

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

Estudo do período de aquecimento e tomada de amostra para característica que associa peso e perímetro escrotal na raça Nelore¹

Cintia Righetti Marcondes², Ronyere Olegário Araújo³, Pedro Alejandro Vozzi⁴,
Ricardo José Gunski⁵, Analía Del Valle Garnero⁵, Luiz Antônio Framartino Bezerra⁵,
Raysildo Barbosa Lôbo⁷

¹Parte da Monografia do segundo autor

²Zootecnista, pesquisadora da Embrapa Amazônia Oriental, e-mail: cimarcon@cpatu.embrapa.br

³Biólogo, aluno de Mestrado em Zootecnia da UFSM, e-mail: ronyere.o@hotmail.com

⁴Geneticista, aluno de Doutorado da FMRP-USP, e-mail: pavozzi@genbov.fmrp.usp.br

⁵Geneticistas, Profs. Adjuntos da UNIPAMPA, e-mail: rgunski@yahoo.com.br

⁶Anal. Sist., Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto - USP, e-mail: lafbezer@genbov.fmrp.usp.br

⁷Méd. Vet., Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores - ANCP, e-mail: raysildo@ancp.org.br

Resumo – Uma característica que relaciona duas ou mais mensurações possui vantagens, porém precisa ser analisada quanto à estimativa de herdabilidade e, posteriormente, sua aplicação como critério de seleção. Ao implementar uma cadeia longa (um milhão de rodadas), neste trabalho, foram estudados o período de aquecimento e diferentes tomadas de amostra para determinar qual a combinação mais adequada para analisar, sob modelo animal, a característica Índice perímetro escrotal/peso de animais Nelore aos 365 dias de idade. As correlações seriais foram altas (89%, 80%, 40% 16,5%, respectivamente para amostragem a cada 50, 100, 500 e 1000 rodadas) e os valores descritivos das estimativas de herdabilidade, semelhantes. Amostragem a cada 100 ou 500 rodadas e um *burn-in* pouco conservador poderão ser implementados, desde que a velocidade e a memória computacional permitam. Estes resultados servirão como base para a escolha da implementação a ser utilizada em artigo científico sobre o tema.

Palavras-chave: análise de cadeias, bovinos de corte, critério alternativo de seleção, inferência bayesiana, parâmetros genéticos.

Burn-in and thinning interval in genetic analysis for trait that links growth and scrotal circumference in Nelore cattle

Abstract – A trait that connects two or more measurements has advantages, but must be seen as the estimate of heritability and, subsequently, its application as a selection criteria. When implementing a long chain (one million rounds), in this work, studied burn-in period and different thinning intervals to determine the most appropriate combination to analyze, under animal model, the perimeter scrotal / weight index at 365 days of age in Nelore cattle. The serial correlations were high (89%, 80%, 40% 16.5% respectively for sampling taken at 50, 100, 500 and 1000 rounds) and descriptive values of the heritability estimates similar. Sampling taken at 100 or 500 rounds and a burn-in

no conservative can be implemented, provided that the computational speed and memory allow. These results will to apply in an indexed article on this subject.

Keywords: alternative selection criteria, bayesian inference, beef cattle, genetic parameters, implementation.

Introdução

A pecuária nacional, assim como a tocaninense, cresceu expressivamente em termos de exportações, 22,86% e 489%, respectivamente. Segundo a Secretaria da Agricultura, Pecuária e Abastecimento do Estado do Tocantins, em 2006, o Tocantins exportou 24 mil toneladas de carne bovina, o que rendeu mais de 53 milhões de dólares e muitos benefícios para o povo tocaninense. E esta realidade, direciona os pecuaristas a uma tendência que busca incrementar sua atividade através de inovações tecnológicas que permitam a obtenção de melhor renda em menor tempo e com menores custos, principalmente com respeito à maior taxa de lotação das pastagens e a melhoria genética dos animais, aumentando a eficiência do sistema produtivo. Neste sentido é imprescindível, na elaboração de programas de seleção, o conhecimento dos fatores que influenciam o crescimento dos animais, bem como das correlações genéticas entre eles. Os parâmetros genéticos são necessários para estimar as respostas diretas e correlacionadas à seleção, para elaborar índices de seleção e predizer o valor genético dos animais. Segundo Magnabosco et al. (2001), a aplicação de métodos de Markov Chain Monte Carlo – MCMC, destacando-se a Amostragem de Gibbs, pode ser utilizada como ferramenta para estimação de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos utilizando dados de campo. Objetivou-se com este trabalho estudar o período de aquecimento e a tomada de amostra para auxiliar as decisões nas análises genéticas, via inferência Bayesiana, de um caráter que relaciona o perímetro escrotal e o peso padronizado aos 365 dias de idade em animais tocaninenses da raça Nelore.

