



VII Simposio Brasileiro de Melhoramento Animal
São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008

Estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos da característica peso à desmama em bovinos Nelore utilizando-se os métodos REML e Bayesiano

Sandra Ribeiro¹, Victor Breno Pedrosa², Joanir Pereira Eler³, José Bento Sterman Ferraz³,
 Júlio César de Carvalho Balieiro⁴, Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira⁵

¹Doutoranda em Qualidade e Produtividade Animal - FZEA/USP. Bolsista CAPES. sandraribeiro@usp.br

²Doutorando em Qualidade e Produtividade Animal - FZEA/USP. Bolsista FAPESP

³Professor Titular - Departamento de Ciências Básicas – FZEA/USP.

⁴Professor Doutor- Departamento de Ciências Básicas – FZEA/USP.

⁵MSc, Analista de Sistemas – FZEA/USP.

Resumo – Foram estimados componentes de (co)variância e parâmetros genéticos da característica peso à desmama utilizando-se os métodos da Máxima Verossimilhança Restrita e Inferência Bayesiana. Utilizou-se 38.719 registros de pesos ajustados aos 205 dias oriundos de dois rebanhos Nelore. Primeiramente, os componentes de (co)variância foram estimados em análises de característica única pelo programa MTDFREML. Em seguida, os mesmos registros foram analisados no programa THRGIBBS2F90, também sob modelo unicarácter. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade foram de 0,26 para ambos os métodos aplicados. As estimativas das variâncias genética aditiva, materna e residual foram, respectivamente, de 97,83, 25,22 e 216,46 nas análises em MTDFREML. Na abordagem Bayesiana, tais estimativas foram de 98,71, 28,14 e 216,07, respectivamente. A análise dos resultados permite inferir que não houve diferença significativa entre os métodos utilizados neste estudo.

Palavras-chave: bovinos de corte, inferência bayesiana, máxima verossimilhança restrita, parâmetros genéticos, peso à desmama

Estimation of (co)variance components and genetic parameters for weaning weight in Nelore cattle by REML and Bayesian methods

Abstract – It was estimated the (co)variance components and genetic parameters of weaning weight trait using Restricted Maximum Likelihood and Bayesian Inference methods. The study made use of 38,719 records of weaning weight adjusted for 205 days, originary from two Nelore herds. First, the (co)variance components were estimated by one-trait analysis using MTDFREML software. After, the same records were analyzed employing THRGIBBS2F90 software, either by one-trait model. The estimates of heritability coefficients were 0.26 for both applied methods. The estimates of additive genetic, maternal and residual variances were, respectively, 97.83, 25.22 and 216.46 in MTDFREML analysis. In Bayesian approach, those estimates were 98.71, 28.14 and

216.07, respectively. The analysis of results allows to deduce that it wasn't significant difference among the methods utilized in this study.

Keywords: bayesian inference, beef cattle, genetic parameters, restricted maximum likelihood, weaning weight

Introdução

No âmbito do melhoramento animal, os métodos utilizados na estimação de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos assumem papel fundamental nas avaliações genéticas. Neste contexto, tornou-se cada vez mais freqüente a discussão sobre vantagens e desvantagens apresentadas pelas escolas freqüentista e bayesiana na estimação de parâmetros genéticos.

Uma das principais diferenças observadas entre estas duas escolas se refere à expressão da incerteza sobre o parâmetro desconhecido. O método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) maximiza a probabilidade de que a amostra obtida tenha sua origem na população com o parâmetro estimado, ou seja, o valor do parâmetro verdadeiro é fixo e a amostra é aleatória. Neste caso, por meio da repetição do experimento, o estimador será distribuído próximo do valor verdadeiro. Por outro lado, a Inferência Bayesiana examina a probabilidade de distribuição do parâmetro verdadeiro, dadas as amostras. Neste caso, a amostra é fixa e o parâmetro é aleatório (Blasco, 2001).

Para Van Tassell e Van Vleck (1996), o uso de análises Bayesianas cumpre o papel de expandir os métodos disponíveis para análises de dados zootécnicos. Segundo estes mesmos autores, esta metodologia vem sendo utilizada em várias aplicações no melhoramento animal, possibilitando a estimação de parâmetros que não seriam estimáveis com a utilização de metodologias baseadas em análises de verossimilhança como, por exemplo, grandes conjuntos de dados ou modelos mais complexos.

Por outro lado, Blasco (2001) afirma que ambas as metodologias são bem estabelecidas, não havendo necessidade de justificar o porquê de uma ou outra ser preferível. A escolha estaria baseada em soluções que uma metodologia ofereceria e a outra não, em quão facilmente os problemas seriam resolvidos e a maneira como são expressos os resultados de cada uma delas.

No intuito de observar se existem diferenças nas inferências obtidas por esses dois procedimentos, o objetivo deste trabalho foi comparar os componentes de (co)variância para a característica peso à desmama obtidos por Máxima Verossimilhança Restrita e por Inferência Bayesiana.

Material e Métodos

Os 38.719 registros de peso à desmama são provenientes do controle de desempenho de animais da raça Nelore pertencentes à Agro-Pecuária CFM Ltda. Os dados foram previamente ajustados para 205 dias usando-se a técnica de polinômios segmentados. Os grupos contemporâneos foram caracterizados por animais nascidos no mesmo rebanho, ano e estação, de mesmo sexo e mesmo grupo de manejo.

