

## NOVE GERAÇÕES DE SELEÇÃO: COMPARAÇÃO ENTRE METODOLOGIAS PARA OBTENÇÃO DE ESTIMATIVAS GENÉTICAS PARA PESOS CORPORAIS EM CODORNAS DE CORTE

**GERMANO, Jerusa Martins<sup>1</sup>; DIONELLO, Nelson José Laurino<sup>2</sup>; DELLA-FLORA, Raquel Pillon<sup>3</sup>; BAVARESCO, Caroline<sup>4</sup>; LACERDA, Viviane Vasconcelos<sup>4</sup>; TAVARES, Amauri Telles<sup>4</sup>**

<sup>1</sup>Graduandos do curso de Zootecnia/UFPeI – Bolsista CNPq. Email: [jerusa-mg@hotmail.com](mailto:jerusa-mg@hotmail.com);

<sup>2</sup>CZ/UFPeI. Projeto CNPq/ 305832/2009-3, Bolsista de Produtividade. Email: [dionello@ufpel.edu.br](mailto:dionello@ufpel.edu.br);

<sup>3</sup>Mestranda do Programa de Pós Graduação em Zootecnia/UFPeI. Email: [quelpillon@hotmail.com](mailto:quelpillon@hotmail.com);

<sup>4</sup>Graduandos do curso de Zootecnia/UFPeI. Email: [carolinebavaresco@hotmail.com](mailto:carolinebavaresco@hotmail.com) / [vivianelacerda88@hotmail.com](mailto:vivianelacerda88@hotmail.com) / [amaurittavares@bol.com.br](mailto:amaurittavares@bol.com.br)

### 1 INTRODUÇÃO

A metodologia frequentista hoje encontra contraposição em métodos Bayesianos, os quais fazem uso do amostrador de Gibbs, e tem se apresentado como uma opção na avaliação genética dos animais, possibilitando a obtenção de estimativas pontuais e intervalos de credibilidade para as distribuições *a posteriori* dos parâmetros, sem aproximações ou uso de pressuposições de normalidade (Falcão et al., 2004).

Na inferência Bayesiana, os parâmetros recebem atribuições de distribuições de probabilidade, fazendo-se que não haja distinções entre quantidades observáveis e parâmetros de um modelo estatístico, sendo que todos passam a serem consideradas quantidades aleatórias (Gilks et al., 1996). Em outras palavras, a abordagem consiste na obtenção de uma distribuição de probabilidade, associada aos diferentes valores que o parâmetro de interesse possa assumir, de modo a ter credibilidade associada a cada um deles, dado o conjunto de dados observado (Shoemaker et al., 1998).

A utilização de informação *a priori* em inferência Bayesiana requer a especificação das distribuições dos diferentes parâmetros do modelo. Estas distribuições refletem o conhecimento que se tem sobre os parâmetros desconhecidos antes de avaliar os dados (Box & Tiao, 1973). Conhecendo-se os parâmetros ocorre uma modificação por meio da função de verossimilhança ou distribuição amostral, que pode ser vista como a representação do que os dados têm a contar a respeito dos parâmetros. Combinando estas duas fontes de informação, *a priori* e verossimilhança, pelo teorema de Bayes, obtém-se a distribuição *a posteriori* conjunta de todos os parâmetros, simultaneamente.

Como a distribuição *a posteriori* conjunta, em geral, não pode ser obtida em uma forma exata devido às integrações envolvidas, a inferência é baseada em amostras obtidas pelas distribuições condicionais completas *a posteriori*, usando processos de simulação mediante iterações que utilizam os métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), como o algoritmo amostrador de Gibbs (Casella & George, 1993). As distribuições condicionais completas correspondem à distribuição de um parâmetro específico, sendo os outros valores dos parâmetros no modelo considerados conhecidos ou fixados, e serão necessárias para cada parâmetro a ser estimado (Van Tassel & Van Vleck, 1996).

Assim, o objetivo do presente trabalho foi comparar as metodologias REML e Bayesiana na análise de dados de pesos corporais de codornas de corte.

