

IMPLEMENTAÇÃO DA AMOSTRAGEM DE GIBBS NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO AO DESMAME NA RAÇA NELORE UTILIZANDO DIFERENTES ESQUEMAS DE CADEIA AMOSTRAL

Cláudio de U. Magnabosco¹, Carina U. de Faria¹, Arcádio de los Reyes², Raysildo B. Lôbo³, Vanessa Barbosa¹, Roberto Sainz⁴

¹Embrapa Cerrados Caixa Postal 08223, Planaltina, Brasília, DF;

²Departamento de Produção Animal da EV/UFG, Goiânia, GO;

³FMRP-USP, Ribeirão Preto, SP, ⁴University of Califórnia, Davis/EUA

Introdução

Recentemente vêm sendo utilizados métodos bayesianos como uma opção para solução de problemas relacionados à avaliação genética em populações animais. A Amostragem de Gibbs (GS) é uma metodologia que consiste em estimar a densidade marginal posterior do parâmetro de interesse e determinar a confiabilidade deste parâmetro, até então desconhecido, gerando amostras aleatórias das estimativas dos componentes de (co) variância (VAN TASSEL e VAN VLECK, 1996; MAGNABOSCO et al., 2000). No entanto, a estimação dos parâmetros genéticos, pelo método GS, requer cuidados especiais na sua implementação em dados de campo. Nesse trabalho, o objetivo foi estudar diferentes esquemas de cadeia amostral para a obtenção de distribuições marginais posteriores dos parâmetros genéticos para peso aos 205 dias de idade (P205) na raça Nelore.

Material e Métodos

Para as análises, foram utilizados 29.245 registros de animais da raça Nelore criados a pasto, nascidos entre 1980 e 1993, oriundos de rebanhos localizados nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Foi usado o seguinte modelo linear misto: $\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + \mathbf{Z}_3\mathbf{p} + \mathbf{e}$, onde \mathbf{y} é o vetor da variável dependente (P205), \mathbf{b} o vetor dos efeitos fixos, \mathbf{X} a matriz de incidência que associa \mathbf{b} com \mathbf{y} , \mathbf{a} representa o vetor dos efeitos genéticos aditivos diretos, \mathbf{Z}_1 a matriz de incidência que associa \mathbf{a} com \mathbf{y} , \mathbf{m} o vetor dos efeitos genéticos aditivos maternos, \mathbf{Z}_2 a matriz de incidência que associa \mathbf{m} com \mathbf{y} , \mathbf{p} o vetor das contribuições de ambiente permanente, \mathbf{Z}_3 a matriz de incidência que associa \mathbf{p} com \mathbf{y} e \mathbf{e} o vetor dos efeitos residuais aleatórios. Na implementação do algoritmo de Gibbs foram considerados dois esquemas de cadeia amostral: cadeia curta e cadeia longa. As análises em esquema de cadeia curta utilizaram diferentes valores iniciais a cada cadeia amostral, obtidos das estimativas de médias posteriores da cadeia amostral anterior. Na análise utilizando o esquema de cadeia longa, o processo de reamostragem foi contínuo para os números de ciclos determinados.

Resultados e Discussão

Para as análises, utilizando o esquema de cadeia curta, a Amostragem de Gibbs foi efetuada utilizando quatro reiniciações, sendo cada uma com $TC_{1,2,3,4} = 50.000$ ciclos. Foram considerados um período de descarte amostral $k = 5.000$ ciclos, e um intervalo de utilização amostral $d = 100$ ciclos, gerando um total de $m = 450$ amostras das estimativas dos parâmetros para cada reiniciação da cadeia amostral. Na análise onde o algoritmo de Gibbs foi aplicado em esquema de cadeia longa (JENSEN et al., 1994), após período de descarte

