



47ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

Salvador, BA – UFBA, 27 a 30 de julho de 2010

*Empreendedorismo e Progresso Científicos na Zootecnia  
Brasileira de Vanguarda*



## **Estimação de Parâmetros Genéticos para Características de Crescimento de Ovinos Santa Inês Utilizando Metodologias Frequentista e Bayesiana<sup>1</sup>**

**Leandro Barbosa<sup>2</sup>, Gleicianny de Brito Santos<sup>3</sup>, Talita Taínes Almeida Santos<sup>3</sup>, João Guilherme de Góis Fontes<sup>3</sup>, Geane Conceição Carvalho<sup>4</sup>; Hymerson Costa Azevedo<sup>5</sup>**

<sup>1</sup>Financiada pela UFS e FAPITEC

<sup>2</sup>Prof. Adj. do Departamento de Zootecnia – UFS/São Cristóvão-SE; e-mail: [leandro@ufs.br](mailto:leandro@ufs.br)

<sup>3</sup>Aluno do Departamento de Zootecnia – UFS/São Cristóvão-SE;

<sup>4</sup>Mestranda em Biotecnologia – UFS/São Cristóvão-SE;

<sup>5</sup>Pesquisador da Embrapa Tabuleiros Costeiros – CPATC, Aracaju-SE.

**Resumo:** Objetivou-se estimar os componentes de (co)variância e herdabilidade direta e materna de peso ao nascer (PN) e peso ao desmame (P90) em ovinos Santa Inês utilizando amostrador de Gibbs e REML. Um total de 2.111 registros de ovinos Santa Inês, foi obtido de um rebanho experimental da EMBRAPA/CPATC, no período de 1998 a 2008. A estimação dos componentes de (co)variância foi realizada por meio da utilização e comparação das metodologias Clássica e Bayesiana em análise bicaracterística. O modelo misto utilizado continha efeito fixo de sexo, grupo contemporâneo e tipo de parto, além dos seguintes efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto, efeito genético aditivo materno e efeito residual. Na análise Bayesiana, a média da estimativa de herdabilidade aditiva direta, para PN e P90 foram 0,25 e 0,09, respectivamente, e a correlação genética entre ambas características foi de 0,13. Já para a análise Clássica, a média da estimativa de herdabilidade aditiva direta para PN e P90 foram 0,26 e 0,06, respectivamente, e a correlação genética entre PN e P90 foi de 0,16.

**Palavras-chave:** amostrador de gibbs, análise bicaracterística, correlação genética, herdabilidade, ovinos deslançados, reml

### **Estimation of Genetic Parameters for Growth Traits in Santa Inês Sheep Breed, by Bayesian and Classical Methodologies**

**Abstract:** The objective of this work was to estimate the (co)variance components and direct and maternal heritability of birth weight (BW) and weaning weight (WW) of Santa Inês sheep breed using Gibbs Sampling and REML. A total of 2.111 records of the Santa Inês breed were analyzed, obtained from experimental herds of EMBRAPA/CPATC from 1998 to 2008. (Co)variance components were estimated through the use and comparison of classical and Bayesian methodologies in two-trait analyses. The mixed model used contained fixed effects of sex, contemporary group, parity type and the direct and maternal additive genetic and residual random effects. In Bayesian analysis, estimates of direct heritability to BW and WW were 0,25 and 0,09, respectively, and the genetic correlation between both characteristics was 0.13. As for the classical analysis, estimates of direct additive heritability for BW and WW were 0.26 and 0.06, respectively, and the genetic correlation between BW and WW was 0.16.

**Keywords:** genetics correlation, gibbs sampling, hair sheep, heritability, reml, two-trait analyses.

#### **Introdução**

O conhecimento das propriedades genéticas das populações baseia-se nos parâmetros genéticos, que são obtidos por meio de componentes de variância, os quais podem ser estimados por vários métodos. O método da Máxima Verossimilhança Restrita – REML (“Restricted Maximum Likelihood”), que se baseia no princípio de maximização do logaritmo da função densidade de probabilidade das observações, tem sido o mais utilizado. Recentemente, os métodos Bayesianos têm se tornado uma opção para solução de problemas relacionados à avaliação de mérito genético. Métodos Bayesianos podem ser especialmente válidos em problemas complexos ou nas situações em que naturalmente não há conformidade com o cenário clássico (REML); muitos problemas genéticos situam-se nessas categorias.