## 2 METODOLOGIA (MATERIAL E MÉTODOS)

Foram avaliados os dados de sete pesos corporais de 4617 codornas de corte, sob seleção pelo peso aos 21 dias, em nove gerações sucessivas. As aves foram todas pesadas individualmente, semanalmente, do nascimento até 42 dias e mantidas com controle de *pedigree*. Para comparar os resultados obtidos pela análise Bayesiana, foram realizadas, no mesmo conjunto de dados, análises unicaracterísticas por meio de modelo animal, que incluiu os efeitos fixos (geração e sexo) e o efeito aleatório genético direto. Os componentes de covariância e os parâmetros genéticos foram estimados pelo programa Wombat, desenvolvido por Meyer (2006).

No enfoque Bayesiano, as estimativas dos componentes de variâncias genéticas e residuais foram obtidas, assumindo-se distribuição normal dos dados, com o uso do MTGSAM - Multiple trait gibbs sampler for animal models (Van Tassel & Van Vleck, 1995), sendo que na implementação da amostragem de Gibbs foram utilizadas 50.000 iterações, em razão do conhecimento *a priori* das estimativas, obtidas pela metodologia REML, com descarte inicial de 20.000 iterações para o período de aquecimento da cadeia de Gibbs e intervalo de retirada de 100 iterações, gerando um total de 300 amostras dos componentes de variância.

## 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas obtidas para a comparação entre a metodologia frequentista e a Bayesiana, respectivamente estimadas pelo REML e através do amostrador de Gibbs, apresentaram-se similares (Tab. 1) com pequenas diferenças favoráveis a metodologia Bayesiana, como os valores obtidos aos 21 e 42 dias de idade, onde ocorreram diferenças, respectivamente, de 6,06% (PC21) e 10,53% (PC42) em relação às estimativas uni característica, para as herdabilidades.

Tabela 1. Variâncias genéticas e residuais, com as respectivas herdabilidades, obtidas pelas metodologias REML e Bayesiana, para pesos corporais em codornas de corte

	REML			Bayesiana		
	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$h^2d$	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$h^2d$
PC1	0,55	0,57	0,49	0,55	0,56	0,49
PC7	14,89	29,67	0,33	14,32	28,08	0,34
PC14	56,17	132,47	0,30	56,76	126,91	0,31
PC21	123,99	247,42	0,33	127,68	234,37	0,35
PC28	220,81	359,47	0,38	225,86	342,84	0,40
PC35	362,49	419,11	0,46	371,54	391,30	0,49
PC42	425,12	707,06	0,38	457,10	640,82	0,42

$\sigma_a^2$  = variância genética aditiva direta;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $h^2d$  = herdabilidade direta

Pode ser observado na Tab. 2 que as estimativas de média e mediana para os componentes de variância das características produtivas apresentaram-se semelhantes, sendo que, para os valores de herdabilidades, as medidas de

tendência central tiveram valores idênticos, na maioria das estimativas. As variâncias das amostras para as herdabilidades diretas (Tab. 2) foram baixas para todas as características em estudo. Estes resultados demonstram que o número de amostras utilizadas foi bem dimensionado, pois quanto maior o número de amostras obtidas, menor é a variância entre elas, considerando-se o período de descarte das amostras iniciais e eliminando-se a possibilidade de apresentar amostras correlacionadas.

A distribuição *a posteriori* demonstra como o parâmetro está distribuído após os dados terem sido observados. Além disso, pode-se resumir a informação contida *a posteriori* por meio de alguns valores numéricos, como média, mediana e intervalo de credibilidade (ou intervalo de confiança Bayesiano). O intervalo de credibilidade é o intervalo em que a densidade para qualquer ponto pertencente é maior do que para qualquer ponto não pertencente ao intervalo (Box & Tiao, 1973). Quanto menor for o tamanho do intervalo mais concentrada é a distribuição do parâmetro, ou seja, o tamanho do intervalo vai informar a dispersão do parâmetro, sendo que outra possibilidade de intervalo é selecionar um subconjunto de valores para o parâmetro com maiores probabilidades *a posteriori* (regiões de alta densidade).

