

DANIELE TÔRRES RODRIGUES

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS AMBIENTES EM ANIMAIS VIA
MODELOS DE NORMAS DE REAÇÃO**

**Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa, como
parte das exigências do Programa de
Pós-Graduação em Estatística
Aplicada e Biometria, para obtenção
do título de *Magister Scientiae*.**

**VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2012**

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

R696i
2012

Rodrigues, Daniele Tôrres, 1985-

Interação genótipos ambientes em animais via modelos de
normas de reação / Daniele Tôrres Rodrigues. – Viçosa, MG,
2012.

xiv, 70f. : il. (algumas col.) ; 29cm.

Inclui anexo.

Inclui apêndice.

Orientador: Antônio Policarpo Souza Carneiro.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 59-64

1. Nelore (Zebu) - Melhoramento genético. 2. Teoria
bayesiana de decisão estatística. 3. Biometria. 4. Brasil,
Nordeste. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22. ed. 636.291021

DANIELE TÔRRES RODRIGUES

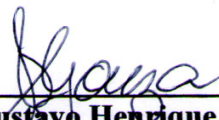
**INTERAÇÃO GENÓTIPOS AMBIENTES EM ANIMAIS VIA
MODELOS DE NORMAS DE REAÇÃO**

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa, como
parte das exigências do Programa de
Pós-Graduação em Estatística
Aplicada e Biometria, para obtenção
do título de *Magister Scientiae*.

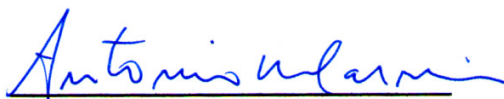
APROVADA: 17 de fevereiro de 2012.



Marcos Deon Vilela de Resende
(Coorientador)



Gustavo Henrique de Souza



Antônio Policarpo Souza Carneiro
(Orientador)

*Dedico
A Deus, a minha família e aos meus amigos,
com carinho.*

*"Vê mais longe a gaivota que voa mais alto."
(Richard Bach).*

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), em especial ao Programa de Pós Graduação em Estatística Aplicada e Biometria, pela oportunidade de realização deste trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

À Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) por disponibilizar os dados utilizados neste trabalho.

Agradeço a Deus por todas as coisas maravilhosas que me foram concedidas durante a realização desse trabalho.

Ao professor e orientador Antônio Policarpo Souza Carneiro, pela orientação, ajuda, incentivo e confiança em mim depositados. Aos co-orientadores Fabyano Fonseca e Silva, e Paulo Luiz Souza Carneiro pelas valiosas sugestões. Agradeço em especial ao co-orientador Marcos Deon Vilela de Resende pelas preciosas contribuições, por disponibilizar seu tempo e compartilhar seus conhecimentos.

Aos professores colaboradores Carlos Henrique Mendes Malhado e Raimundo Martins Filho, por terem fornecido o banco de dados. E ao professor convidado, Gustavo Henrique de Souza, por ter aceitado gentilmente fazer parte da minha banca de defesa.

A todos os meus familiares, que mesmo a distância, me acompanharam durante toda essa jornada, torcendo, apoiando e confortando nos momentos difíceis com seu carinho e amor.

Ao meu futuro marido Michell Platiny, pela paciência, amor, carinho e palavras de incentivo, mostrando que sou capaz. Você faz parte desta conquista.

Aos amigos de pós-graduação, Diana, Elisângela, Flávia, Gi, Valeria, Alyne, Mari, Rafael, Anderson, Layanne, Evandro, enfim, todos os amigos que chegaram e os que se foram em busca de novas conquistas, mas que fizeram parte de minha história e dividiram alegrias, responsabilidades, crescimento, dúvidas, aprendizado e conquistas.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS.....	viii
LISTA DE FIGURAS.....	x
RESUMO.....	xi
ABSTRACT.....	xiii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. OBJETIVOS.....	4
2.1. Objetivo Geral.....	4
2.2. Objetivos Específicos.....	4
3. REFERENCIAL TEÓRICO.....	6
3.1. Interação Genótipos ambientes.....	6
3.2. Normas de Reação.....	8
3.3. Gradiente Ambiental.....	10
3.4. Inferência Bayesiana.....	11
3.4.1. Introdução à Inferência Bayesiana.....	11
3.4.2. Inferência Bayesiana no Modelo Linear Misto.....	13
3.4.3. Vantagens e Desvantagens da Análise Bayesiana.....	16
3.4.4. Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC).....	17
3.4.4.1. Algoritmo de Metropolis-Hastings.....	17
3.4.4.2. Amostrador de Gibbs (Gibbs Sampler).....	18
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	20
4.1. Descrição do Banco de Dados.....	20
4.1.1. Definição do Gradiente Ambiental.....	21
4.2. Modelos de Normas de Reação.....	23
4.2.1. Modelos de Normas de Reação em Dois Passos.....	23
4.2.2. Modelos de Normas de Reação em Um Passo.....	24
4.2.3. Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos.....	26
4.2.4. Método para Comparação e Escolha do Modelo.....	27
4.2.4.1. Critério de Informação da Deviance.....	28
4.2.4.2. Pseudo Fator de Bayes.....	29
4.2.4.3. Fatores de Bayes.....	30
4.3. Análise de Convergência.....	31