Objetivou-se neste estudo, estimar e comparar os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para as características de crescimento de ovinos Santa Inês, em análise bicaracterística, por meio da Inferência Bayesiana e REML.



47ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

Salvador, BA – UFBA, 27 a 30 de julho de 2010

*Empreendedorismo e Progresso Científicos na Zootecnia  
Brasileira de Vanguarda*



### **Material e Métodos**

Para realização deste estudo foram utilizados registros de 2.111 crias de ovinos Santa Inês nascidas no período de 1998 a 2008, provenientes de um rebanho experimental pertencente à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Tabuleiros Costeiros).

Foi avaliado peso ao nascer e peso ao desmame como característica de crescimento. O peso ao desmame foi ajustado aos 90 dias de idade. Durante o período de coletas dos dados, as práticas de manejo dos rebanhos foram constantes. Os rebanhos permaneceram em campos de pastagem nativa e nativa melhorada durante a maior parte do ano.

Como efeitos fixos, foram utilizados: sexo, tipo de parto e grupo contemporâneo (formado pela combinação do ano com o período do nascimento). Os períodos de nascimento foram: jan-mar, abr-jun, jul-set e out-dez.

O modelo misto utilizado continha, além dos efeitos fixos os seguintes efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto, efeito genético aditivo materno e efeito residual. Os componentes de (co)variância foram obtidos utilizando-se o método da Máxima Verossimilhança Restrita, com o algoritmo Livre de Derivadas utilizando-se o programa MTDFREML. Já para a análise Bayesiana, os componentes de (co)variância foram obtidos por meio Amostrador de Gibbs (GS), utilizando o programa MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampling for Animal Models). Foi assumida uma priori não informativa. O número de iterações inicial foi obtido de forma arbitrária utilizando-se uma única cadeia com 200.000 iterações, com um período de “burn in” de 50.000 e intervalo de amostragem de 100 ciclos. O diagnóstico de convergência foi feito usando o algoritmo implementado no software R, por meio do pacote BOA (Bayesian Output Analysis).

### **Resultados e Discussão**

As estimativas de (co)variância entre o efeito direto e materno, foram negativos e próximos de zero para PN (Tabela 1), quando utilizou o GS. Estes resultados estão próximos dos obtidos por Van Wyk et al. (1993), que relataram estimativas de -0,05 ao trabalhar com REML. As estimativas REML também foram negativas (-0,14), mas superiores às obtidas por GS. Sousa et al. (1999) observaram valores superiores (-0,31) ao encontrado no presente trabalho. Para P90, foi observada média de -0,23 (GS); estimativas negativas, mas com maior magnitude (-0,60), foram relatada por Van Wyk et al. (1993) utilizando REML. A estimativa REML (-0,66) foi superior a obtida pela GS (-0,23), mas dentro do intervalo de alta densidade.

As estimativas de herdabilidade direta obtidas via GS (0,25) foram semelhantes as REML (0,26), que corroboram com as encontradas por Sarmento et al. (2006), que observaram valores 0,23, na análise bicaracterísticas. Entretanto, para P90 as estimativas REML (0,06) foram inferiores às observadas via GS (0,09), mas dentro do intervalo de alta densidade. Souza et al. (1999), ao trabalhar com REML, também observaram baixas herdabilidades (0,04) quando avaliaram peso aos 112 dias de idade.

Os componentes de (co)variância estimados por inferência Bayesiana (via GS) e REML podem ser semelhantes (Van Tassell & Van Vleck, 1996). Todavia, o GS pode ser mais vantajoso que o REML quando o arquivo de dados é muito grande e os modelos são bastante complexos (Van Tassell & Van Vleck, 1996). No entanto, para análises com menor banco de dados as estimativas mais acuradas são obtidas se utilizados *priors* informativos por meio da análise Bayesiana, a inclusão dessas informações geram resultados acurados em situações que o método REML não tem sua convergência garantida (Assis et al., 2007). Na avaliação REML, houve problemas na convergência; contudo, incerteza na obtenção do máximo local, que possivelmente foi devido o modelo ser complexo e o banco de dados não ser grande.

