

## HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS PARA PESOS À DESMAMA, ANO E SOBREANO NA RAÇA NELORE<sup>1</sup>

### AUTORES

SANDRA MARIA SIMONELLI<sup>2</sup>, ELIAS NUNES MARTINS<sup>3</sup>, EDUARDO SHIGUERO SAKAGUTI<sup>3</sup>, ELIANE GASPARINO<sup>3</sup>, LUIS OTÁVIO C. SILVA<sup>4</sup>, DANIEL PEROTTO<sup>5</sup>

<sup>1</sup> parte da tese de doutorado em Zootecnia do primeiro autor.

<sup>2</sup> professora do CESUMAR e CIES

<sup>3</sup> professores do curso de Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá - Av. Colombo, 5790. Cep. 87020-900. Maringá-PR

<sup>4</sup> pesquisador da Embrapa - Gado de Corte - MS

<sup>5</sup> pesquisador do IAPAR - Ponta Grossa - PR

### RESUMO

Foram estimados componentes de variâncias para bovinos da raça Nelore criados em cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul com o objetivo de verificar heterogeneidade de variâncias entre essas regiões. Os dados eram provenientes da Embrapa – Gado de Corte e as características estudadas foram o peso aos 205 dias (P205), peso aos 365 dias (P365) e o peso aos 550 dias de idade (P550) e em cada região foram consideradas como características distintas. Para os efeitos fixos foi assumida distribuição uniforme e para os efeitos aleatórios a distribuição de Wishart Invertida. Os componentes de (co)variâncias foram obtidos por meio do programa MTGSAM. Foram realizadas 530.000 iterações com intervalo de retirada de 600 e 40 iterações para P205 e P365 e P550 respectivamente, com período de descarte inicial de 5.000 iterações. Foram estabelecidos intervalos de credibilidade, regiões de alta densidade para todas as diferenças entre os componentes de variância das cinco regiões. Foram verificadas interseções entre as distribuições posteriores dos componentes de variâncias genéticas e ambientais nas regiões 1, 3 e 4 e nas regiões 2 e 5. Entre as regiões em que houve interseção, observou-se que as variâncias foram homogêneas. As herdabilidades foram semelhantes entre as regiões 1, 3 e 4 e entre as regiões 2 e 5. Nas avaliações genéticas dos animais da raça Nelore no estado do Mato Grosso do Sul a heterogeneidade de variâncias entre regiões poderia ser considerada.

### PALAVRAS-CHAVE

bovinos de corte, heterogeneidade de variâncias, herdabilidades, inferência bayesiana

### TITLE

HETEROGENEITY OF VARIANCES FOR WEIGHTS AT WEANING, YEAR AND YEARLING IN THE NELORE BREED

### ABSTRACT

Components of variances were estimated for bovines from the Nelore breed raised in five regions of the state of Mato Grosso do Sul, by means of the Gibbs sampler having as objective the verification of the heterogeneity of variances between those regions. The informations coming from Embrapa – Beef Cattle. The traits studied were the weight at 205 (P205), the weight at 365 (P365) and the weight at 550 (P550) days old. Each trait was considered as being a distinct one in each region. It was assumed for the fixed effects distribution flat prior and for the random effect distributions of Inverted Wishart. The components of (co) variances were obtained through the program MTGSAM. For trait P205 and P365 and P550, 530000 iterations with thinning intervals of 600 iterations and 40 iterations, respectively were carried out with burn-in period of 5000 iterations. Intervals of credibility, regions of high density and subsequent distributions for all the differences between the components of variance of the five regions were established. The subsequent distributions of the components of variances were symmetrical for all the components of variances. Intersections between the components of genetic and environmental variance in the regions 1,3 and 4 and in the regions 2 and 5 were verified. Between the regions in which there was intersection, it could be observed that the variances were homogeneous. The heritabilities were similar between the regions 1, 3 and 5, and 2 and 5.

### KEYWORDS

bayesian inference, beef cattle, heterogeneity of variances, heritability

## INTRODUÇÃO

Nos procedimentos empregados para avaliação genética de gado de corte é assumido que haja homogeneidade de variâncias. No entanto, admitir a homogeneidade de variâncias, quando ela não ocorre, pode causar viés nas avaliações genéticas. Os métodos utilizados para tratar a heterogeneidade de variâncias são a transformação dos dados, o uso de fatores de correção ou o uso de fatores multiplicativos sobre as observações. Esses procedimentos nem sempre são realistas podendo produzir avaliações genéticas viesadas. Um outro método para tratar a heterogeneidade de variâncias seria modificar as equações de modelos mistos para considerar as variâncias genéticas ou residuais que diferem entre ambientes e tratar a mesma característica em cada ambiente como características múltiplas. Isso permitiria a estimação dos efeitos fixos de ambiente e predição dos valores genéticos, ponderando as observações de acordo com as diferentes variâncias em cada classe de heterogeneidade e considerando a estrutura de covariância entre elas. Nesse caso, a característica que se pretende avaliar é tomada como diferentes características em cada classe de heterogeneidade de variância. O problema desta estratégia segundo Martins (2002) é a necessidade de que as classes de heterogeneidade de variância residual sejam idênticas às de variância genética. Assim, objetivo deste trabalho foi o de verificar a existência de heterogeneidade de variâncias entre as cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul.

## MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste trabalho foram provenientes da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) e estão sob a responsabilidade da Embrapa – Gado de Corte. O conjunto final de dados continha 68.345 informações de animais da raça Nelore, criados em cinco regiões do Mato Grosso do Sul sendo elas: região do Alto Taquari (1); regiões Bodoquena e Dourados (2); região de Campo Grande (3); região do Pantanal (4) e Paranaíba e Três Lagoas (5). As características estudadas neste trabalho foram o peso aos 205 dias de idade (P205), o peso aos 365 dias de idade (P365) e o peso aos 550 dias de idade (P550). Somente foram mantidos grupos contemporâneos com 15 observações ou mais. Os componentes de co(variância) foram obtidos por meio do programa MTGSAM - Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models desenvolvido por Van Tassel e Van Vleck (1995) em um modelo que incluiu como efeitos fixos o grupo contemporâneo (GC) o sexo dos animais e a covariável idade da mãe ao parto (linear e quadrática), sendo esta última considerada somente para o P205. Para estimação dos componentes de (co)variâncias foi considerado a mesma característica em cada microrregião como sendo características distintas. Para os efeitos fixos foi assumida distribuição uniforme e para os componentes de variância genética direta e materna, permanente de ambiente e residual foi assumido distribuição de Wishart Invertida (IW).

A função densidade de probabilidade conjunta dos parâmetros e a informação dos “priors” foram escritas como o produto das distribuições dos “priors” e a função de verossimilhança (Van Tassel e Van Vleck, 1996).

Para as análises multivariadas da característica P205 foram geradas cadeias de Gibbs de 530.000 iterações, com descarte inicial de 5.000 iterações e intervalo de amostragem a cada 600 iterações. Para as análises multivariadas das características P365 e P550 foram geradas cadeias de 530000 iterações, com descarte inicial de 5.000 iterações e intervalo de retirada de 40 iterações.

A verificação da convergência das distribuições das cadeias geradas pelo Amostrador de Gibbs foi realizada pela biblioteca CODA (“Convergence Diagnosis and Output Analysis”) versão 0.4, desenvolvido por Cowles et al. (1995), e o método adotado neste trabalho foi o de Heidelberg e Welch (1983). A existência de heterogeneidade de variâncias genética e residual entre as regiões foi detectada pela diferença dos componentes de variâncias entre uma região e outra.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Procedimentos bayesianos por meio do amostrador de Gibbs permitem determinar intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade (RAD) para distribuição posterior dos componentes de (co)variância. Os intervalos de credibilidade e as RADs dos diferentes componentes de variâncias estão bastante próximos mostrando a simetria das distribuições posteriores.

Na Tabela 1 são mostradas as estimativas dos componentes de (co)variâncias para o P205, P365 e P550.

Para o P205 observou-se interseção entre as regiões 1 e 3, 1 e 4, 3 e 4 e entre as regiões 2 e 5 para o efeito genético direto e materno. As médias das diferenças entre as regiões em que houve interseção foram baixas, mostrando a homocedasticidade de variâncias para essas regiões e heterogeneidade de variâncias genéticas diretas entre as regiões 1, 3 e 4 contra as regiões 2 e 5. Quanto ao efeito permanente observou-se interseção praticamente em todas as regiões. As maiores diferenças foram encontradas entre as regiões 1 e 5 e entre 3 e 5. Para o efeito residual observou-se que houve interseção entre as regiões 1 e 3, 1 e 4 e entre as regiões 3 e 4. As menores médias apresentaram-se onde ocorreram as interseções, mostrando a homocedasticidade entre essas regiões. Entre as regiões 2 e 5 ocorreu uma leve interseção no entanto, a média da diferença entre os componentes de variância para essas duas regiões foi baixa, o que indica variâncias residuais homogêneas para estas duas regiões.

Para a característica P365 houve interseção, para o efeito genético direto e residual, entre as regiões 1 e 3, 1 e 4, 3 e 4 e 2 e 5 demonstrando a homocedasticidade de variâncias entre essas regiões. Verifica-se que as menores médias foram observadas entre as regiões 1 e 3 e 2 e 5, o que demonstra maior semelhança entre essas regiões quanto a variação genética da população.

