

# INFERÊNCIA BAYESIANA NA PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS DO PESO AOS 365 DIAS DE BOVINOS DE CORTE

## BAYESIAN INFERENCE TO PREDICT GENETIC VALUES FOR 365 DAYS WEIGHT IN SIMMENTAL, NELLORE AND CANCHIM CATTLE BREEDS

Madureira, A.P.<sup>1\*</sup>, H.N. Oliveira<sup>2</sup>, G.J.M. Rosa<sup>3</sup>, L.F. Bezerra<sup>4</sup> e L.F.A. Marques<sup>5</sup>

<sup>1</sup>FIOCRUZ. Av. Augusto de Lima, 1715. Barro Preto. CEP 30190-002. Belo Horizonte-MG. Brasil. \*ana\_paulamad@hotmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal. Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia UNESP-Botucatu. Caixa Postal 560. CEP 18618-000. Botucatu-SP. Brasil. hnunes@fca.unesp.br

<sup>3</sup>Department of Dairy Science. University of Wisconsin-Madison. 460 Animal Science Building 1675 Observatory Dr. Madison. Madison. Wisconsin, WI 53706. USA. grosa@wisc.edu

<sup>4</sup>Departamento de Genética. Faculdade de Medicina. USP. Av. Bandeirantes, 3900. Monte Alegre. CEP 14049-900. Ribeirão Preto/SP. Brasil. lafbezer@genbov.fmrp.usp.br

<sup>5</sup>Departamento de Zootecnia. Centro de Ciências Agrárias. UFES. Vitória. Alto Universitário s/n. CEP 29500.000. Alegre-ES. Brasil. Ifernando@cca.ufes.br

### PALAVRAS CHAVE ADICIONAIS

Modelo animal. Parâmetros genéticos. Crescimento. Amostragem Gibbs.

### ADDITIONAL KEYWORDS

Animal model. Beef cattle. Growth traits. Genetic parameters. Gibbs sampling.

### RESUMO

Dados de animais Simental e Canchim, fornecidos por suas respectivas Associações Brasileiras de Criadores, e Nelore fornecidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores foram utilizados na estimação de componentes de variância e na predição de valores genéticos para o peso aos 365 dias de idade. Os resultados obtidos pela inferência bayesiana foram comparados com aqueles obtidos pelos métodos da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor preditor linear não-viesado (BLUP), que se referem à metodologia mais comumente utilizada para a estimação e predição em melhoramento genético, respectivamente. Os dois métodos forneceram estimativas pontuais semelhantes, mas as distribuições marginais *a posteriori* obtidas com o método Bayesiano oferecem informação mais detalhada sobre os parâmetros dos modelos.

### SUMMARY

Data from purebred Simmental, Nelore and Canchim cattle breeds obtained from the respective Brazilian Associations of Breeders were

used to estimate variance components and to predict genetic values for 365 days weight. The results obtained by Bayesian inference were compared to those from Restricted Maximum Likelihood (REML) and Best Linear Unbiased Prediction (BLUP), which are the most commonly used methods of estimation and prediction in animal breeding. The two methods presented similar point estimates but the study of the marginal posterior distributions in the Bayesian approach yields more detailed information about the parameters and other unknowns in the model.

### INTRODUÇÃO

As raças bovinas Simental, Canchim e Nelore são muito usadas na pecuária de corte brasileira. A primeira é uma raça de origem européia, selecionada na origem como uma raça de dupla aptidão e explorada no Brasil como raça de Corte. A Raça Canchim formada no Brasil a partir da década de 1940 é proveniente de cruzamentos

Recibido: 22-2-07. Aceptado: 17-9-08.

Arch. Zootec. 58 (222): 265-275. 2009.

entre animais da raça Charolêsa, um raça européia selecionada para corte, e animais de raças zebuínas, oriundas da Índia, e que já naquela época apresentava uma grande distribuição no território nacional. A terceira é uma raça zebuína, oriunda da Índia e cuja adaptação às condições predominantes no Brasil, fez dela a raça com maior expressão numérica no Brasil. Animais da raça Nelore são utilizados em sistemas de produção comercial como animais puros e em cruzamentos com outras raças. Já os animais das outras duas raças são criados em rebanhos selecionadores ou multiplicadores e utilizados como linha paterna em cruzamentos nos produtores comerciais. Criadores destas três raças vêm trabalhando na obtenção de animais que, utilizados como puros ou em cruzamentos se adaptem melhor às diversas condições ambientais do Brasil.

Neste sentido, existe a necessidade de se realizar a avaliação genética das raças, fornecendo assim aos criadores critérios que possam ser utilizados para seleção e melhoramento das mesmas, de acordo com o objetivo específico de cada uma das raças.

A metodologia dos modelos mistos (Henderson, 1984) é a mais comumente utilizada para a análise de dados em melhoramento genético animal, quer para obtenção de estimativas dos componentes de variância por máxima verossimilhança restrita (REML), quer para a predição dos valores genéticos. Este método ficou conhecido pela sigla que representa em inglês o conjunto das propriedades de seus preditores (BLUP, melhor preditor linear não viesado). A análise bayesiana aparece como uma alternativa de grande flexibilidade, tanto em relação aos modelos que podem ser utilizados nas análises (Gianola e Fernando, 1986), quanto em relação às inferências que podem ser realizadas a partir dos resultados (Blasco, 2001). Uma análise bayesiana sob o modelo linear misto envolve tratar todos os parâmetros do modelo, incluindo os componentes de (co)variância, como variáveis aleatórias, e encontrar a distribuição *a pos-*

*teriori* marginal dos mesmos (Wright *et al.*, 2000).

