

INFERÊNCIA BAYESIANA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE SUÍNOS

Jaime Araújo Cobuci^{1,5}, Aldrin Vieira Pires^{1,4}, André Corrêa Ribeiro da Costa²,
Ricardo Frederico Euclides^{3,4}, Paulo Sávio Lopes^{3,4},
Robledo de Almeida Torres^{3,4}

¹ Zootecnista, Estudantes de Pós-graduação, UFV, Viçosa - MG, e-mail:

ds35625@correio.cpd.ufv.br

² Zootecnista, Mestre em Zootecnia, UFV, Viçosa - MG

³ Professores do Departamento de Zootecnia - UFV, Viçosa - MG

⁴ Bolsista do CNPq

⁵ Bolsista do CAPES

Introdução

Em programas de melhoramento genético é fundamental a estimação acurada de parâmetros genéticos. Em consequência das diferenças genéticas da população, de ambiente, do tipo de análise e do método de estimação de componentes de (co)variância, entre outros, estas estimativas podem variar consideravelmente. O aperfeiçoamento de métodos de estimação de componentes de (co)variância tem sido constante entre os pesquisadores e, assim, novos métodos têm surgido. Recentemente, métodos bayesianos vêm sendo usados como alternativa para a avaliação do mérito genético em populações animais. Os métodos de Monte Carlo, baseados em cadeias de Markov (Markov Chain Monte Carlo - MCMC), dentre os quais se destaca o Amostrador de Gibbs (*Gibbs Sampler*), pode ser utilizado de forma a proporcionar uma inferência bayesiana. Objetivou-se com este trabalho estimação de parâmetros genéticos de suínos, utilizando a metodologia bayesiana.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de animais da raça Landrace, de uma granja de suínos localizada no município de Chapecó, Estado de Santa Catarina. Foram analisados 3.143 registros referentes às características espessura de toucinho (ETO) e ganho de peso diário (GPD), compreendendo o período de 1995 a 1998. Na estimação dos componentes de (co)variância, necessários para a estimação dos parâmetros genéticos das características, foram utilizados métodos bayesianos, pela aplicação do programa MTGSAM (VAN TASSEL e VAN VLECK, 1995). Em análises com característica única, o modelo linear misto utilizado em sua forma matricial foi: $y = Xb + Zg + Wp + e$; Em que, y representa o vetor de observações (ETO e GPD); X a matriz de incidência de efeitos fixos; β o vetor de efeitos fixos (grupo contemporâneo e a covariável, com termo linear); Z a matriz de incidência dos efeitos genéticos diretos; g o vetor dos efeitos aleatórios dos valores genéticos diretos; W a matriz de incidência dos efeitos comuns de leitegada; p o vetor dos efeitos comuns de leitegada; e e o vetor dos erros aleatórios associados a cada observação. O grupo contemporâneo foi definido pelas classes de rebanho-ano-estação de nascimento-sexo do animal. O peso ao abate e a idade de desmama na creche, foram usados como covariáveis nas análises das características ETO e GPD, respectivamente. O conhecimento das distribuições *a priori* para os efeitos aleatórios considerados no modelo

foram assumidos como informativos. Foram definidas cadeias de 220.000 ciclos, sendo descartados os 20.000 primeiros ciclos (*burn-in*). Em seguida, foram retiradas amostras a cada 100 ciclos (*thinning interval*) gerando, no total, 2.000 amostras.

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 são apresentadas as médias, modas e medianas das distribuições posteriores da herdabilidade (h^2), do efeito comum de leitegada (c^2), e dos componentes de variância genético aditivo, comum de leitegada, residual e fenotípico para as características avaliadas. As estimativas de h^2 foram de 0,38 e 0,33, respectivamente, para as características ETO e GPD. A estimativa de h^2 para GPD foi similar às obtidas, na raça Landrace, por CORRÊA DA COSTA (2001), PITA e ALBURQUERQUE (2001), utilizando o método da Máxima Verossimilhança Restrita e, na raça Large White, por COBUCI et al. (2001), utilizando a metodologia bayesiana. Para ETO, a estimativa de h^2 encontrada, foi inferior às obtidas por TORRES JÚNIOR et al. (1998) e CORRÊA DA COSTA (2001), na raça Landrace, por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita, e similar à encontrada por COBUCI et al. (2001), na raça Large White, utilizando a metodologia bayesiana. As estimativas obtidas para c^2 , para GPD e ETO, foram superiores às observadas, na raça Landrace, por TORRES JÚNIOR et al. (1998), CORRÊA DA COSTA (2001), e PITA e ALBURQUERQUE (2001) que obtiveram, respectivamente, os valores de 0,06, 0,05, e 0,09, utilizando o método da Máxima Verossimilhança Restrita. A inferência bayesiana permite estabelecer regiões de maior densidade dos parâmetros. Assim, a probabilidade do valor da h^2 situar-se entre 0,29 e 0,37, para GPD, e entre 0,32 e 0,42, para ETO, foi de 75 e 78 %, respectivamente.

TABELA 1. Média, moda e mediana das distribuições posteriores dos parâmetros genéticos das características espessura de toucinho (ETO) e ganho de peso diário (GPD)

Parâmetros	s_a^2	s_c^2	s_e^2	s_p^2	h^2	c^2
ETO						
Média	0,0360	0,0119	0,0452	0,0932	0,3855	0,1266
Moda	0,0373	0,0115	0,0452	0,0938	0,3822	0,1272
Mediana	0,0361	0,0119	0,0452	0,0932	0,3856	0,1266
GPD						
Média	3267,0034	1249,5856	5192,2134	9687,0742	0,3359	0,1289
Moda	3129,8906	1263,2626	5121,9234	9560,3555	0,3393	0,1277
Mediana	3253,8079	1245,3273	5180,7993	9673,1064	0,3356	0,1281

Conclusões

As estimativas de herdabilidade, utilizando a metodologia bayesiana, foram consistentes e mostraram existência de variabilidade genética nas características GPD e ETO, o que indica a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos por meio da seleção.

Referências Bibliográficas

COBUCI, J.A. VIEIRA, C.A., PIRES, A.V. et al. Comparação de métodos de estimação de componentes de (co)variância utilizando dados de suínos da raça Large White. In:

Anais do IV Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 2002

- Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria, 46, Piracicaba, São Paulo, 2001, *Anais...* Piracicaba, RBRAS, 2001, p.262-265.
- CORRÊA DA COSTA, A.R., LOPES, P.S., TORRES, R.A. et al. Estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho em suínos das raças Large White, Landrace e Duroc. *R. Bras. Zootec.*, v.30, n.01, p.49-55, 2001.
- PITA, F.V.C, ALBUQUERQUE, L.G. Comparação de diferentes modelos para avaliação genética de características de desempenho pós-desmama. *Rev. Bras. Zootec.*, v.30, n.06, p.1720-1727, 2001.
- TORRES JÚNIOR, R.A A., SILVA, M. A, LOPES, P.S. et al. Estimativas de componentes de (co)variância para características produtivas e reprodutivas de suínos Landrace e Large White pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita. *Rev. Bras. Zootec.*, v.27, n.02, p.283-291, 1998.
- VAN TASSELL, C. P., L. D. VAN VLECK. *A manual for use of MTGSAM. A set of Fortran programs to apply Gibbs Sampling to Animal Models for variance component estimation [DRAFT]*. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service. 1995. 87p.