4.3.1. Gráficos de Traço.....	32
4.3.2. Diagnóstico de Geweke	33
4.3.3. Método de Raftery e Lewis.....	34
4.4. Recursos Computacionais.....	35
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
5.1. Estatísticas Descritivas do banco de dados	37
5.2. Convergência das cadeias	40
5.3. Estimativas dos Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos	46
5.4. Escolha e Inferências do Modelo de Normas de Reação	53
6. CONCLUSÕES	58
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	59
APÊNDICE.....	65
ANEXO	70

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Código e nome das regiões de produção presentes no estudo. ...	22
Tabela 2: Número de animais por região produtora da raça Nelore Mocho.	37
Tabela 3: Medidas descritivas da característica peso à desmama por região e geral, considerando todas as regiões.	39
Tabela 4: Diagnóstico de Geweke para os componentes do modelo normas de reação em dois passos.....	41
Tabela 5: Método de Raftery e Lewis para os componentes do modelo normas de reação em dois passos.....	41
Tabela 6: Diagnóstico de Geweke para os componentes de variância do modelo animal, modelo normas de reação em dois passos e modelos de norma de reação em um passo.....	42
Tabela 7: Média, desvio-padrão e quantis para as estimativas dos componentes de variância e herdabilidade segundo o modelo animal.	46
Tabela 8: Média, desvio-padrão e quantis para as estimativas dos componentes de variância e herdabilidade segundo o modelo normas de reação em dois passos.....	47
Tabela 9: Média, desvio-padrão e quantis para as estimativas dos componentes de variância e herdabilidade segundo o modelo normas de reação em um passo.....	47
Tabela 10: Estimativas do efeito de ambiente (região), da variância genéticas e do coeficiente de herdabilidade considerando os modelos de normas de reação.	49
Tabela 11: Na diagonal, estimativas das variâncias genéticas em cada região, $\hat{\sigma}_g^2 \hat{X}$, abaixo da diagonal, estimativas das covariâncias entre os valores genéticos em duas regiões, $\hat{\sigma}_{g X_i,g X_k}$ e acima da diagonal, estimativas das correlações entre os valores genéticos em duas regiões, $\hat{r}_{g X_i,g X_k}$, para o modelo de normas de reação em dois passos.	51
Tabela 12: Na diagonal, estimativas das variâncias genéticas em cada região, $\hat{\sigma}_g^2 \hat{X}$, abaixo da diagonal, estimativas das covariâncias entre os	

valores genéticos em duas regiões, $\hat{\sigma}_{g|X_i,g|X_k}$ e acima da diagonal, estimativas das correlações entre os valores genéticos em duas regiões, $\hat{r}_{g|X_i,g|X_k}$, para o modelo de normas de reação em um passo..... 52

Tabela 13: Valores de DIC - Critério de Informação da Deviance, CPO - Ordenada Preditiva Condicional e FB - Fator de Bayes. 54

Tabela 14: *Ranking* dos vinte animais com maiores estimativas de valores genéticos por região, entre parêntese a classificação dos animais tendo como base a região 26 que contém o maior número de animais em estudo. 56