Vários trabalhos, como os de Lôbo *et al.* (1997) e de Oliveira *et al.* (2000), vêm sendo realizados no Brasil com o objetivo de aplicar a análise bayesiana como metodologia na estimação de componentes de (co)variância e herdabilidades, e para compará-la ao método da máxima verossimilhança restrita. Outros autores mostram como a análise bayesiana permite a utilização de distribuições robustas, para o resíduo e efeitos aleatórios, como alternativas à distribuição gaussiana, em situações com a presença de valores discrepantes nas observações (Rosa, 1999; Rosa e Padovani, 2000; Pereira, 2001).

O objetivo deste trabalho é a aplicação da análise bayesiana na estimação de componentes de variância e na predição de valores genéticos para os pesos aos 365 dias de idade nas raças Simental, Nelore e Canchim, além da comparação destes resultados com aqueles obtidos pelo método REML e metodologia dos modelos mistos comumente utilizados em melhoramento genético animal. Os dados da raça Canchim foram os mesmos utilizados no trabalho de Oliveira *et al.* (2000).

## MATERIAL E MÉTODOS

Os dados dos animais Nelore utilizados no presente trabalho são oriundos da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) e os das raças Simental e Canchim, das respectivas associações brasileiras de criadores. Para as raças Simental, Nelore e Canchim os arquivos de dados disponíveis para análise do peso aos 365 dias continham 16 564, 54 288 e 16 499 registros de genealogia e 11 180, 37 779 e 10 660 animais com dados de pesagem em idade próxima aos 365 dias, respectivamente.

Foi utilizado o software MTDFREML (Boldman *et al.*, 1995) na estimação dos componentes de variância pelo método

## INFERÊNCIA BAYESIANA NO MELHORAMENTO DE BOVINOS DE CORTE NO BRASIL

REML sob modelo animal e na predição dos valores genéticos pelo método BLUP. O modelo misto geral de análise incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneo (animais nascidos na mesma estação de nascimento, de mesmo sexo, submetidos a um mesmo sistema de manejo e alimentação, de mesmo grupo genético, e pertencentes ao mesmo criador), classe de idade da vaca ao parto e o efeito da idade do animal na pesagem como covariável, e o efeito aleatório genético direto do animal.

Com base nos valores genéticos preditos e erros padrão obtidos pelo BLUP, foram escolhidos alguns animais como amostra para a comparação das duas metodologias de análise. Foram selecionados 20 animais de cada raça assim distribuídos: três animais com valores genéticos baixos e negativos com acurácias altas, três animais com valores genéticos baixos e negativos com acurácias baixas, três animais com valores genéticos altos e positivos com acurácias altas, três animais com valores genéticos altos e positivos com acurácias baixas, três animais com valores genéticos médios com acurácias altas, três animais com valores genéticos médios com acurácias baixas, além do animal de mais alto valor genético e do animal de mais baixo valor genético.

O mesmo modelo de análise utilizado na estimação pelo método REML foi utilizado

na análise bayesiana. O conjunto de programas MTGSAM (multiple-trait Gibbs sampler for animal models; ou modelos animais com características múltiplas usando a amostragem de Gibbs) para modelos lineares mistos, desenvolvido por Van Tassel e Van Vleck (1995), foi utilizado para obtenção das distribuições *a posteriori* dos componentes de variância, bem como das herdabilidades e dos valores genéticos dos animais. As distribuições *a priori* dos efeitos considerados no modelo são definidas no programa. Supõe-se para os efeitos fixos, uma distribuição uniforme (*flat*), denotando conhecimento *a priori* vago; e que a distribuição dos efeitos aleatórios é normal multivariada. Para os componentes de variância supõe-se distribuições Gamas invertidas independentes. Os valores *a priori* para a média dos componentes de variâncias foram obtidos mediante médias de estimativas descritas na literatura para esta característica. O grau de confiança nestas informações foi considerado baixo.

O esquema de amostragem Gibbs considerou 300 000 amostras, sendo desprezadas as primeiras 5000 e após esta, uma em cada 200 amostras foi armazenada para fins de inferências, num total de 1475 amostras disponíveis para estudo da distribuição *a posteriori*. As mesmas análises e pressuposições foram feitas para as três raças.

**Tabela I.** Estimativas obtidas a partir do método da máxima verossimilhança restrita (REML) e médias, desvios-padrão (D.P.) e intervalos de maior densidade a posteriori (HPD 95%) obtidos por meio do amostrador de Gibbs, dos parâmetros fenotípicos e genéticos do peso aos 365 dias para a raça Simental. (Estimates obtained from restricted maximum likelihood (REML) and averages, standart deviation and high *a posteriori* density (HPD 95%) obtained by Gibbs sampling, the phenotypic and genetic parameters of the weight to the 365 days for the Simental breed).

Parâmetro	REML	Média	Análise bayesiana	
			D.P.	HPD 95%
Varianza genética	693,32	771,03	71,61	630,47-907,92
Varianza ambiente	1628,66	1581,61	54,78	1472,20-1685,76
Varianza fenotípica	2321,98	2352,64	39,61	2278,91-2432,94
Herdabilidade	0,30	0,33	0,03	0,28-0,39

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das estimativas de componentes de variância obtidas pelo método REML e utilizando-se Inferência bayesiana estão apresentados nos **tabelas I, IV e VII** para as raças Simental, Nelore e Canchim, respectivamente. Pode-se verificar que as médias *a posteriori* obtidas pelo método Bayesiano são bastante próximas das estimativas pontuais obtidas pelo método REML, para as três raças. Em Wright *et al.*

**Tabela II.** Prováveis valores genéticos (PVG) e respectivos erros padrão (E.P.) e acurácias obtidos pelo método BLUP e médias e desvios-padrão (D.P.) das distribuições *a posteriori* dos valores genéticos obtidas pelo amostrador de Gibbs para efeitos diretos do peso aos 365 dias, na raça Simental. (Probable genetic values (PVG) and respective standard errors (E.P.) and accuracy obtained by BLUP and averages and standard deviation (D.P.) of a *posteriori* distributions of the genetic values obtained by the Gibbs sampling for direct effect of the weight to the 365 days, in Simental breed).