As avaliações foram feitas sob modelo animal em análises de característica única. O modelo utilizado nas análises considerou o grupo contemporâneo e a classe de idade da mãe ao parto como efeitos fixos, além dos efeitos genético aditivo direto, materno, residual e de ambiente permanente da vaca como efeitos aleatórios.

Inicialmente, os componentes de (co)variância da característica peso à desmama foram estimados por máxima verossimilhança restrita pelo programa MTDFREML –

Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood - (Boldman et al., 1993). O critério de convergência adotado foi aquele em que a variância do simplex atingiu 10^{-9} , por pelo menos dois “recomeços”, com os parâmetros estimados em rodada anterior, sem variação do -2Λ na sexta casa decimal.

Nas avaliações que envolveram métodos Bayesianos, as estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos foram obtidas a partir de análises utilizando o software THRGIBBS2F90 - *Gibbs Sampler for Threshold-Linear Mixed Models* - (Misztal et al., 2002). Os valores iniciais (*priors*) utilizados para os componentes foram originados a partir de análises que utilizaram o modelo linear implementado por máxima verossimilhança restrita.

Foram definidas cadeias de 300.000 ciclos, com descarte inicial de 30.000 ciclos. O intervalo de amostragem foi de 30 iterações, totalizando 9.000 amostras. Para as análises “pós Gibbs” utilizou-se o programa POSTGIBBS2F90, uma adaptação feita por S. Tsuruta (Misztal et al., 2002). Os componentes de (co)variância foram calculados como sendo as médias de seus respectivos valores nas 9.000 amostras.

Resultados e Discussão

As estimativas obtidas nas análises por Máxima Verossimilhança Restrita, bem como aquelas obtidas por Inferência Bayesiana estão expressas na Tabela 1.

Tabela 1 Estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta ($\hat{\sigma}_a^2$), materna ($\hat{\sigma}_m^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$), ambiente permanente da vaca ($\hat{\sigma}_{pe}^2$), fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$), covariância entre os efeitos genético aditivo direto e materno ($\hat{\sigma}_{a,m}$), coeficientes de herdabilidade direta (\hat{h}_a^2) e materna (\hat{h}_m^2) e correlação entre efeitos genético aditivo direto e materno ($\hat{r}_{a,m}$) para a característica peso à desmama, obtidas pelas metodologias MTDFREML e THRGIBBS2F90

Metodologias	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_{pe}^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_{a,m}$	\hat{h}_a^2	\hat{h}_m^2	$\hat{r}_{a,m}$
MTDFREML	97,83	25,22	216,46	48,66	376,96	-11,23	0,26	0,07	-0,23
THRGIBBS2F90	98,71	28,14	216,07	46,96	377,22	-12,66	0,26	0,07	-0,23

Os parâmetros estimados pelos procedimentos REML e Bayesiano foram semelhantes entre si, não denotando diferença significativa entre a adoção de um ou outro método. Oliveira et al. (2000) também não verificaram diferenças em análises para peso aos 365 e 550 dias utilizando estas mesmas metodologias.

Dentre os parâmetros estudados, a maior disparidade entre os dois métodos foi observada nas estimativas dos componentes de variância materna, em que pela metodologia REML obteve-se estimativa 10,4% menor que aquela obtida pelo método Bayesiano. Este resultado se refletiu na estimativa do componente de covariância entre os efeitos genético direto e materno, o qual se apresentou com maior magnitude quando obtido por Inferência Bayesiana. Pelo exposto, pode-se inferir que a metodologia bayesiana filtrou maiores proporções do componente materno, as quais, no caso do primeiro método, foram adicionadas a outros componentes.

Os valores das estimativas dos coeficientes de herdabilidade direta, herdabilidade materna e correlação entre efeitos direto e materno não sofreram nenhuma alteração nas diferentes análises, estando próximos daqueles encontrados na literatura. Contrariamente, Toral et al. (2007) observaram alterações que se refletiram na classificação de touros para o peso à desmama ao comparar os métodos REML e Bayesiano.

Conclusões

As estimativas de parâmetros genéticos para peso à desmama não apresentaram diferenças quando estimadas por Máxima Verossimilhança Restrita e por Inferência Bayesiana.

Sugere-se a comparação entre os dois métodos utilizando características categóricas, uma vez que o programa THRGIBBS2F90 utiliza modelo de limiar como meio de análise, enquanto o MTDFREML considera a distribuição da característica como sendo linear. Teoricamente, esta diferença se mostraria mais pronunciada em variáveis discretas em relação àquelas de caráter contínuo.

Literatura Citada

- BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2023-2046, 2001.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.; VAN VLECK, D.L. et al. **A manual for use of MTDFREML: a set of program to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 120p.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T. et al. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2002, Montpellier, França. **Proceedings...** Montpellier: WCGALP, 2002. Communication 20-07.
- OLIVEIRA, C.A.; MARTINS, E.N.; FREITAS, A.R. et al. Estimação de componentes de variância em características de crescimento utilizando-se máxima verossimilhança restrita e inferência bayesiana In: SIMPOSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte, MG. **Anais...** Belo Horizonte: FEPMVZ, 2000. p.422-424.
- TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Abordagens freqüentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.1, p.43-53, 2007.
- 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 of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.