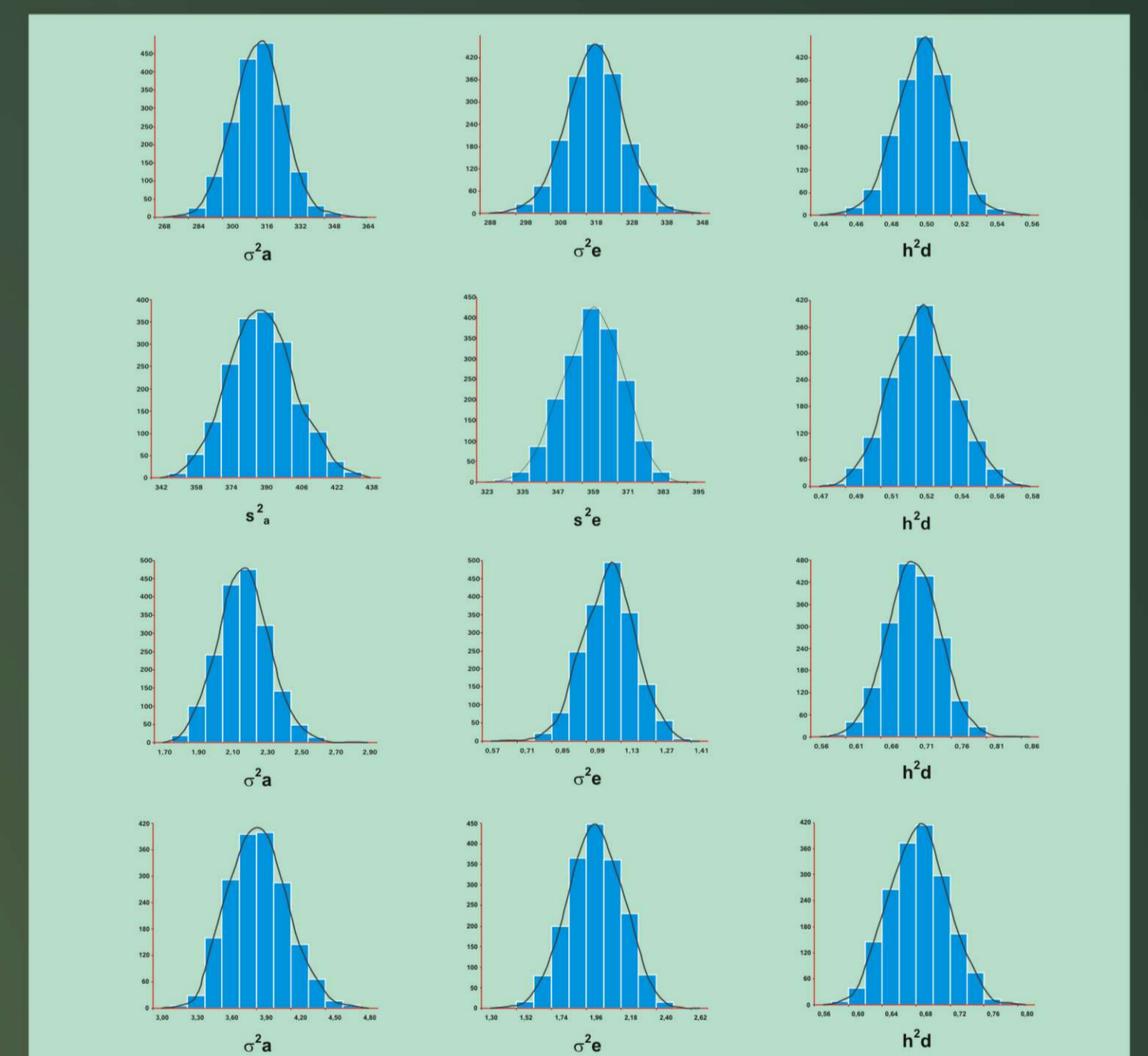


FIGURA 1 Histogramas das estimativas de densidades posteriores da variância genética aditiva direta (2a), variância residual (2e) e herdabilidade direta (h^2d) para peso aos 365 (superior) e 450 dias de idade (centro superior), perímetro escrotal aos 365 (centro inferior) e 450 dias de idade (inferior), considerando as análises unicarateres.

CONCLUSÕES

A inferência bayesiana apresentou-se como uma excelente alternativa para estimação de parâmetros genéticos devido as distribuições marginais posteriores gerarem inferências mais precisas. O peso e perímetro escrotal aos 365 dias podem ser

indicados como critérios de seleção, sendo uma excelente ferramenta para a identificação de genótipos superiores em menor tempo.