Animal	PVG	BLUP		A. bayesiana	
		E.P.	Acurácia	Média	D.P.
81	30,53	9,64	0,93	30,84	10,06
109	0,07	11,16	0,91	0,25	11,14
163	-36,38	24,67	0,35	-38,77	26,07
688	0,14	26,09	0,13	0,55	27,16
689	-43,01	23,58	0,44	-45,62	25,49
785	37,06	9,05	0,94	38,12	9,32
873	-0,10	16,16	0,79	-0,51	17,33
916	32,22	9,66	0,93	32,49	9,75
955	-58,21	18,77	0,70	-61,69	19,60
996	-39,46	18,43	0,71	-41,08	19,07
1748	34,95	24,91	0,32	38,57	26,35
1992	0,04	25,67	0,22	-0,49	27,49
3449	38,36	23,27	0,47	41,12	24,91
3558	30,62	25,36	0,27	34,29	27,10
3679	-35,57	25,32	0,27	-38,07	26,64
4872	-35,31	18,22	0,72	-38,39	19,10
8054	-55,40	21,56	0,57	-60,88	22,71
10115	0,01	18,73	0,70	-0,86	19,66
10986	77,13	19,24	0,68	81,41	20,09
12155	-0,04	26,17	0,11	-0,26	27,64

**Tabela III.** Médias, desvios-padrão (D.P.) e percentis ( $P_{2,5\%}$  e  $P_{97,5\%}$ ) das distribuições *a posteriori* das diferenças entre valores genéticos para efeitos diretos do peso aos 365 dias, obtidas pelo amostrador de Gibbs para pares de animais, na raça Simental. (Averages, standard deviation (D.P.) e percentiles ( $P_{2,5\%}$  and  $P_{97,5\%}$ ) of a *posteriori* distributions of the differences between genetic values for direct effect of the weight to the 365 days, obtained by Gibbs sampling for pairs of animals, in Simental breed).

Diferenças	Média	D.P.	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$
Situação 1 <sup>1</sup>	143,09	28,71	88,45	201,07
Situação 2 <sup>2</sup>	-0,81	38,10	-74,01	73,14
Situação 3 <sup>3</sup>	-1,65	13,66	-28,44	25,63
Situação 4 <sup>4</sup>	32,24	14,80	3,71	62,93

<sup>1</sup>Animal 10986 com 955 (maior e menor PVGs; acurácias médias).

<sup>2</sup>Animal 12155 com 688 (PVGs baixos; acurácias baixas).

<sup>3</sup>Animal 81 com 916 (PVGs altos; acurácias altas).

<sup>4</sup>Animal 916 com 109 (PVGs alto e baixo; acurácias altas).

(2000), os autores notaram que a estimativa pontual para a variância genética aditiva obtida pelo método REML foi consideravelmente menor que a média *a posteriori* obtida por amostragem Gibbs. Estes resultados não são contraditórios uma vez que Wright *et al.* (2000) utilizaram um conjunto de dados com tamanho amostral bem menor do que os considerados no presente trabalho. Em situações com tamanhos amostrais relativamente menores, as distribuições *a posteriori* para os componentes de variância são geralmente mais assimétricas e, conseqüentemente, as respectivas médias são diferentes das modas, as quais, em geral, são mais próximas das estimativas de máxima verossimilhança. Além disso, é preciso ressaltar que o método REML encontra modas conjuntas e a Inferência bayesiana trabalha com distribuições marginais e elas não têm necessariamente que concordar, e de fato não concordam

**Tabela IV.** Estimativas obtidas a partir do método da máxima verossimilhança restrita (REML) e médias, desvios-padrão e intervalos de maior densidade a posteriori (HPD 95%) obtidos por meio do amostrador de Gibbs, dos parâmetros fenotípicos e genéticos do peso aos 365 dias para a raça Nelore. (Estimates obtained from restricted maximum likelihood (REML) and averages, standart deviation and high a posteriori density (HPD 95%) obtained by Gibbs sampling, the phenotypic and genetic parameters of the weight to the 365 days for the Nelore breed).

Parâmetro	REML	Média	Análise bayesiana	
			D.P.	HPD 95%
Varianza genética	272,0	287,88	12,25	263,60-313,70
Varianza ambiente	422,0	412,87	9,21	392,15-431,54
Varianza fenotípica	694,0	700,75	6,26	688,66-713,92
Herdabilidade	0,39	0,41	0,015	0,38-0,44

para os componentes de variância em distribuições multimodais, por exemplo.

A inferência bayesiana permite estabelecer regiões de credibilidade para cada parâmetro ou combinação de parâmetros, as quais são facilmente construídas a partir das amostras obtidas no esquema de amostragem Gibbs. Assim, por exemplo, para herdabilidade do peso aos 365 dias, os intervalos de maior densidade *a posteriori* (HPD; do inglês *highest posterior density*), com 95% de probabilidade, foram obtidos entre 0,28 e 0,39 para a raça Simental; entre 0,38 a 0,44 na raça Nelore; e entre 0,34 e 0,39 para a raça Canchim.