Material e Métodos

O arquivo inicial de dados continha 14.455 animais nascidos no período de 1971 a 2005 em cinco fazendas tocaninenses participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN – Nelore Brasil). Do banco de dados inicial, 3299 animais apresentavam registros de peso padronizado aos 365 dias de idade (P365) e 851 deles possuíam também o registro do PE aos 365 dias de idade (PE365). O índice perímetro escrotal-peso (IND365) foi obtido por meio da razão do PE365 e do P365. A consistência dos dados, a formação dos grupos de contemporâneos e os valores utilizados como *priors* podem ser vistos em Araújo et al. (2008). Para o estudo foi utilizado o programa de análise desenvolvido pelo Dr. Ignacy Misztál (<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/>), GIBBSF90, com modelo animal sem efeito materno para estudar graficamente o período de aquecimento (*burn-in*) e testar quatro tomadas de amostra (*thinning interval*) – a cada 50, a cada 100, a cada 500 ou a cada 1000 amostras, para cadeias obtidas com um milhão de rodadas. As saídas foram trabalhadas no POSTGIBBSF90, GIBANAL (Van Kaam, 1997) e no Excel e os resultados apresentados em relação à estimativa de herdabilidade.

Resultados e Discussão

O gráfico que exibia as amostras, auxiliar à definição do período de aquecimento, foi semelhante nas quatro análises realizadas (tomada de amostra a cada 50, 100, 500 e 1000 rodadas) e um deles está representado como Figura 1.

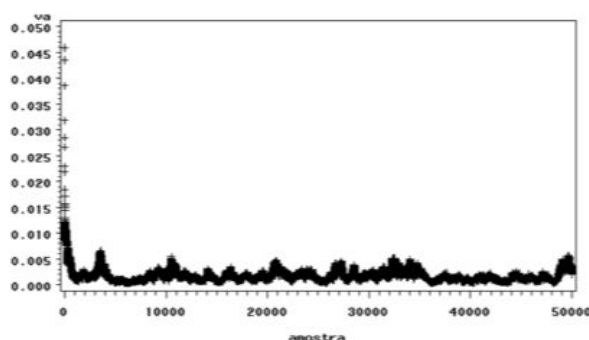


Figura 1- Gráfico das amostras para análise do período de aquecimento (*burn-in*) em tamanho de cadeia de 1 milhão de rodadas (sendo utilizadas as primeiras 50 mil) para a característica IND365 (índice perímetro escrotal/peso aos 365 dias de idade).

As análises apresentaram altas correlações seriais (89%, 80%, 40% 16,5%, respectivamente), confirmando-se a possibilidade de se tomar amostras pouco representativas, mesmo que na análises haja maior número de amostras (20 mil, 10 mil, 2 mil e 1 mil amostras, respectivamente – Tabela 1).

O programa GIBANAL tem como opção a análise de *burn-in* e apresenta, logo a seguir da retirada das amostras pertencentes ao período de aquecimento (respectivamente, 31, 16, 4 e 0 amostras, para as análises com tomada de amostra a cada 50, 100, 500 e 1000 rodadas), os novos valores descritivos, os quais encontram-se na Tabela 1 e mostraram-se semelhantes, com mudanças apenas a partir da terceira casa decimal.

Tabela 1- Tomada de amostra, número de amostras (N), média (Me), moda (Mo), mediana (Med), valores mínimo (Min) e máximo (Max) e correlação serial das estimativas de herdabilidade obtidas para diferentes tomadas de amostra e após análise do período de aquecimento.

Tomada de amostra	N	Herdabilidade					Correlação serial
		Me	Mo	Med	Min	Max	
50	19969	0,178	0,126	0,168	0,018	0,497	0,065
100	9984	0,175	0,132	0,163	0,022	0,515	0,069
500	1996	0,175	0,129	0,164	0,025	0,502	0,020
1000	1000	0,177	0,129	0,165	0,020	0,567	0,165

Em relação aos gráficos das densidades posteriores das estimativas de herdabilidade, foram agrupados na Figura 2. Observa-se que a distribuição apresenta cauda longa à direita e uma tendência a apresentar-se bimodal, exceto na análise com tomada de amostra a cada 100 rodadas. Com isso haveria uma moda próxima a 0,10 e outra próxima a 0,20. Em estimativas utilizando estatística freqüentista, Araújo et al. (2008) apresentaram valor da estimativa de herdabilidade de 0,16 e Pereira et al. (1998) de 0,34 para bovinos Nelore dos Estados de São Paulo e Mato Grosso do Sul. Esta diferença pode ser atribuída ao fato dos criadores tocantinenses utilizarem, basicamente, os mesmos reprodutores e, ainda, ao tamanho da população estudada (com reduzido número de machos mensurados quanto ao perímetro escrotal).