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Regiões de produção de gado de corte; (a) Mapa do Brasil; (b) Regiões em estudo.....	22
Figura 2 Número de animais por região produtora da raça Nelore Mocho.....	38
Figura 3: Variação do peso à desmama por região de produção.....	39
Figura 4: Gráficos de traço da convergência do modelo animal; (a) Estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_g^2$, (b) Estimativa da variância residual, $\hat{\sigma}_e^2$	43
Figura 5: Gráficos de traço da convergência do modelo de normas de reação em dois passos; (a) Estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_g^2$, (b) Estimativa da variância do intercepto da norma de reação, $\hat{\sigma}_a^2$, (c) Estimativa da variância da inclinação da norma de reação $\hat{\sigma}_b^2$, (d) Estimativa da variância residual, $\hat{\sigma}_e^2$	44
Figura 6: Gráficos de traço da convergência do modelo de normas de reação em um passo; (a) Estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_g^2$, (b) Estimativa da variância do intercepto da norma de reação, $\hat{\sigma}_a^2$, (c) Estimativa da variância da inclinação da norma de reação, $\hat{\sigma}_b^2$, (d) Estimativa da variância residual, $\hat{\sigma}_e^2$	45
Figura 7: Gráficos das estimativas da variância genética para cada região ($\hat{\sigma}_g^2 \hat{X}$); (a) $\hat{\sigma}_g^2 \hat{X}$ de acordo com o MNR em dois passos, (b) $\hat{\sigma}_g^2 \hat{X}$ de acordo com o MNR em um passo.	50
Figura 8: Gráfico da estimativa do coeficiente de herdabilidade para cada região ($\hat{h}_g^2 \hat{X}$), (a) $\hat{h}_g^2 \hat{X}$ de acordo com o MNR em dois passos, (b) $\hat{h}_g^2 \hat{X}$ de acordo com o MNR em um passo.	50
Figura 9: Normas de reação sob o modelo de normas de reação em um passo para os 20 animais melhores colocados no <i>ranking</i> com base nas estimativas dos valores genéticos do modelo animal.....	57

RESUMO

RODRIGUES, Daniele Tôrres, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2012. **Interação genótipos ambientes em animais via modelos de normas de reação.** Orientador: Antônio Policarpo Souza Carneiro. Coorientadores: Fabyano Fonseca e Silva, Marcos Deon Vilela de Resende e Paulo Luiz Souza Carneiro.

Uma questão básica no melhoramento genético animal é se a seleção dos animais praticada em um determinado ambiente resulta em progresso genético em outro tipo de ambiente. A presença de interação genótipos ambientes (IGA) é caracterizada pela resposta diferenciada dos genótipos às variações ambientais, o que pode ocasionar alteração na classificação dos genótipos nos diferentes ambientes. Dentre as formas de se avaliar a IGA, os modelos de norma de reação (MNR) têm se destacado, atualmente, em todo o mundo. O MNR linear é uma função de covariância que permite atribuir a cada animal, dois coeficientes de regressão aleatórios (intercepto e inclinação) que predizem o valor genético em função do ambiente. Assim, cada animal terá um valor genético predito para cada ambiente. Este estudo tem o objetivo de verificar a presença de IGA para peso à desmama em bovinos da raça Nelore Mocho criados em diferentes regiões produtoras no Nordeste do Brasil, utilizando o modelo de normas de reação. Ajustou-se dois modelos de normas de reação aos dados, MNR em dois passos e o MNR em um passo. O primeiro utiliza um modelo sem considerar a interação genótipos ambientes para obter estimativas dos efeitos de ambiente e em seguida as utiliza como uma covariável conhecida em um modelo de regressão aleatória e o segundo, sob o enfoque Bayesiano, estima todos os parâmetros simultaneamente. As análises foram realizadas

por meio dos softwares SAS, R, AMC e Intergen. Com base em dois dos três critérios utilizados para escolha do modelo, o que melhor se ajustou aos dados foi o MNR em um passo. Por meio deste modelo foi possível verificar a presença de interação genótipos ambientes e estimar o valor genético dos animais para cada região produtora do Nordeste, para a característica peso à desmama. Assim, é possível recomendar os reprodutores mais apropriados para cada ambiente estudado, capitalizando os efeitos da IGA.

ABSTRACT

RODRIGUES, Daniele Tôrres, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February 2012. **Genotype environment interaction in animals by models of reaction norms.** Adviser: Antônio Policarpo Souza Carneiro. Co-advisers: Fabyano Fonseca e Silva, Marcos Deon Vilela de Resende and Paulo Luiz Souza Carneiro.