Nas tabelas II, V e VIII são comparados os valores genéticos preditos e respectivas medidas de variabilidade pelos métodos BLUP e Bayesiano, respectivamente para as raças Simental, Nelore e Canchim. Pode-se observar que, além das médias *a posteriori* serem muito similares aos valores preditos (BLUP), os desvios padrão *a posteriori* são muito semelhantes aos erros padrão da predição. Como a distribuição é simétrica, o desvio padrão da distribuição posterior é um bom indicativo da acurácia.

Nas tabelas III, VI e IX estão os resultados das comparações entre quatro pares de animais, utilizando-se as respectivas distribuições marginais *a posteriori*. Na primeira situação, apresentam-se as dife-

renças entre o animal de maior valor genético e o de menor valor genético. Percebe-se, como esperado, que as diferenças são de grande magnitude em média (aproximadamente 143, 151 e 100 kg, para as raças Simental, Nelore e Canchim, respectivamente), mas a variação também é relativamente grande (de 46 a 247 kg, de 96 a 207 kg e de 39 a 152 kg, respectivamente as três raças). Os limites para os intervalos de maior densidade *a posteriori* com 95% de probabilidade foram 94,3 e 185,6 kg para a raça Simental; 122,9 e 183,6 kg para a raça Nelore e 75,9 e 129,3 kg para a raça Canchim.

Numa segunda situação, são apresentadas as diferenças entre dois animais de baixa acurácia. Esta comparação é praticamente inútil, dada a grande variação encontrada nas diferenças amostrais. Embora a diferença média seja de -0,81; 0,13 e 6,48 kg, os desvios padrão de 38,1; 24,15 e 25,09 kg, respectivamente para as raças Simental, Nelore e Canchim, são muito altos. Os intervalos de maior densidade *a posteriori* (95% de probabilidade) obtidos estão entre -62,8 e 59,6 kg para a raça Simental; entre -37,0 e 40,5 kg para a raça Nelore e entre -33,0 e 46,3 kg para a raça Canchim. Como estas distribuições marginais apresentam alta densidade ao redor do valor zero (referente ao ponto onde não existe diferença entre os dois animais compa-

**Tabela V.** Prováveis valores genéticos (PVG) e respectivos erros padrão (E.P.) e acurácias obtidos pelo método BLUP e médias e desvios-padrão (D.P.) e percentis das distribuições a posteriori dos valores genéticos obtidas pelo amostrador de Gibbs para efeitos diretos do peso aos 365 dias na raça Nelore. (Probable genetic values (PVG) and respective standard errors (E.P.) and accuracy obtained by BLUP and averages and standard deviation (D.P.) of a posteriori distributions of the genetic values obtained by the Gibbs sampling for direct effect of the weight to the 365 days, in Nelore breed).

Animal	PVG	BLUP		A. bayesiana	
		E.P.	Acurácia	Média	D.P.
268	-32,62	10,5	0,79	-33,17	10,46
338	3,72	2,72	0,99	3,72	2,76
389	36,49	5,95	0,93	37,15	5,87
426	6,76	2,53	0,99	6,90	2,55
3222	-30,13	8,94	0,84	-30,23	9,04
4824	33,24	15,60	0,33	34,72	16,16
8121	45,30	15,59	0,33	46,60	16,19
9342	35,52	5,15	0,95	35,33	5,57
14121	-1,58	2,55	0,99	-1,70	2,59
15712	-25,29	14,94	0,42	-26,40	15,01
18338	-59,48	12,27	0,67	-61,89	12,78
20529	32,85	15,67	0,31	34,49	16,28
22768	-32,38	7,25	0,90	-32,89	7,38
23401	36,61	5,75	0,94	37,16	5,81
25460	-0,11	16,28	0,16	0,01	17,16
26512	1,39	16,04	0,23	1,61	16,43
26521	-21,14	15,65	0,32	-21,94	15,81
30853	0,34	16,05	0,23	-0,12	16,47
32531	-25,68	15,58	0,33	-27,27	15,71
90818	85,71	11,90	0,69	88,89	12,47

rados), tem-se pouca evidência da superioridade de um animal em relação ao outro.

A terceira situação refere-se à comparação de animais de alta acurácia. Ao contrário da situação anterior, esta comparação é bastante precisa e revela, para médias de -1,7; -3,2 e 17,4 kg, desvios padrão de 13,7; 3,67 e 4,7 kg, respectivamente. Os intervalos de maior densidade *a posteriori* (95%) estão entre -24,4 e 19,4 kg para a raça Simental; entre -8,7 e 3,1 kg para a raça Nelore

e entre 9,8 e 24,6 kg para a raça Canchim.

Na quarta situação, são comparados dois animais de alta acurácia, um com alto valor genético e outro de baixo valor genético. Nesta situação a comparação também é bastante precisa, revelando médias de 32,2; 38,9 e 49,1 kg e desvios padrão de 14,8; 6,24 e 11,54 kg, respectivamente para as raças Simental, Nelore e Canchim. Os intervalos de maior densidade *a posteriori* (95%) estão entre 7,3 e 55,7 kg para a raça Simental; entre 28,0 e 48,4 kg para a raça Nelore e entre 29,1 e 67,1 kg para a raça Canchim. Para as três comparações, têm-se intervalos com maior massa de densidade para valores positivos, indicando a superioridade do valor genético de um animal em relação ao outro.

