

USO DO AMOSTRADOR DE GIBBS NA ESTIMAÇÃO DE VALORES GENÉTICOS EM DADOS CATEGÓRICOS SIMULADOS

Fabiana Barichello¹, Maurício Mello de Alencar², Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior³

¹Doutoranda em Genética e Melhoramento Animal – FCAV/UNESP. Bolsista da FAPESP. E-mail: fabiana_barichello@yahoo.com.br (autor para correspondência);

²Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste, Bolsista CNPq;

³Pesquisador da Embrapa Gado de Corte.

RESUMO

O objetivo neste estudo foi avaliar o efeito de diferentes informações *a priori* (P), tamanhos de cadeia (C), burn-in (B) e thinning (T) sobre os valores genéticos aditivos diretos e maternos na avaliação de características categóricas. Foram simulados rebanhos com 40 touros e 1.200 fêmeas, acasalados aleatoriamente, acompanhados por 20 anos, e gerados efeitos aditivos direto e materno e de ambiente permanente materno. Foram geradas duas repetições de cada combinação P x C x B x T, os componentes de (co)variância e os valores genéticos foram estimados por inferência bayesiana e obtida a correlação de Pearson entre os valores genéticos estimados e os verdadeiros dentro de cada categoria animal. Os valores de herdabilidade direta (h^2_a) e materna (h^2_m) foram subestimados para todas as análises. Houve efeito da interação C x B e C x T para a convergência da h^2_a , para a h^2_m foi encontrado efeito de C. Para todas as categorias houve efeito de C x B x T, não tendo sido encontrado efeito *a priori* sobre as correlações.

Palavras-chave: amostrador de gibbs, inferência bayesiana, simulação

INTRODUÇÃO

Nos programas de avaliação genética de bovinos de corte no Brasil, várias características são avaliadas por meio de escores (estrutura, precocidade, etc.), para os quais são atribuídas notas (escores) que têm natureza discreta. Há alguns anos a metodologia bayesiana começou a ser utilizada na obtenção de estimativas dos componentes de variância e valores genéticos dos animais. Os softwares usados permitem utilizar diferentes critérios para a retirada de amostras da cadeia de Markov.

Os objetivos neste estudo foram de explorar o efeito de diferentes critérios (priori, cadeia, burn-in e thinning) para a tomada de amostras da cadeia de Markov sobre os valores genéticos aditivos diretos e maternos estimados na avaliação de características categóricas.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados foram gerados por meio de simulação a partir de um rebanho com 40 touros e 1.200 fêmeas, acasalados aleatoriamente, acompanhados por 20 anos. Foram gerados efeitos aditivo direto, aditivo materno e de ambiente permanente materno. Foram geradas informações de grupos de manejo utilizadas para a formação dos grupos de contemporâneos. Foi também gerado, para cada bezerro, o efeito da idade de sua mãe ao parto, que juntamente com os demais efeitos e um erro aleatório independente, foi combinado para formar o valor fenotípico do animal na escala subjacente. Os valores

para a simulação foram: herdabilidade aditiva (h^2a) = 0,25; herdabilidade materna (h^2m) = 0,09; efeito de ambiente permanente materno = 0,09; correlação dos efeitos aditivos direto e materno = -0,20; variância de grupo de contemporâneos = 0,16; e a distribuição de frequência dos dados foi normal.

Os componentes de (co)variância e os valores genéticos foram estimados por inferência bayesiana, utilizando-se o programa computacional MTGSAM (Van Tassel & Van Vleck, 1995). Foi utilizado modelo linear completo.

