

AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM ANIMAIS DA RAÇA NELORE UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA

Carlos Antonio Lopes de Oliveria¹, Luís Otávio Campos da Silva², Elias Nunes Martins³, Ricardo Verdi⁴, Rafael Trannin⁴

¹Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS), Aquidauana – MS.
calolive@terra.com.br

²EMBRAPA-Gado de Corte, Campo Grande – MS; locs@cnpqc.embrapa.br

³Universidade Estadual de Maringá, Maringá –PR. enmartins@uem.br

⁴Acadêmico do Curso de Zootecnia – UEMS, trannin@terra.com.br

Introdução

A inferência bayesiana têm sido implementada para estimação de componentes de (co)variância. Entre os métodos utilizados têm-se o método de Amostragem de Gibbs, que faz parte de um conjunto de processos iterativos, referentes aos métodos de Monte Carlo, baseados em Cadeias de Markov (*Markov Chain Monte Carlo*). O uso da amostragem de Gibbs não requer soluções para as equações de modelos mistos, propicia estimativas diretas e acuradas dos componentes de (co)variância e valores genéticos, bem como os intervalos de credibilidade das estimativas. (MAGNABOSCO, 1997, Van TASSEL et al., 1995). Os objetivos ao realizar-se este trabalho foram estimar os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos e prever os valores genéticos para peso aos 120, 210 e 410 dias, de animais Nelore, utilizando inferência bayesiana, através da metodologia Gibbs Sampling (GS) e comparar as classificações encontrados para mesmo conjunto de dados ao utilizar-se a estimativas dos componentes de (co)variância obtidos por máxima verossimilhança restrita.

Material e Métodos

O conjunto de dados utilizados nas análises foi composto por 7.654 animais da raça nelore com informações mantidas no Arquivo Zootécnico Nacional das Raças Zebuínas, gerenciado pela Embrapa Gado de Corte / ABCZ. Os modelos utilizados contemplavam os efeitos fixos de ambiente, de grupos de contemporâneos (fazenda, ano e estação de nascimento), sexo e idade da vaca ao parto (covariável). Para 120 e 210 dias, foram considerados os efeitos aleatórios genético direto e materno (genético e de ambiente permanente). Para peso aos 410 dias foram considerados os efeitos genético direto e de ambiente materno permanente. Dessa forma, foram estabelecidos os componentes de variância e de parâmetros genéticos estimados nas análises. Para realização das análises utilizou-se o programa MTGSAM (*Multiple trait gibbs sampling in animal model*), desenvolvido por Van TASSEL e Van VLECK (1995). Foram definidas cadeias de gibbs do tamanho 550.000 ciclos, com descarte dos 50.000 primeiros ciclos (*burn in*) e com retiradas de amostras a cada 100 ciclos, após o descarte. Os valores genéticos foram preditos utilizando-se a metodologia das Equações de Modelos Mistos de Henderson.

Resultados e Discussão

As estimativas das herdabilidades diretas indicam grande participação dos efeitos médios dos genes na determinação da variância total, indicando respostas positivas das três características à seleção massal. Os valores de correlação genética entre efeito genético

direto e materno foram negativos e próximos a 70%. As estimativas dos componentes de variância genético aditivo direto, materno genético e de ambiente, fenotípico e os parâmetros genéticos herdabilidade direta (h^2_d) e materna (h^2_m) apresentaram valores superiores aos encontrados para o mesmo conjunto de dados utilizando a metodologia de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) (OLIVEIRA, 2002). Considerando as estimativas, verificou-se que para peso aos 210 e 410 dias, os componentes de (co)variância e a correlação genética entre efeito direto e materno (P120), foram superiores aos encontrados por MERCADANTE E LOBO (1997) e MAGNABOSCO (1997). É necessário considerar que apenas o último autor utilizou inferência bayesiana. Os valores de herdabilidades direta para P210 e P410 estimados neste trabalho foram superiores aos encontrados por MAGNABOSCO (1997) para peso ao desmame e peso aos 365 dias, respectivamente, e menores que o valor estimado para peso aos 550 dias. A comparação das classificações dos valores genéticos dos animais obtidos a partir dos componentes de variância fornecidos pelos métodos REML e GS apresentaram estimativas de correlação de Spearman superiores a 94%, indicando ampla associação entre as classificações, apontando resultados semelhantes para as duas metodologias.

Tabela 1. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para pesos aos 120 (P120), 210 (P210) e 410 dias de idade (P410).

Características	Componentes De (Co)Variância E Parâmetros Genéticos									
	σ^2_a	σ_{am}	σ^2_m	σ^2_{ep}	σ^2_e	σ^2_p	$h^2_d^1$	$h^2_m^2$	$C^{2,3}$	r_{am}^4
P120	120,39	-63,12	58,69	42,26	365,40	526,62	0,23	0,11	0,09	-0,74
P210	248,29	-105,00	89,39	88,80	491,08	812,57	0,30	0,11	0,11	-0,70
P410	423,10	-	-	64,01	872,74	1359,82	0,31	-	0,05	-

¹herdabilidade direta; ²herdabilidade materna; ³proporção do ambiente materno permanente na variância total; ⁴correlação genética efeito direto e materno.

Conclusões

Os resultados demonstram que o método bayesiano proporciona estimativas semelhantes as disponibilizadas pela metodologia de máxima verossimilhança restrita, considerando os componentes de (co)variância e a predição dos valores genéticos.

Referências Bibliográficas

- OLIVEIRA, C. A. L. et al. Avaliação de diferentes modelos na estimação dos componentes de variância em características de crescimento em bovinos de corte. Encontro Científico da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, I, Aquidauana, 2002. Anais... 2002.
- MERCADANTE, M. E. Z. e LÔBO, R. B. Estimativas de (co)variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho Nelore. Revista brasileira de Zootecnia. v 26, n. 6, p. 1124-1133. 1997.
- MAGNABOSCO, C. U. **Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento de animais da raça Nelore usando os métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e Amostragem de Gibbs.** Ribeirão Preto, SP:USP, 1997, 83p. Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade de São Paulo, 1997.
- Van TASSEL, C. P., Van VLECK, L. D. *A manual for use of MTGSAM. A set of fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance component*

estimation (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture/Agricultural Research Service, 1995. 86p.