

INFLUÊNCIA DO NÚMERO DE ITERAÇÕES E TAMANHO DA AMOSTRA UTILIZADA NA OBTENÇÃO DAS AUTOCORRELAÇÕES EM RELAÇÃO A CONVERGÊNCIA OBTIDA.

NICHOLAS DA SILVEIRA DA SILVA¹; FERNANDO AMARILHO SILVEIRA,²; AMANDA WEBBER GARCIA³; PAOLA DOS SANTOS SOARES⁴; MÁRTIN DA SILVEIRA DA SILVA⁵; NELSON JOSÉ LAURINO DIONELLO,⁶

¹*Universidade Federal de Pelotas – silveiranicholas@gmail.com*

²*Universidade Federal de Pelotas – amarillo@zootecnista.com.br*

³*Universidade Federal de Pelotas – amanda_w_garcia@hotmail.com*

⁴*Universidade Federal de Pelotas – p-soareess@hotmail.com*

⁵*Universidade Federal de Pelotas – dasilveiramartin@outlook.com*

⁶*Universidade Federal de Pelotas – dionello.nelson@gmail.com*

1. INTRODUÇÃO

A seleção das aves é uma ferramenta utilizada em programas de melhoramento genético, pois as características de importância econômica de cada linhagem e de seus cruzamentos necessitam de constantes acompanhamentos. Nestes estudos é que os critérios de seleção são estabelecidos para garantir a renovação dos plantéis com animais de potencial genético superior (WINTER et al.; DIONELLO et al., 2008). Atualmente, uma opção ao uso dos métodos frequentistas é a utilização de métodos bayesianos visando à avaliação genético animal (BARBOSA et al.; 2010). Através desta metodologia na obtenção dos parâmetros genéticos, existe a necessidade de se definir o número de iterações e tamanho da amostra a ser utilizada para se obter maior precisão na estimativa final do parâmetro desejado. Na opinião dos pesquisadores estes valores podem ser determinados ou utilizados de forma aleatória baseando-se em pesquisas já realizadas.

Com a intenção de se determinar estes valores, objetivaram-se com este estudo verificar o número de iterações e tamanho da amostra, necessários para cada característica a fim de se estimar os parâmetros genéticos e herdabilidades com a máxima precisão utilizando-se pesos corporais de 15 gerações sucessivas em codornas de corte, através de análise unicaracterística, com análise bayesiana.

2. METODOLOGIA

As estimativas dos componentes de variâncias genéticas aditivas e residuais foram realizadas por meio do sistema computacional MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampler in Animal Model) (VAN TASSEL; VAN VLECK, 1995), que permite a Inferência Bayesiana, usando amostrador de Gibbs, aplicado ao modelo animal. Utiliza-se o método iterativo de Gauss-Seidel nas equações de modelos mistos para obter um valor inicial para os efeitos fixos e aleatórios a serem

usados no Amostrador de Gibbs. Na implementação da amostragem de Gibbs foram testadas 50.000, 100.000, 200.000 e 500.000 iterações, com descarte inicial de 40%, ou seja, 20.000, 40.000, 80.000 e 200.000 iterações para o período de aquecimento (burn in) da cadeia de Gibbs e intervalo de retirada de 50 e 100 iterações, gerando um total de 600 e 300, 1200 e 600, 2400 e 1200 e 6000 e 3000 amostras dos componentes de variância para cada amostragem, respectivamente. Em uma rodada inicial testaram-se as amostragens de 50000 com retirada a cada 100 iterações. Foi utilizado o teste de Geweke para verificação da convergência através da diferença significativa. O teste faz a separação da amostra em dois grupos (10% da primeira parte e 50% da última parte), e testa a diferença entre as médias. Se o valor de P for significativo é porque a diferença é muito grande e consequentemente não há convergência, e quando ocorreram estas situações, foram testadas as demais iterações. Os parâmetros genéticos foram estimados empregando modelos uni característica, para as sete características de pesos corporais a um, sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade. Obtiveram-se 7087 pedigrees avaliados ao final das quinze gerações. O modelo animal utilizado levou em consideração os efeitos fixos de grupos contemporâneos (geração e sexo) e os efeitos genéticos aditivos e residuais como aleatórios. O modelo matricial foi $y = X\beta + Z\alpha + e$, onde y é o vetor de pesos corporais nas idades de um até 42 dias; β , α , e foram os vetores de efeitos fixos, genéticos diretos e de resíduos; X e Z foram as matrizes de incidência dos efeitos fixos e genéticos diretos. Após as análises foram obtidas as iterações, bem como, a distribuição das médias *a posteriori* para as herdabilidades obtidas, para verificação do grau de convergência obtido, que estará relacionado com a precisão das estimativas.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados mostram uma perfeita convergência (valor de P não significativo) para cinco características, pesos corporais aos sete, 14, 28, 35 e 42 dias e falta de convergência (valor de P significativo) para as características de pesos corporais a um e 21 dias. A interpretação que se tem é que para as cinco características onde o valor de P não foi significativo o número de 50000 iterações com período de aquecimento de 20000 e retirada de amostras a cada 100 iterações foi suficiente. Para as duas outras foram testadas outros números de iterações como proposto.