As densidades das distribuições *a posteriori* marginais para cada uma dessas situações são apresentadas nas **figuras 1**,

**Tabela VI.** Médias, desvios-padrão (D.P.) e percentis ( $P_{2,5\%}$  e  $P_{97,5\%}$ ) das distribuições a posteriori das diferenças entre valores genéticos para efeitos diretos do peso aos 365 dias, obtidas pelo amostrador de Gibbs para pares de animais na raça Nelore. (Averages, standard deviation (D.P.) e percentiles ( $P_{2,5\%}$  and  $P_{97,5\%}$ ) of a posteriori distributions of the differences between genetic values for direct effect of the weight to the 365 days, obtained by Gibbs sampling for pairs of animals, in Nelore breed).

Diferenças	Média	D.P.	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$
Situação 1 <sup>1</sup>	150,78	18,25	115,12	186,36
Situação 2 <sup>2</sup>	0,13	24,15	-46,51	44,59
Situação 3 <sup>3</sup>	-3,18	3,63	-10,30	3,91
Situação 4 <sup>4</sup>	38,87	6,24	26,11	50,91

<sup>1</sup>Animal 90818 com 18338 (maior e menor PVGs; acurácias médias).

<sup>2</sup>Animal 25460 com 30853 (PVGs baixos; acurácias baixas).

<sup>3</sup>Animal 338 com 426 (PVGs altos; acurácias altas).

<sup>4</sup>Animal 23401 com 14121 (PVGs alto e baixo; acurácias altas).

INFERÊNCIA BAYESIANA NO MELHORAMENTO DE BOVINOS DE CORTE NO BRASIL

**Tabela VII.** Estimativas obtidas a partir do método da máxima verossimilhança restrita (REML) e médias, desvios-padrão e intervalos de maior densidade a posteriori (HPD 95%) obtidos por meio do amostrador de Gibbs, dos parâmetros fenotípicos e genéticos do peso aos 365 dias para a raça Canchim. (Estimates obtained from restricted maximum likelihood (REML) and averages, standart deviation and high a posteriori density (HPD 95%) obtained by Gibbs sampling, the phenotypic and genetic parameters of the weight to the 365 days for the Canchim breed).

Parâmetro	REML	Média	Análise bayesiana	
			D.P.	HPD 95%
Varianza genética	298,47	330,42	30,71	265,28-382,93
Varianza ambiente	569,46	550,95	22,67	508,34-596,88
Varianza fenotípica	867,93	878,03	14,86	769,99-976,69
Herdabilidade	0,34	0,37	0,03	0,34-0,39

2 e 3, respectivamente para as raças Simental, Nelore e Canchim.

**Tabela VIII.** Prováveis valores genéticos (PVG) e respectivos erros padrão (E.P.) e acurácias obtidos pelo método BLUP e médias desvios-padrão (D.P.) e percentis das distribuições a posteriori dos valores genéticos obtidas pelo amostrador de Gibbs para efeitos diretos do peso aos 365 dias na raça Canchim. (Probable genetic values (PVG) and respective standard errors (E.P.) and accuracy obtained by BLUP and averages and standard deviation (D.P.) of a posteriori distributions of the genetic values obtained by the Gibbs sampling for direct effect of the weight to the 365 days, in Canchim breed).

Animal	PVG	BLUP		A. bayesiana	
		E.P.	Acurácia	PVG	E.P.
940	-1,27	16,94	0,20	-1,43	18,16
972	-24,11	15,38	0,46	-24,12	16,81
1349	0,01	8,54	0,87	0,40	8,94
1586	-39,17	10,77	0,79	-39,48	10,62
1650	48,25	7,90	0,89	49,52	8,20
1929	8,72	4,53	0,97	9,15	4,43
2187	-0,02	11,93	0,72	0,92	12,83
2312	51,52	10,94	0,77	54,23	11,31
2353	26,02	3,23	0,98	26,51	3,45
7845	4,49	16,88	0,21	5,05	17,92
8955	0,54	15,35	0,46	-0,07	15,46
9036	-43,53	11,29	0,76	-45,75	11,60
10977	-36,34	13,72	0,61	-37,82	14,29

A tabela X apresenta as médias, desvios-padrão e percentis (2,5 e 97,5%) das distribuições a posteriori para animais de maiores valores genéticos, e para a média dos mesmos, nas raças Simental, Nelore e Canchim. As densidades das distribuições

**Tabela IX.** Médias, desvios-padrão (D.P.) e percentis ( $P_{2,5\%}$  e  $P_{97,5\%}$ ) das distribuições a posteriori das diferenças entre valores genéticos para efeitos diretos do peso aos 365 dias, obtidas pelo amostrador de Gibbs para pares de animais na raça Canchim. (Averages, standart deviation (D.P.) e percentiles ( $P_{2,5\%}$  and  $P_{97,5\%}$ ) of a posteriori distributions of the differences between genetic values for direct effect of the weight to the 365 days, obtained by Gibbs sampling for pairs of animals, in Canchim breed).