As maiores diferenças entre os dois métodos foi observado para a herdabilidade materna. As diferenças foram maiores para PN que apresentou estimativa de 0,62 via REML e 0,32 via GS, esses valores via REML extrapolaram o intervalo de alta densidade. Entretanto, as estimativas via GS foram similares a estimativa via REML de 0,32 encontrada por Sarmento et al. (2006). Já Para P90, as diferenças entre os dois métodos foram menores (Tabela 1). As estimativas, REML, encontradas (0,26) corroboram com as observadas por Sarmento et al. (2006), que relataram valores de 0,24 para peso ao 112 dias, entretanto distantes das estimadas por Quesada et al. (2002) de 0,10 em ovinos Morada Nova.



Neste estudo, a estimativa de correlação genética aditiva direta entre PN e P90 foi de 0,13 e 0,16, estimadas via GS e REML, respectivamente. Esses valores sugere baixa associação entre essas duas características. Isso significa que deve ser realizada seleção simultânea para ambas características.

Tabela 1 – Estimativas REML, GS (média) e intervalo de alta densidade (via GS) dos parâmetros genéticos para a característica peso ao nascer e ao desmame

Parâmetros	REML	Peso ao Nascer			REML	Peso ao Desmame		
		GS (média)	Limite inferior	Limite superior		GS (média)	Limite inferior	Limite superior
$\sigma_d^2$	0,09	0,11	0,05	0,19	0,67	1,09	0,28	2,16
$\sigma_e^2$	0,18	0,17	0,13	0,21	8,10	7,93	7,09	8,73
$\sigma_{dm}$	-0,14	-0,05	-0,14	0,02	-0,66	-0,23	-1,59	1,01
$\sigma_m^2$	0,23	0,14	0,05	0,21	2,87	2,44	1,16	3,92
$h_d^2$	0,26	0,25	0,13	0,42	0,06	0,09	0,02	0,18
$h_m^2$	0,62	0,32	0,18	0,43	0,26	0,21	0,05	0,21

$\sigma_d^2$  = variância genética aditiva direta;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $\sigma_{dm}$  = co-variância genética aditiva direta e materna;  $\sigma_m^2$  = variância genética aditiva materna;  $h_d^2$  = herdabilidade genética aditiva direta;  $h_m^2$  = herdabilidade genética aditiva materna.

### Conclusão

Houve pequenas diferenças entre os dois métodos, pois, de modo geral, as estimativas via REML estavam dentro do intervalo de alta densidade obtidos via GS. Entretanto, devido à dificuldade de convergência na metodologia REML, recomenda-se o método de GS, ao trabalhar como modelos complexos, na avaliação de ovinos Santa Inês.

### Literatura citada

- ASSIS, G.M.L.; CARNEIRO JUNIOR, J.M.; EUCLYDES, R.F. et al. Estimaco de componentes de variaco sob influncia de genes de efeito principal, comparando-se metodologias Bayesianas e clssica sob diferentes cenrios. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.5, p.1266-1274, 2007.
- QUESADA, M.; MC MANUS, C.; COUTO, F.A.D. Efeitos Genticos e Fenotpicos sobre Caractersticas de Produo e Reproduo de Ovinos Deslanados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.1, p.342-349, 2002 (suplemento).
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H. et al. Estimaco de parmetros genticos para caractersticas de crescimento de ovinos Santa Ins utilizando modelos uni e multivariados. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinria e Zootecnia**, v.58, n.4, p.581-589, 2006.
- SOUSA, W.H.; PEREIRA, C. S.; BERGMANN, J.A.G. et al. Estimativas de componentes de (co)varincia e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos Santa Ins. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.1252-1262, 1999.
- VAN WYK, J.B., VAN DER SCHIFF, W., ERASMUS, G.J. et al. Variance components and heritability estimates of early growth traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. **South African Journal Animal Science**, v.23(3/4), p.72-76. 1993.
- VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.