Para a característica P550 observou-se interseção entre as regiões 1 e 3, 1 e 4, 3 e 4 e 2 e 5 para o efeito genético direto e residual. Novamente a homocedasticidade de variâncias genéticas e residuais está ocorrendo entre as regiões essas regiões e a heterogeneidade entre as regiões 1, 3 e 4 contra as regiões 2 e 5. As menores médias, foram encontradas entre as regiões em que houve homocedasticidade de variâncias, com exceção da média entre as regiões 2 e 5.

De acordo com Martins (2002) as causas da heterogeneidade de variâncias genéticas podem ser a constituição genética, seleção ao longo das gerações, intensidade de seleção ou interação genótipo x ambiente. Neste trabalho a origem da heterogeneidade de variância foi tanto genética quanto residual e as consequências da não consideração da heterogeneidade seriam complexas, por dependerem da forma variável assumida pela estrutura de variância e covariância.

Na Tabela 2 são observadas as estimativas das herdabilidades para as características P205, P365 e P550. As estimativas de herdabilidade para as três características neste trabalho foram bastante altas, principalmente aquelas para as regiões 1, 2 e 3. Observou-se que naquelas regiões em que as variâncias foram homogêneas, regiões 1, 2 e 3 e regiões 2 e 5, as herdabilidades foram bastante semelhantes.

## CONCLUSÕES

Foi observada que a heterogeneidade de variâncias tanto genéticas quanto ambientais ocorreu entre as regiões 1, 2 e 3 em relação as regiões 2 e 5 para todas as características estudadas; As herdabilidades foram bastante semelhantes para as regiões em que houve homogeneidade de variâncias.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. COWLES, M. K.; BEST, N.; VINES, K. Convergence Diagnostics and Output Analysis. MRC Biostatistics Unit, UK. Version 0.40. 1995.
2. HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations Research*, v.31, p.1109-11144, 1983.com casca de café como parte da dieta. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.29, n. 2, p.564-572, 2000.
3. MARTINS, E.N. 2002. Avaliação Genética e Heterogeneidade de Variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, 2002, Recife-PB. Anais... Recife: Sociedade

**41ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**  
19 de Julho a 22 de Julho de 2004 - Campo Grande, MS

Brasileira de Zootecnia/Gmosis, [2002]. CD-ROM. Melhoramento genético animal.

4. VAN TASSEL, C. P.; VAN VLECK, D. L. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT]. In: A manual for use of MTGSAM. U. S Department of Agriculture: Agricultural Research Service.1995.
5. VAN TASSEL, C. P.; VAN VLECK, D. L. Múltiple trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood based (co)variance component inference. Journal of Animal Science, v.74, p.74, p.2586-2597. 1996.

**41ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**

19 de Julho a 22 de Julho de 2004 - Campo Grande, MS

TABELA 1 - Estimativas dos componentes de variâncias genéticas diretas, maternas, permanentes e residuais para a característica P205 e de variâncias genéticas diretas e residuais para as características P365 e P550 nas cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul

Características	Efeito	Regiões					Total*
		1	2	3	4	5	
P205	$S_a^2$	387,37	175,64	409,79	379,23	242,61	123,21
	$S_m^2$	212,79	104,79	234,95	190,87	112,05	79,25
	$S_p^2$	50,32	37,54	53,14	42,51	29,35	35,43
	$S_e^2$	24,70	222,27	48,31	70,33	164,83	238,48
P365	$S_a^2$	584,60	358,04	569,50	457,14	354,68	281,43
	$S_e^2$	147,60	416,41	194,03	251,88	360,43	428,73
P550	$S_a^2$	972,90	518,86	824,65	773,24	443,07	358,49
	$S_e^2$	189,14	589,89	217,59	157,89	512,43	613,13

$S_a^2$  = variância genética direta;  $S_m^2$  = variância genética materna;  $S_p^2$  = variância permanente de ambiente;  $S_e^2$  = variância residual.

Total\* - Estimativas obtidas considerando homogeneidade de variâncias

TABELA 20 – Herdabilidades posteriores para as características P205, P365 e P550 nas cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul.

Herdabilidades	Características			
	P205		P365	P550
Regiões	$h_a^2$	$h_m^2$	$h_a^2$	$h_a^2$
Região 1	0,78	0,43	0,79	0,83
Região 2	0,37	0,22	0,46	0,46
Região 3	0,75	0,44	0,74	0,78
Região 4	0,76	0,38	0,64	0,83
Região 5	0,54	0,25	0,49	0,46