Para as análises foram testadas duas informações *a priori* sendo a primeira correspondente a 50% a menos do valor verdadeiro e a segunda de 100% superior ao valor verdadeiro e assumindo distribuições "flat". As cadeias (C) testadas foram classificadas em grande (G), média (M) e pequena (P) de 700.000, 300.000 e 50.000 ciclos, respectivamente. O descarte amostral (burn-in - B) foi definido em 40, 15 e 5% do tamanho total da cadeia resultando em burn-in grande, médio e pequeno, respectivamente. O intervalo de retirada de amostra (thinning - T) foi calculado para amostrar em intervalos grande, médio e pequeno que corresponderam a 0,1%; 1,0% e 10% do tamanho total da cadeia. Foram testadas todas as combinações de *priori* x cadeia x burn-in x thinning com duas repetições cada. As convergências das cadeias foram verificadas pelo teste de Geweke. Para análise da convergência das cadeias foi atribuída nota um (sucesso) para as cadeias que convergiram e nota zero (fracasso) para as que não convergiram. Obtidos os valores genéticos estimados, foi calculada para cada repetição a correlação de Pearson entre os valores genéticos estimados e os verdadeiros, dentro de cada categoria animal (touro, vaca e produto).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os valores estimados para h^2a e h^2m foram subestimados para todas as análises consideradas, concordando com Carneiro Júnior et al (2005). Foi encontrado efeito da interação C x B e C x T para a convergência da cadeia da h^2a . Para a cadeia da h^2m foi encontrado efeito de C. Observa-se, na Tabela 1, em que as médias estimadas para a convergência da h^2a para C x B e C x T, em que o maior número de cadeias não convergidas foi obtido na combinação C(G) x B(M) e C(P) x T(P). Para a convergência da cadeia da h^2m , as cadeias G e M não foram diferentes entre si, mas foram superiores à cadeia P. Os demais efeitos e interações não foram significativos sobre as herdabilidades.

Tabela 1. Médias estimadas para a convergência da herdabilidade aditiva direta para as interações cadeia x burn-in e cadeia x thinning.

Cadeia ¹	Burn-in			Thinning		
	100%	50%	25%	10%	5%	2%
G	1,00 ^{aa}	0,67 ^{bb}	1,00 ^{aa}	0,83 ^{aa}	1,00 ^{aa}	0,83 ^{aaB}
M	1,00 ^{aa}					
P	0,83 ^{aa}	1,00 ^{aa}	0,83 ^{aa}	1,00 ^{aa}	1,00 ^{aa}	0,67 ^{bb}

Letras minúsculas na linha e maiúsculas na coluna. Números seguidos de letras iguais não diferem entre si. ¹G = grande; M = média; P = pequena.

Para a correlação dos valores genéticos estimados e os verdadeiros as análises não convergidas foram desconsideradas. Para todas as categorias (touro, vaca e produto) houve efeito de interação de C x B x T, não tendo sido encontrado efeito da informação *a priori* sobre as correlações. Carneiro Júnior et al. (2005) relataram que o conhecimento *a priori* tende a perder a importância relativa com o aumento de dados considerados. Cadena-Meneses et al. (2002) observaram influência do tamanho do burn-in em estimativas provenientes de cadeias pequenas (1.100 ciclos), no entanto, quando o número de ciclos foi superior esse efeito deixou de ser significativo.

Embora a interação C x B x T tenha sido significativa, esta não foi analisada individualmente, visto que as diferenças estimadas estão a partir da quarta casa decimal o que torna estas diferenças irrelevantes em termos práticos. As médias

erros estimados
0,54 ± 0,00003

CONCLUS

Para este con
desempenhos
sobre os valor

BIBLIOGR

CADENA-ME
nentes de var
CARNEIRO J
genética-an
VAN TASSEL
sampling to a

s estimados para as correlações entre os efeitos aditivos diretos de touro, vaca e bezerro foram $0,87 \pm 0,0000167$; $0,000031$ e $0,61 \pm 0,0000124$, respectivamente.

ste conjunto de dados, a informação *a priori* não foi relevante e as cadeias pequenas apresentaram os piores resultados. No entanto, depois de convergidas, cadeia, burn-in e thinning não proporcionaram incrementos relevantes nos valores estimados.

MENESES, J.A.; CASTILLO-MORALES, A. Uso de MTGSAM y muestreo de gibbs en la estimación de covarianza. **Agrociencia**, v.36, p.345-354, 2002.

SOBRAL JÚNIOR, J.M.; ASSIS, G.M.L.; EUCLYDES, R.F.; LOPES, P.S. Influência da informação *a priori* na avaliação genética animal utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.6, p.1905-1913, 2005.

SOBRAL, C.P.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM**. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling animal models for variance component estimation. USDA, ARS, 1995.