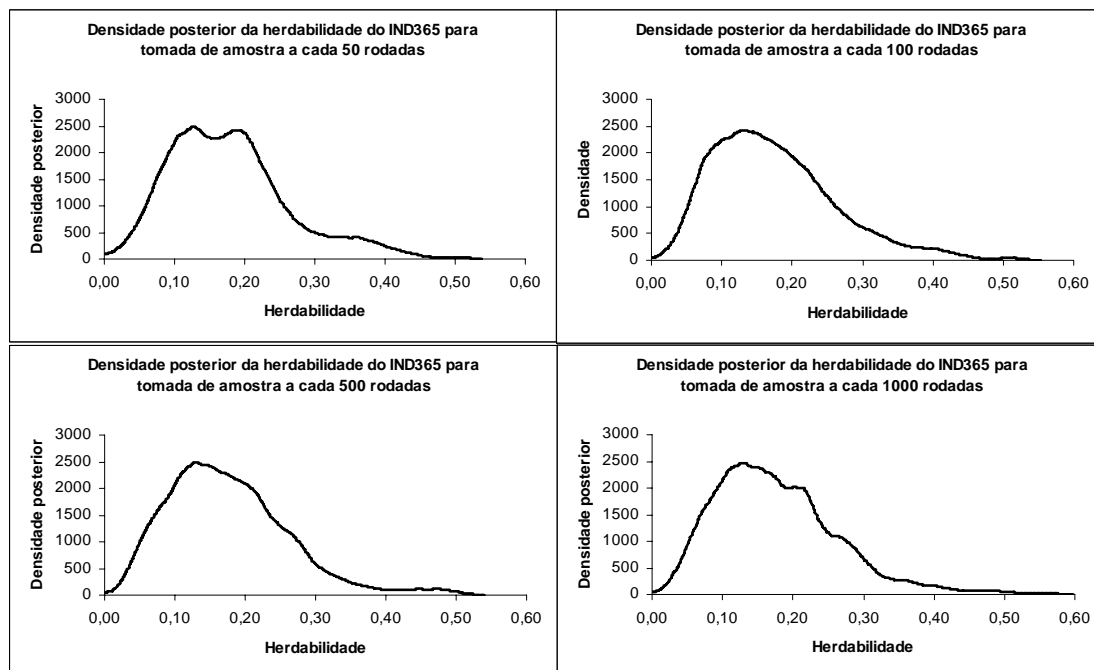


Figura 2- Gráficos das densidades posteriores das estimativas de herdabilidade da característica IND365 (índice perímetro escrotal/peso aos 365 dias de idade) nas análises com diferentes tomadas de amostra (da esquerda para a direita, em sentido horário: a cada 50, a cada 100, a cada 1000 e a cada 500 amostras).

Conclusões

Havendo capacidade de memória e velocidade de processamento no microcomputador, pode-se proceder a uma implementação com cadeia longa, tomada de amostra a cada 100 ou 500 rodadas e um *burn-in* pouco conservador, para uma análise sob inferência Bayesiana e modelo animal da característica IND365 e com limitada estrutura de dados. Estes resultados servirão como base para a escolha da implementação a ser utilizada em artigo científico sobre o tema.

Literatura Citada

- ARAÚJO, R.O.; GLÓRIA, W.P.; MARCONDES, C.R.; GARNERO, A. del V.; GUNSKI, R.J.; LÔBO, R.B. Índice perímetro escrotal-peso como critério de seleção em rebanhos da raça Nelore. *Acta Scientiarum*, 2008. (no prelo).
- MAGNABOSCO, C. de U.; FARIA, C.U. de; BORJAS, A. de los R.; LOBO, R.B.; SAINZ, R.D. Implementação da amostragem de Gibbs para a estimação de componentes de co-variância e parâmetros genéticos em dados de campo de bovinos Nelore. Planaltina: Embrapa Cerrados, n.71, 2001. 50p. (**Documento Técnico**)
- PEREIRA, E.; ELER, J. P.; FERRAZ, J.B.S. Análise genética da relação perímetro escrotal (PE 550) / peso aos 550 dias (PES 550) na raça Nelore. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2., 1998, Uberaba. *Anais....* Uberaba, 1998. p.325-326.
- VAN KAAM, J.B.C.H.M. **GIBANAL: analyzing program for Markov Chain Monte Carlo sequences**, version 2.3, 1997.