Tabela 2. Estatísticas descritivas dos componentes de variância e de herdabilidades para pesos corporais de 1 a 42 dias, obtidos por análise Bayesiana

		Média	Mediana	$\sigma^2k$	DP	Mínimo	Máximo	IC
PC1	$\sigma^2a$	0,59	0,59	0,001	0,03	0,51	0,69	
	$\sigma^2e$	0,60	0,60	0,000	0,02	0,54	0,66	
	$h^2d$	0,49	0,49	0,000	0,02	0,44	0,55	0,45-0,53
PC7	$\sigma^2a$	14,40	14,30	1,764	1,33	11,24	19,38	
	$\sigma^2e$	28,02	28,10	0,865	0,93	25,49	30,54	
	$h^2d$	0,34	0,34	0,001	0,03	0,28	0,42	0,28-0,40
PC14	$\sigma^2a$	56,72	55,46	45,53	6,74	40,43	76,88	
	$\sigma^2e$	127,05	127,01	23,88	4,89	115,12	142,58	
	$h^2d$	0,31	0,31	0,001	0,03	0,23	0,40	0,25-0,37
PC21	$\sigma^2a$	127,43	128,18	199,67	14,13	95,25	167,69	
	$\sigma^2e$	234,72	234,76	106,87	10,34	209,20	268,77	
	$h^2d$	0,35	0,35	0,001	0,03	0,27	0,44	0,29-0,41
PC28	$\sigma^2a$	225,33	223,79	535,43	23,14	164,15	287,87	
	$\sigma^2e$	342,22	341,77	225,23	15,01	296,21	389,35	
	$h^2d$	0,40	0,40	0,001	0,03	0,30	0,49	0,34-0,46
PC35	$\sigma^2a$	371,07	370,71	1389	37,27	286,44	469,08	
	$\sigma^2e$	391,44	391,80	422,13	20,55	335,36	453,54	
	$h^2d$	0,49	0,49	0,001	0,04	0,39	0,58	0,41-0,57
PC42	$\sigma^2a$	459,02	454,30	330,8	57,51	286,07	668,51	
	$\sigma^2e$	639,54	639,01	1292	35,94	513,67	750,17	
	$h^2d$	0,42	0,42	0,002	0,04	0,28	0,57	0,34-0,50

$\sigma^2a$ : variância genética aditiva direta;  $\sigma^2e$ : variância residual;  $h^2d$ : herdabilidade direta;  $\sigma^2k$ : variância das amostras; DP: desvio padrão; IC: intervalo de confiança de 95%

#### 4 CONCLUSÃO

A presença de variabilidade genética indica que as características podem ser utilizadas como critério de seleção, sendo que os resultados encontrados sugerem

que a inferência Bayesiana é apropriada na obtenção de estimativas em pesos corporais de codornas de corte.

## 5 REFERÊNCIAS

- BOX, G.E.P.; TIAO, G.C. **Bayesian inference in statistical analysis**. Reading: Addison-Wesley Publishing Co. 1973. 588p.
- CASELA, G.; GEORGE, E.I. Explaining the Gibbs sampler. **The American Statistician**, v.46, n.3, p.167-174, 1993.
- GILKS, W.R.; RICHARDSON, S.; SPIEGELHALTER, D.J. **Markov chain Monte Carlo in practice**. London: Chapman and Hall, 486p. 1996.
- FALCÃO, A.J.S.; MARTINS, E.N.; COSTA, C.N. et. al. Aplicação de métodos REML e Bayesiano via amostrador de Gibbs na estimação de componentes de variância para produção de leite no estado do Paraná. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004. P.1-4.
- Van TASSEL, 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 of Animal Science**, v.74, p. 2586-2597, 1996.
- SHOEMACKER, J.S.; PAINTER, I.; WEIR, B.S. A Bayesian characterization of Hardy-Weinberg disequilibrium. **Genetics**, v.149, p. 2079-2088, 1998.