

IMPORTÂNCIA DA UTILIZAÇÃO DE VALORES INICIAIS INFORMATIVOS E PERÍODO DE DESCARTE AMOSTRAL NA IMPLEMENTAÇÃO DE UMA ANÁLISE BAYESIANA PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS NO PESO AO DESMAME NA RAÇA NELORE

Carina U. de Faria¹, Cláudio de U. Magnabosco², Arcadio de los Reyes³, Raysildo B. Lôbo⁴, Vanessa Barbosa⁵, Roberto Sainz⁶

¹Mestranda da Universidade Federal de Goiás, Bolsista da Embrapa Cerrados, Caixa Postal 08223, Planaltina, DF,

²Pesquisador da Embrapa Cerrados/Arroz e Feijão, Bolsista do CNPq, Caixa Postal 08223, Planaltina, DF,

³Professor Titular do Departamento de Produção Animal da EV/UFG, Caixa Postal, 131, Goiânia, GO,

⁴Professor Associado, FMRP-USP, Ribeirão Preto, SP,

⁵Zootecnista, Bolsista CNPq, Embrapa Cerrados, Caixa Postal 08223, Planaltina, DF,

⁶Professor da University of California, Davis/EUA.

INTRODUÇÃO

O aprimoramento de novas metodologias de análise genética, visando incrementar os índices de produtividade, tem sido cada vez mais importante na pecuária de corte moderna. A estimação de componentes de (co)variâncias é de suma importância nesse contexto.

Atualmente, o método de estimação de componentes de (co)variâncias mais utilizado é o REML (BOLDMAN et al., 1995). No entanto, a Amostragem de Gibbs (GS) surge como uma nova opção de avaliação genética, cuja metodologia, consiste em estimar a densidade marginal posterior do parâmetro de interesse e determinar a confiabilidade do parâmetro, até então, desconhecido. O GS promove a resolução de funções matemáticas complexas só acessíveis por métodos de aproximação, e desta maneira, problemas relacionados com o melhoramento genético animal, tornaram-se possíveis de serem solucionados (SORENSEN et al. 1994; VAN TASSEL e VAN VLECK, 1996; MAGNABOSCO et al., 2000).

O algoritmo de Gibbs é fácil de ser implementado, e seus resultados permitem uma inferência bayesiana, gerando distribuições posteriores marginais completas, a partir das quais, são obtidas as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos.

MATERIAL E MÉTODOS

Para as análises foi utilizado o Algoritmo de Gibbs sobre um conjunto de dados obtidos de arquivos do Controle de Desenvolvimento Ponderal da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), incluindo 29.245 registros de campo de animais criados a pasto e nascidos entre 1980 e 1993, de 24 rebanhos da raça Nelore. Esses dados foram referentes à característica de peso aos 205 dias de idade (P205), com peso médio de 162,9 kg e desvio padrão de 25,52 kg, coletados nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Consideraram-se como efeitos fixos os grupos de contemporâneos (rebanho-ano-estação) e a idade da vaca ao parto em 6 classes. O modelo linear misto adotado foi:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3p + e$$

onde y representa o vetor da variável dependente (P205), X a matriz de incidência que associa b com y , a representa o vetor dos efeitos genéticos aditivos diretos, Z_1 a matriz de incidência que associa a com y , m o vetor das contribuições maternas (efeito genético aditivo materno), Z_2 a matriz de incidência que associa m com y , p o vetor das contribuições do ambiente permanente, Z_3 a matriz de incidência que associa p com y e finalmente e o vetor dos efeitos residuais aleatórios.

Para a implementação da Amostragem de Gibbs, as análises foram realizadas, utilizando três diferentes períodos de descarte amostral, $k = 100, 5.000$ e 20.000 ciclos, sendo que o tamanho da cadeia de Gibbs foi de 100.000 ciclos, em esquema de cadeia longa. As amostras foram obtidas a cada 100 ciclos e os valores iniciais foram assumidos como informativos, ou seja, refletiam conhecimento prévio dos componentes de (co)variâncias ($v = 9$).

RESULTADOS

Foram realizadas três análises para a implementação do algoritmo de Gibbs, utilizando sempre o esquema de cadeia longa (JENSEN et al., 1994; SEWALEM e JOHANSSON, 2000) e considerando os valores iniciais das estimativas dos parâmetros genéticos como informativos. O tamanho da cadeia amostral de Gibbs foi de 100.000 ciclos e, após utilizar três diferentes períodos de descarte amostral $k = 100, 5.000$ e 20.000 ciclos, e um intervalo de utilização amostral $d = 100$ ciclos, foram obtidas, $m = 999, 950$ e 800 amostras das estimativas dos parâmetros do modelo matricial, respectivamente.

Foi utilizado o aplicativo MTGSAM (*Multiple Trait using Gibbs Sampling under Animal Model*) para a obtenção das estimativas de médias posteriores dos componentes de (co)variâncias, a partir das amostras da cadeia de Gibbs, bem como, a estimação dos parâmetros genéticos. Observou-se que, praticamente não houve diferenças nas estimativas dos parâmetros genéticos quando utilizados diferentes períodos de descarte amostral (Tabela 1). As densidades marginais posteriores foram similares para todas as análises, apresentando-se graficamente estáveis e aproximando-se de uma distribuição normal (Figura 1).

