

ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA, EM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO, UTILIZANDO-SE MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA RESTRITA E INFERÊNCIA BAYESIANA

Carlos Antonio Lopes de *Oliveira*¹, Elias Nunes *Martins*²,
Alfredo Ribeiro de *Freitas*³, Maurício Mello de *Alencar*³

¹Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul
Aquidauana - MS.

E-mail: calolive@hotmail.com

²Universidade Estadual de Maringá - Maringá - PR. E-mail: enmartins@uem.br

³EMBRAPA-CPPSE, São Carlos - SP.

INTRODUÇÃO

Diversos métodos para estimação dos componentes de variância têm sido proposto, os métodos apresentam, por vezes, limitações de implementação computacional, dificuldade na determinação e testes dos modelos estatísticos apropriados. No entanto, o procedimento de estimação de componentes de (co)variância apresenta-se como fase essencial no processo de avaliação genética, sendo necessário a sua implementação. O objetivo do trabalho foi estimar componentes de variância para características de crescimento em bovinos, utilizando máxima verossimilhança restrita e inferência bayesiana.

MATERIAL E MÉTODOS

Estimou-se os componentes de (co)variância para as características pesos aos 365 dias (P365) e peso aos 550 dias (P550), utilizando-se um conjunto de dados contendo informações dos animais formadores da raça Canchim, cedido pela EMBRAPA-CPPSE (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste), São Carlos - SP.

Foram realizadas análises unicaráter e bicaráter, para estimação dos componentes de (co)variância, onde considerou-se como efeitos fixos grupo genético, sexo, ano de nascimento, estação de nascimento e idade da mãe ao parto como covariável com efeito quadrático.

Para estimação dos componentes de (co)variância, utilizaram-se os programas computacionais MTDFREML - Multiple Trait Restricted Maximum Likelihood, desenvolvido por BOLDMAN et al. (1993), e MTGSAM - Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models, desenvolvido por Van TASSEL e Van VLECK (1995).

Para as análises realizadas, utilizando-se o programa MTDFREML, o critério de convergência utilizado foi a variância da função $-2\log L$ obtida pelo método simplex, ao nível de 10^{-12} . Para o programa MTGSAM, foram definidas cadeias de Gibbs de 220.000 ciclos, sendo eliminados os 20.000 primeiros ciclos, retirando-se amostras a cada 100 ciclos, após a eliminação dos 20.000 ciclos iniciais, gerando, 2000 amostras dos componentes de

(co)variância, o que permitiu a elaboração dos gráficos das distribuições dos componentes em cada análise.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O programa MTDFREML forneceu estimativas semelhantes às estimativas das médias posteriores fornecidas pelo MTGSAM, para os componentes de variância e herdabilidade, nos modelos uni e bicaráter (Tab. 1 e 2). As estimativas do MTDFREML para os modelos uni e bicaráter estão situadas nos intervalos de maior frequência da distribuição dos componentes de variância e da herdabilidade, fornecidas pelo MTGSAM. Tomando-se as distribuições das médias posteriores no modelo unicaráter para as duas características, verificou-se que para variância genética aditiva e variância residual, a característica peso aos 550 dias apresentou distribuição mais dispersa.

O acréscimo de informações nos modelos bicaráter devido à inclusão de informações de animais que apresentavam observações em apenas uma característica, gerou nas duas características, aumento da variância residual e decréscimo da herdabilidade, tendo em vista que os valores de variância genética aditiva diminuíram em relação aos valores obtidos com modelos unicaráter. (Tab. 1 e 2).

Tabela 1. Estimativas de componentes de variância e herdabilidade dos modelos unicaráter para P365 e P550, utilizando MTDFREML e MTGSAM.

Estimativas	Peso aos 365 dias		Peso aos 550 dias	
	MTDFREML	MTGSAM	MTDFREML	MTGSAM
Variância genética aditiva	452,15	461,33	509,83	586,43
Variância residual	692,44	688,52	1006,88	969,19
Variância fenotípica	1144,58	1149,86	1516,71	1555,63
Herdabilidade	0,40	0,40	0,34	0,38

Tabela 2. Estimativas dos componentes de variância e herdabilidade do modelo bicaráter , para peso aos 365 (P365) e 550 (P550) dias utilizando MTDFREML e MTGSAM

Estimativas	MTDFREML		MTGSAM	
	P365	P550	P365	P550
Variância genética aditiva	429,93	495,88	439,72	511,20
Variância residual	705,66	1047,31	701,25	1040,29
Variância fenotípica	1135,58	1543,20	1140,97	1551,50
Herdabilidade	0,38	0,32	0,38	0,33

As correlações genéticas entre P365 e P550 estimadas, utilizando os programas MTDFREML e MTGSAM, foram iguais com valor de 0,92. Tais resultados indicam estreito relacionamento entre as características, o que permite obter respostas à seleção em uma característica quando se realiza seleção na outra.

CONCLUSÕES

Os métodos forneceram estimativas semelhantes dos componentes de variância, ambos os métodos estimaram valores semelhantes aos encontrados na literatura.

O método que utiliza inferência bayesiana (MTGSAM), além das estimativas pontuais, fornece as distribuições posteriores dos componentes de (co)variância, o que permite conclusões a respeito dos parâmetros com base nessas distribuições.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BOLDMAN, K. G., KRIESE, L. A., Van VLECK, L. D. et al. *A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances* (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture/Agricultural Research Service, 1993. 120p.
- 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.