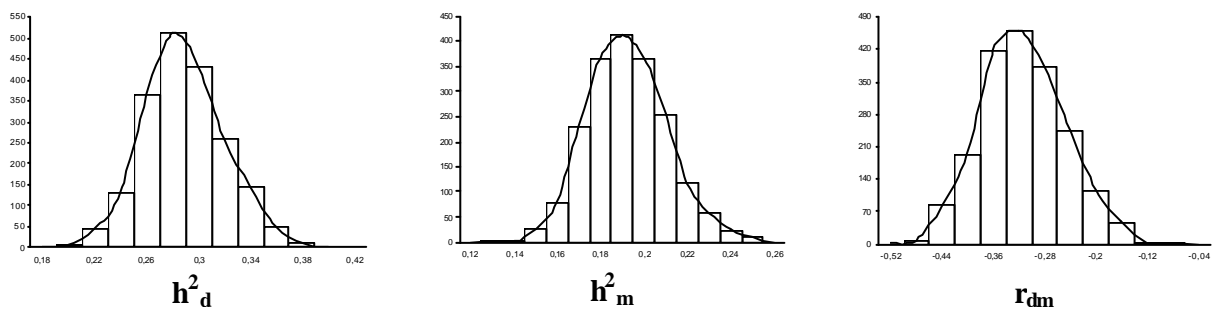
amostral de $k = 5.000$ ciclos, foram geradas $m = 1.950$ amostras segundo o modelo unicarater definido nesse estudo. O intervalo de utilização amostral foi de 100, e o tamanho da cadeia amostral de 200.000 ciclos. Os histogramas das estimativas dos parâmetros genéticos obtidos da última análise do esquema de cadeia curta e o esquema de cadeia longa são apresentados na Figura 1. Pode ser observado que as densidades marginais posteriores obtidas nos dois esquemas de cadeia amostral foram distintas, sendo que no esquema de cadeia longa as distribuições posteriores apresentaram-se mais simétricas e foram classificadas como normais (Figura 1). Os resultados apresentados sugerem que o esquema de cadeia curta utilizando o processo de reamostragem, não é o mais adequado para dados com a estrutura apresentada nesse trabalho. De acordo com SORENSEN (1996), uma das maiores dificuldades técnicas na implementação de métodos bayesianos tem sido a “marginalização” das distribuições posteriores, que nada mais é que uma média ponderada das distribuições condicionais. Como o método GS cria vetores aleatórios pela amostragem das distribuições condicionais posteriores conjuntas, o vetor de observações que é obtido a cada iteração, depois de atingida a convergência, constitui uma amostra aleatória da distribuição de interesse. Neste estudo, a utilização do esquema de cadeia longa, com 200.000 ciclos, produziu densidades posteriores dos parâmetros genéticos mais adequadas.

Conclusões

Neste estudo, a utilização do esquema de cadeia longa, com 200.000 ciclos, produziu densidades posteriores dos parâmetros genéticos mais adequadas.

Referências Bibliográficas

- JENSEN, J.; WANG, C.S.; SORENSEN, D.A. et al. Bayesian inference on variance and covariance components for traits influenced by maternal and direct genetic effects, using the Gibbs sampler. *Acta Agric. Scand.*, v. 44, p.193, 1994.
- MAGNABOSCO, C. de U.; LÔBO, R. B.; FAMULA, T. R. Bayesian influence for genetic parameter estimation on growth traits for Nellore cattle in Brazil, using the Gibbs sampler. *J. Anim. Breed. Genet.*, v.117, p.169-188, 2000.
- SORENSEN, D.A.; WANG, C.S.; JENSEN, J. et al. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.*, v. 26, p.333-60, 1994.
- 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. *J. Anim. Sci.*, v. 74, p. 586-2597, 1996.



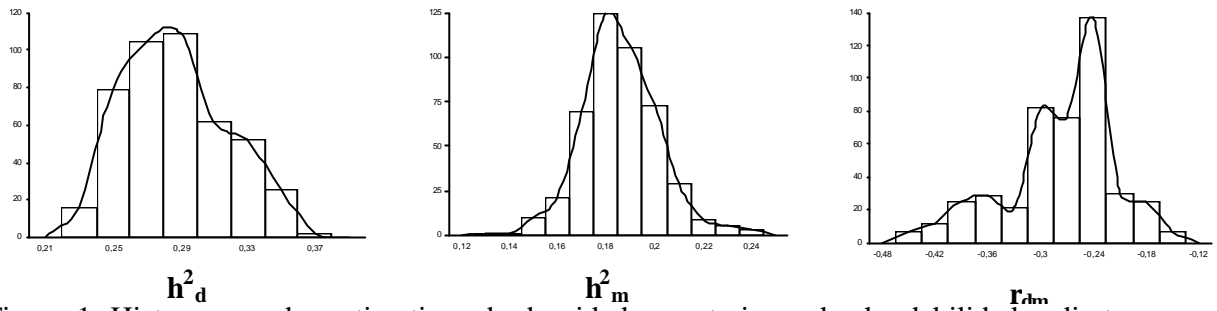


Figura 1. Histogramas das estimativas de densidades posteriores das herdabilidades direta (h^2_d), maternal (h^2_m) e correlação genética entre efeitos direto e maternal (r_{dm}) para peso aos 205 dias de idade, considerando esquema de cadeia longa (superior) e a última análise do esquema de cadeia curta (inferior).