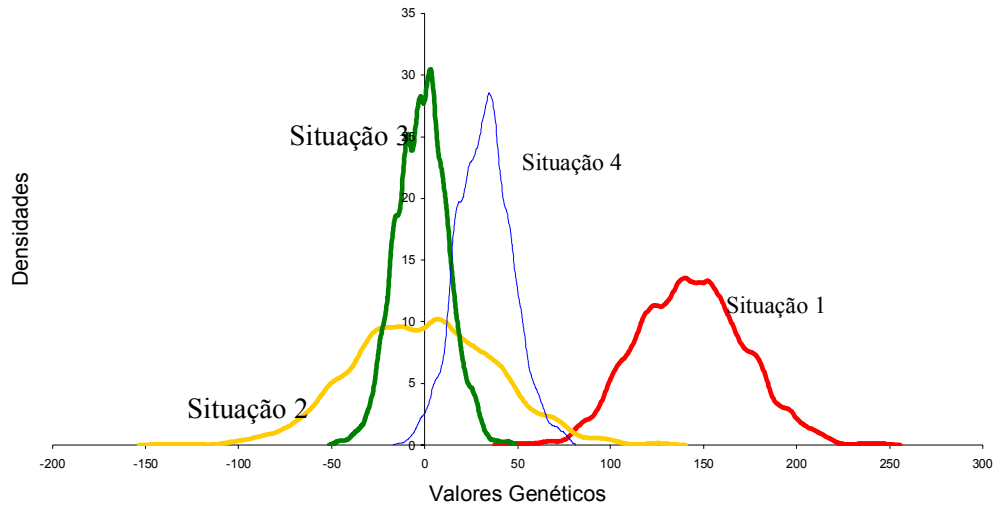
Diferenças	Média	D.P.	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$
Situação 1 <sup>1</sup>	99,99	16,55	68,20	133,43
Situação 2 <sup>2</sup>	6,48	25,09	-42,63	53,83
Situação 3 <sup>3</sup>	17,35	4,71	7,33	25,20
Situação 4 <sup>4</sup>	49,12	11,54	26,82	71,68

<sup>1</sup>Animal 2312 com 9036 (maior e menor PVGs; acurácias médias).

<sup>2</sup>Animal 7845 com 940 (PVGs baixos; acurácias baixas).

<sup>3</sup>Animal 2353 com 1929 (PVGs altos; acurácias altas).

<sup>4</sup>Animal 1349 com 1650 (PVGs alto e baixo; acurácias altas).

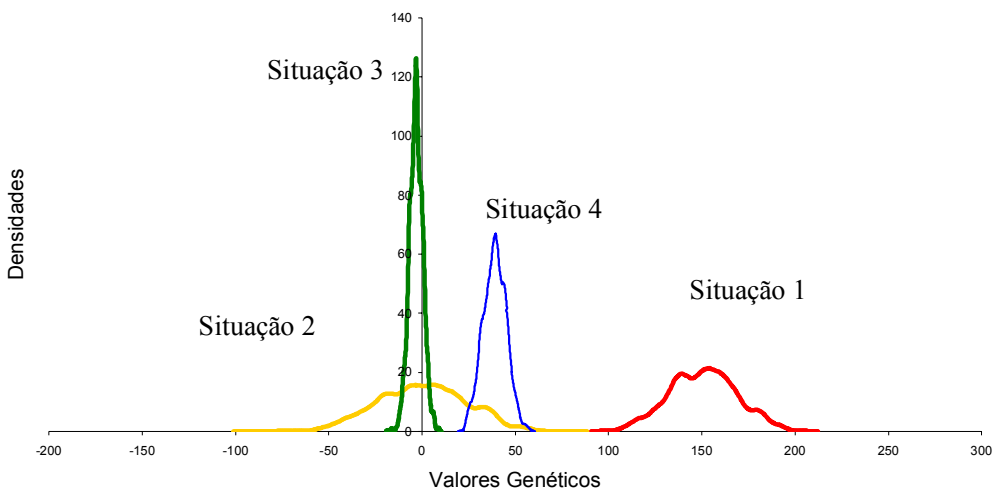


**Figura 1.** Densidades das distribuições a posteriori para cada uma das situações na raça Simental. (A posteriori distribution densities for each one of the situations in the Simental breed).

para cada uma das raças são apresentadas nas **figuras 4, 5 e 6**, respectivamente para as raças Simental, Nelore e Canchim.

As densidades marginais de interesse são facilmente estimadas a partir das

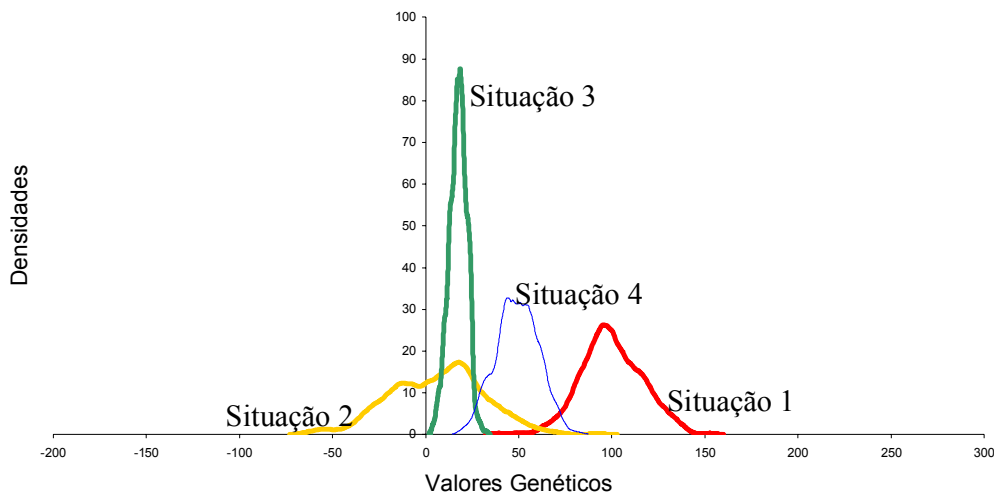
amostras do esquema Gibbs na análise bayesiana. A partir das mesmas, são também obtidas as médias, desvios-padrão e intervalos HPD, como apresentados no trabalho, ou ainda outras quantidades *a posteriori*



**Figura 2.** Densidades das distribuições a posteriori para cada uma das situações na raça Nelore. (A posteriori distribution densities for each one of the situations in the Nelore breed).