Tabela 1. Resultados para o teste de Geweke com o p-value, para as sete características analisadas

Característica	Valor de P
Peso corporal a um dia	0,0003
Peso corporal a sete dias	0,2801
Peso corporal aos 14 dias	0,1857
Peso corporal aos 21 dias	0,0037
Peso corporal aos 28 dias	0,7965
Peso corporal aos 35 dias	0,5917
Peso corporal aos 42 dias	0,0966

Tabela 2- Valor de P para os diversos números de iterações para peso corporal a 1 dia

Iterações	Valor de p
50.000	0,000000000
100.000	0,000000000
200.000	0,005612041
300.000	0,7251506

Pode-se verificar pelos resultados obtidos na Tabela 2, para a característica peso corporal um dia, que com o aumento do números de iterações o valor de P se tornou não significativo ao se utilizarem 300.000 iterações. Assim diferentemente do que ocorreu com as outras cinco características que já apresentaram P não significativo com 50.000 iterações, significando que já tinha sido alcançada a convergência, para esta característica (peso corporal um dia) existe a necessidade de se utilizar o número de 300.000 iterações.

Tabela 3 - Valor de P para os diversos números de iterações para peso corporal aos 21 dias

Iterações	Valor de p
50.000	0,001956308
100.000	0,6539968

Pode-se verificar que para a característica peso corporal aos 21 dias (Tabela 3) a convergência se obtém com 100.000 ciclos o que se mostrou diferente para peso corporal a 1 dia, que necessita de 300.000 ciclos e das demais característica que convergem com 50.000 ciclos de iterações. Comparativamente, GOTUZZO et al. (2013) que estudaram a mesma população de codornas de corte, utilizaram igualmente 50.000 ciclos de iterações obtendo estimativas de alta precisão, para as características de peso corporal aos 28, 35 e 42 dias, na décima primeira geração, como foi aqui obtido para a maioria das características.

4. CONCLUSÕES

Pode-se concluir que são necessários números diferentes de iterações para as características estudadas, o que deve ser observado quando da rodagem do programa MTGSAM aqui utilizado.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BARBOSA, V.; MAGNABOSCO, C.U.; TROVO, J.B.F. et al. Estudo genético quantitativo de características de carcaça e perímetro escrotal, utilizando inferência bayesiana em novilhos nelore. **Bioscience Journal** (UFU, impresso), v.26, p.789-797, 2010.

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo de medicina veterinária e zootecnia**. Belo Horizonte, v.60, n.2, p. 454-460. 2008.

GOTUZZO, A.G.; DIONELLO, N.J.L.; REIS, J.S. et al. analise bayesiana na estimativa de parâmetros genéticos de codornas de corte. in: congresso brasileiro de zootecnia, 23, 2013, foz do iguaçu. **anais...** foz do iguaçu, 2013. cd rom

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of mtgsam. a set of fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance components estimation (draft)**. Lincoln: department of agriculture, agricultural research service, 1995. 86p.

WINTER, E.M.W.; ALMEIDA, M.I.M.; OLIVEIRA, E.G. et al. Aplicação do método bayesiano na estimação de correlações genéticas e fenotípicas de peso em codornas de corte em várias idades. **Revista brasileira de zootecnia**, v.35, p.1684-1690, 2006.