De acordo com os resultados obtidos, pôde ser observado que, apesar da importância de descartar as primeiras amostras geradas pelo Algoritmo de Gibbs (GARCIA-CORTÉS et al. 1998), quando os valores iniciais das estimativas dos parâmetros são informativos, ou seja, representam um conhecimento prévio destes parâmetros, as amostras obtidas nos primeiros ciclos podem ser consideradas como amostras verdadeiras das densidades marginais posteriores (LIN e BERGER, 2001). Em relação às estimativas dos parâmetros genéticos obtidas neste estudo (Tabela 1), estas foram maiores que as obtidas pelo REML, também utilizando valores iniciais informativos (MAGNABOSCO et al., 2000). No entanto, as estimativas do GS descritas por MAGNABOSCO et al. (2000), assumindo valores iniciais informativos foram similares as estimativas do REML encontradas em trabalhos prévios para bovinos da raça Nelore (REYES et al., 1995).

Neste estudo, o período de descarte amostral de 20.000 ciclos foi o mais adequado, pois suas estimativas de média, moda e mediana, para herdabilidades direta e maternal foram iguais, conforme esperado em distribuições posteriores classificadas como próximas da distribuição normal (Tabela 1). Porém, períodos de descarte amostral menores podem ser utilizados, quando o conjunto de dados é consistente, e se tem um conhecimento prévio dos valores iniciais das estimativas dos parâmetros a serem estimados.

OBJETIVO

Estudar o efeito da utilização de valores iniciais informativos sobre os parâmetros genéticos e a importância do período de descarte amostral para a obtenção de suas distribuições marginais posteriores, analisando dados de campo para peso aos 205 dias de idade, em bovinos da raça Nelore.

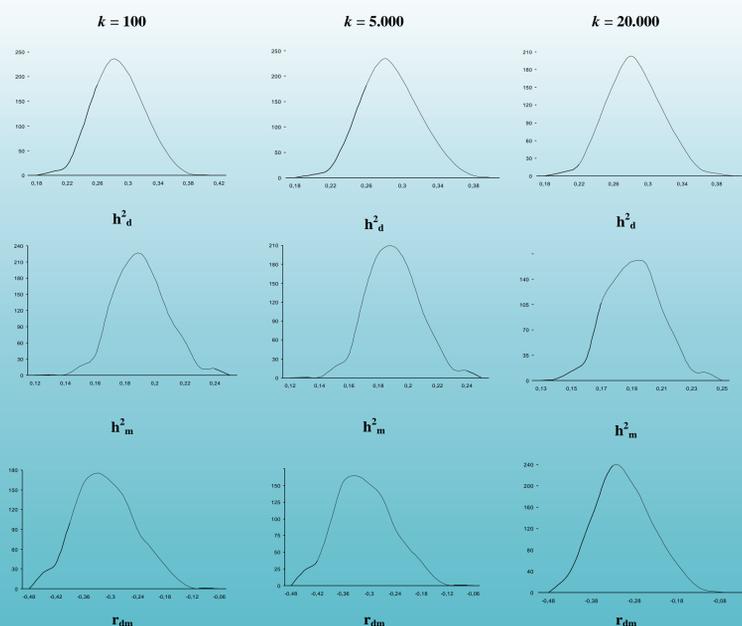


Figura 1. Histogramas das estimativas de densidades posteriores das herdabilidades direta (h^2_d), maternal (h^2_m), e correlação genética entre efeitos direto e maternal (r^2_{dm}), para peso aos 205 dias de idade, considerando períodos de descarte amostrais de 100, 5.000 e 20.000 ciclos e $v = 9$.

Tabela 1. Estimativas das distribuições marginais posteriores dos parâmetros genéticos para peso aos 205 dias de idade (P205) considerando intervalos amostrais de 100, 5.000 e 20.000 ciclos e $v = 9$.

Intervalo Amostral	Parâmetros	Média	Moda	Mediana	Variância	Desvio Padrão	IC
k = 100 999 amostras	h^2_d	0,28	0,27	0,28	0,0010	0,03	0,22 a 0,34
	h^2_m	0,18	0,19	0,18	0,0003	0,02	0,14 a 0,22
	r_{dm}	-0,32	-0,36	-0,33	-0,0042	-0,06	-0,44 a -0,20
k = 5.000 950 amostras	h^2_d	0,28	0,27	0,27	0,0010	0,03	0,22 a 0,34
	h^2_m	0,18	0,19	0,18	0,0003	0,02	0,14 a 0,22
	r_{dm}	-0,32	-0,36	-0,33	-0,0043	-0,07	-0,46 a -0,18
k = 20.000 800 amostras	h^2_d	0,27	0,27	0,27	0,0009	0,03	0,21 a 0,33
	h^2_m	0,19	0,19	0,19	0,0003	0,02	0,15 a 0,23
	r_{dm}	-0,33	-0,36	-0,33	-0,0042	-0,06	-0,45 a -0,21

h^2_d , h^2_m , r_{dm} são as herdabilidades direta e maternal e a correlação genética entre efeitos direto e maternal respectivamente. IC é o Intervalo de confiança de 95%.

CONCLUSÕES

O uso do método de Gibbs para a estimação de parâmetros genéticos em dados de campo, requer um conhecimento das estratégias de implementação do Amostrador de Gibbs. O período de descarte amostral que melhor representou a distribuição das densidades posteriores foi de 20.000 ciclos, porém, quando os valores iniciais são informativos, podem ser utilizados períodos de descarte amostral menores.

IMPORTÂNCIA DA UTILIZAÇÃO DE VALORES INICIAIS INFORMATIVOS E PERÍODO DE DESCARTE AMOSTRAL NA IMPLEMENTAÇÃO DE UMA ANÁLISE BAYESIANA PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS NO PESO AO DESMAME NA RAÇA NELORE

Cerrados



MINISTÉRIO DA AGRICULTURA,
PECUÁRIA E ABASTECIMENTO



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Cerrados
Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento
BR 020, km 18, Rodovia Brasília/Fortaleza, Planaltina, DF
Telefone: (61) 388- 9898 Fax: (61) 388- 9879*

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA,
PECUÁRIA E ABASTECIMENTO