## INFERÊNCIA BAYESIANA NO MELHORAMENTO DE BOVINOS DE CORTE NO BRASIL



**Figura 3.** Densidades das distribuições a posteriori para cada uma das situações na raça Canchim. (A posteriori distribution densities for each one of the situations in the Canchim breed).

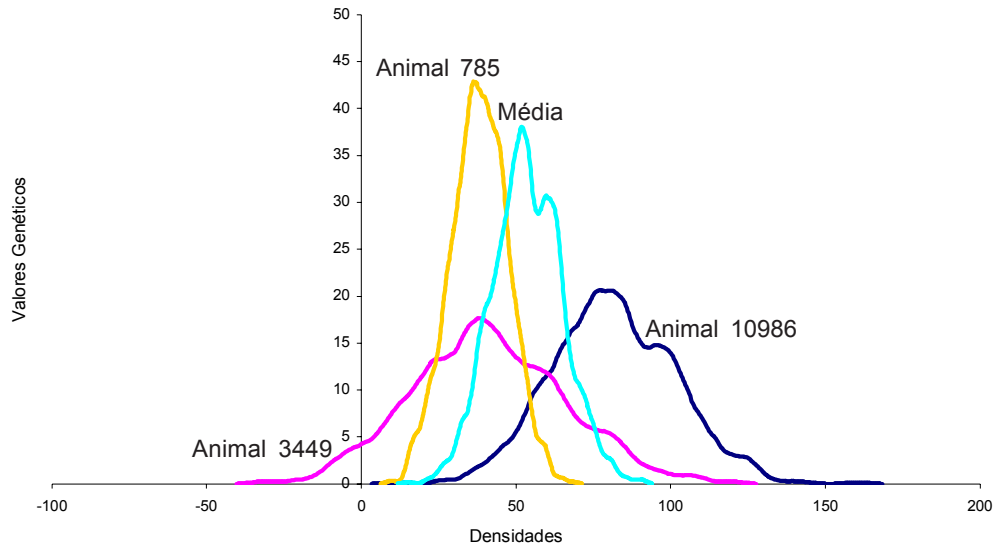
**Tabela X.** Médias, desvios-padrão (D.P.) e percentis ( $P_{2,5\%}$  e  $P_{97,5\%}$ ) das distribuições a posteriori dos valores genéticos, bem como das médias dos mesmos, referentes aos três animais com maiores valores genéticos para peso aos 365 dias, para cada uma das raças. (Averages, standard deviation (D.P.) e percentiles ( $P_{2,5\%}$  and  $P_{97,5\%}$ ) a posteriori distributions of the genetic values, as well as averages referring to the three animals with bigger genetic values for weight to the 365 days, for each breed).

Diferenças	Média	D.P.	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$
Animal	Simental			
10986	81,41	20,09	43,38	122,45
3449	41,12	24,91	-6,21	91,56
785	38,12	9,32	19,28	55,98
Média	53,55	11,28	32,12	75,96
	Nelore			
90818	88,89	12,47	64,91	112,64
8121	46,70	16,19	16,03	77,82
389	37,15	5,87	25,84	48,62
Média	57,55	8,66	40,90	74,47
	Canchim			
2312	54,24	11,31	31,89	75,47
1650	49,52	8,21	34,37	65,52
2353	26,51	3,45	1,60	32,99
Média	43,42	5,33	32,92	54,11

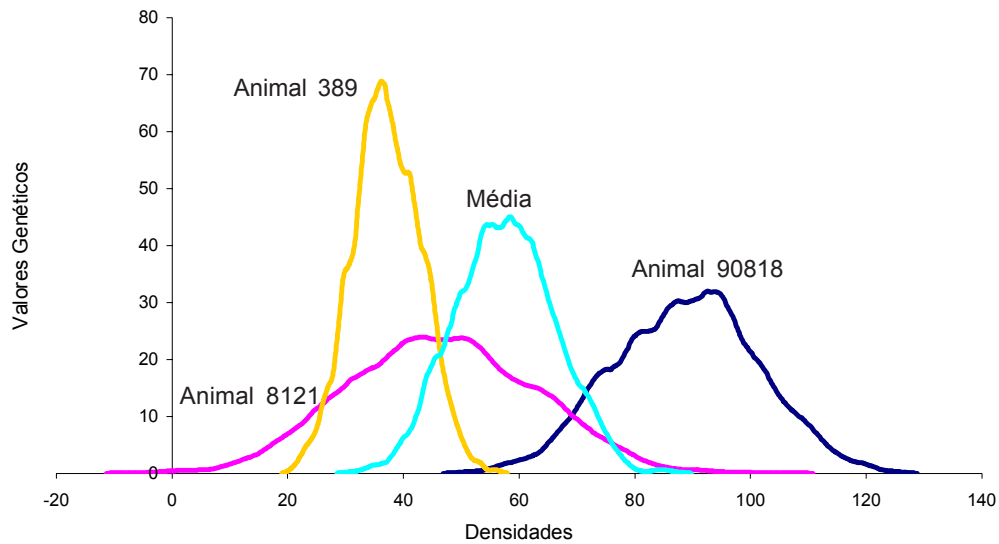
de interesse, como modas, medianas, percentis, etc. Já num contexto de inferência clássica, por exemplo, utilizando-se máxima verossimilhança, muitas vezes não é possível a obtenção de forma analítica explícita no estudo de alguns parâmetros ou funções paramétricas, ou na obtenção de intervalos de confiabilidade para os mesmos, e sua construção só é possível a partir de aproximações ou justificativas assintóticas.

### CONCLUSÕES

As duas metodologias estatísticas utilizadas apresentaram, conforme esperado, estimativas pontuais similares. A abordagem bayesiana, embora demande maior recurso computacional, é mais flexível, fornece uma descrição mais detalhada dos parâmetros e permite a incorporação de informações *a priori*. O desenvolvimento de computadores mais potentes, especialmente com grande capacidade de armazenagem de informações deverá facilitar a utilização de metodologias bayesianas de análise, e permitirá comparar animais de maneira mais objetiva e interessante para os criadores.

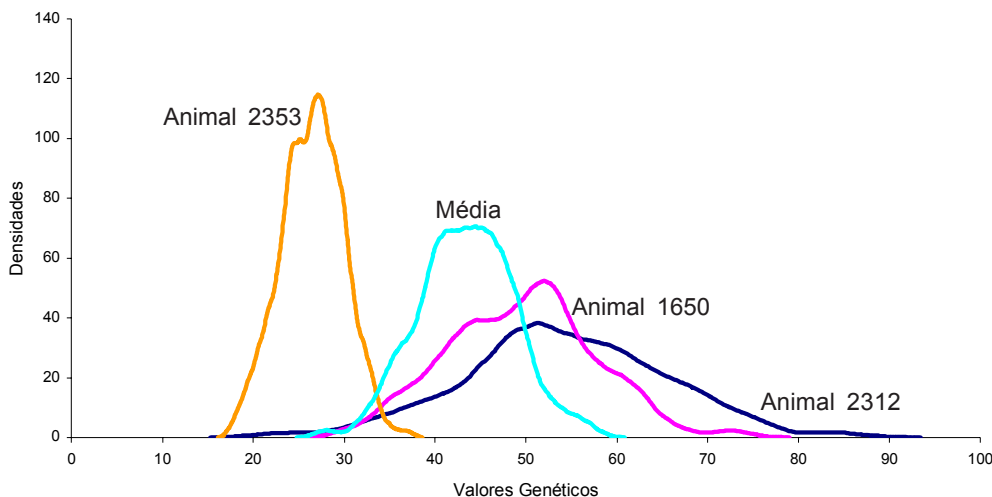


**Figura 4.** Densidades das distribuições a posteriori dos 3 animais de maiores valores genéticos e sua média na raça Simental. (A posteriori distributions densities of the 3 animals of bigger genetic values and its average in the Simental breed).



**Figura 5.** Densidades das distribuições a posteriori dos 3 animais de maiores valores genéticos e sua média na raça Nelore. (A posteriori distribution densities of the 3 animals of bigger genetic values and its average in the Nelore breed).

## INFERÊNCIA BAYESIANA NO MELHORAMENTO DE BOVINOS DE CORTE NO BRASIL



**Figura 6.** Densidades das distribuições a posteriori dos 3 animais de maiores valores genéticos e sua média na raça Canchim. (A posteriori distribution densities of the 3 animals of bigger genetic values and its average in the Canchim breed).

### BIBLIOGRAFIA

- Blasco, A. 2001. The Bayesian controversy in animal breeding. *J. Anim. Sci.*, 79: 2023-2046.
- Boldman, K.G., L.A. Kriese and D.L. Van Vleck. 1995. A manual for use of MTDFREML - A set of programs to obtain estimatives of variances and covariances [DRAFT]. USDA-ARS. 114 p.
- Gianola, D. and R.L. Fernando. 1986. Bayesian methods in animal breeding theory. *J. Anim. Sci.*, 63: 217- 244.
- Henderson, C.R. 1984. Applications of linear models in animal breeding. 1<sup>st</sup> ed. Canadian cataloguing in publication data. Canadá. 461 p.
- Lôbo, R.B., H.N. Oliveira, L.A.F. Bezerra, E.N. Martins, A.L.R. Borjas, C.U. Magnabosco e A.R.V. Russo. 1997. Estimativa de componentes de (co)variância e herdabilidade para o peso aos 120 dias de idade na raça Nelore usando estatística bayesiana. Em: Reunião anula da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 34, Juiz de Fora. *Anais...* SBZ. Juiz de Fora. p. 186-189.
- Oliveira, H.N., R.B. Lôbo, G.J.M. Rosa e L.A.F. Bezerra. 2000. Análise bayesiana na estimação de componentes de covariância e predição de valores genéticos do peso aos 365 dias em bovinos. Canchim. Em: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 37, 2000. ANAIS. Sociedade Brasileira de Zootecnia. Viçosa/MG. p. 191-191.
- Pereira, I.G. 2001. Estudo de simulação e aplicação de modelos lineares mistos com distribuição normal contaminada no melhoramento genético animal. (Tese. Doutorado em Zootecnia). Botucatu, FMVZ/UNESP. 91 p.
- Rosa, G.J.M. 1999. Robust mixed linear models in quantitative genetics: Bayesian analysis via Gibbs sampling. In: International Symposium on Animal Breeding and Genetics, 1999. Viçosa. *Proceedings...* Viçosa. p. 133-160.
- Rosa, G.J.M. e C.R. Padovani. 2000. Modelos lineares robustos utilizando-se a distribuição normal contaminada. *Rev. Mat. Estatist.*, 18: 65-81.
- Van Tassel, C.P. and D.L. Van Vleck. 1995. A manual for use of MTGSAM - A set of FORTRAN programs to apply Gibbs Sampling to animal models for variance component [DRAFT]. USDA-ARS.
- Wright, D.R., H.S. Stern and P.J. Berger. 2000. Comparing traditional and Bayesian analyses os selection experiments in animal breeding. *J. Agric. Biol. Envir. S.*, 5: 240-256.