A basic issue in animal genetic improvement is if the selection of animals practiced in a given environment results in genetic progress in other environment. The presence of genotype environment interaction (GEI) is characterized by different response of genotypes to environmental variations, which can cause change in the classification of the genotypes in different environments. Among the ways to evaluate the GEI, models of reaction norms (MRN) have been distinguished themselves worldwide today. The GEI is a linear covariance function that lets you assign to each animal, two random regression coefficients (intercept and slope) that predict the genetic value depending on the environment. Thus, each animal has a genetic value for each environment. This study aims to verify the presence of GEI for weaning weight in Nelore Mocho created in different regions of Brazilian northeast, using the model of reaction norms. It was adjusted two models of norms of reaction to the data, MRN in two steps and MRN in one step. The first uses a model without considering the genotype environment interaction to obtain estimates of the environment effects and then uses them as a known covariate in a random regression model. The second, under the Bayesian approach estimates all parameters jointly. The analyzes were conducted using software SAS, R, AMC and Intergen. Based on two of the three criteria used for choosing the model the was the MRN in one step. Through this model it was possible to verify the

presence of genotype environment interaction and to estimate the genetic value of animals for weaning weight in each producing region in the Northeast. Thus, it is possible to recommend the most appropriate sires for each environment studied, taking advantage of the GEI effects.

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético animal se processa com base na escolha correta daqueles que participam, ou melhor, daqueles aos quais é dada a possibilidade de participar do processo de constituição da geração seguinte. Isso vale para a escolha dos indivíduos que produzirão filhos, ou mesmo, para escolha de raças (EUCLIDES FILHO, 1999). Essa situação refere-se ao processo chamado seleção e é importante para melhoria de raças puras ou para cruzamentos.

Uma questão de interesse no melhoramento genético animal é se a seleção dos animais praticada em um determinado ambiente resulta em progresso genético em outro tipo de ambiente. Ou seja, a classificação dos animais (*rank*), com base nos seus valores genéticos, é a mesma em diferentes ambientes? Além disso, é de interesse averiguar quanto do melhoramento feito num dado ambiente poderá ser obtido se o genótipo for transferido para outro ambiente (FALCONER E MACKAY, 1996).

Segundo EUCLIDES FILHO (1999) a não linearidade da resposta de alguns genótipos à mudança de ambiente resulta na existência de fenótipos distintos como produtos desta interação. É dito existir interação entre genótipos e ambientes toda vez que a expressão de determinado genótipo for dependente do ambiente onde ele é avaliado.

A interação genótipos ambientes é de especial interesse quando se verifica que genótipos superiores em determinado ambiente podem não os serem em ambiente diferente. Essa interação pode também provocar

alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais e, conseqüentemente, resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente (ALENCAR et al., 2005). A IGA pode também causar heterogeneidade de variâncias e resultar em seleção equivocada de animais (MARTINS, 2002).

É de extrema importância estudos que investiguem a existência de interação genótipos ambientes no Brasil, visto que este apresenta grandes variações ambientais e uma diversidade de sistemas de produção principalmente para bovinos de corte, seja pela magnitude do uso de recursos, nível tecnológico, tamanho de rebanhos, tipo de manejo, clima e tipo de solo.

Dentre as formas de se avaliar a interação genótipos ambientes, o modelo de normas de reação (MNR) tem se destacado, atualmente, em todo o mundo. O MNR linear é uma função de covariância que permite atribuir a cada animal, dois coeficientes de regressão aleatórios (intercepto e inclinação) que predizem o valor genético em função do gradiente ambiental. Assim, cada animal terá um valor genético para cada ambiente, caracterizando e considerando a interação genótipos ambientes (IGA).

Em avaliações genéticas de animais os gradientes ambientais têm sido estimados a partir de complexos e desconhecidos efeitos ambientais, como, rebanho, ano, estação de nascimento, manejo, região, etc, ou combinações destes fatores definidos como grupos de contemporâneos. Não havendo um consenso da melhor alternativa para definir o gradiente ambiental.

No Brasil, ainda são poucos os estudos utilizando MNR para estudo de IGA para características de peso de bovinos da raça Nelore Mocho, especialmente em avaliações genéticas da região Nordeste, o que torna o desenvolvimento deste estudo de extrema importância, principalmente devido às grandes variações ambientais da região Nordeste.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo Geral

Verificar a presença de interação genótipos ambientes para peso à desmama em bovinos da raça Nelore Mocho criados no Nordeste do Brasil, utilizando o modelo de normas de reação.

2.2. Objetivos Específicos

Ajustar dois modelos de normas de reação, em dois passos e em um passo, considerando as regiões produtoras do Nordeste como gradiente ambiental.

Avaliar, por meio de três critérios de escolha de modelos, qual modelo se ajusta melhor aos dados de peso à desmama.

Estimar os valores genéticos dos animais nas diferentes regiões produtoras mediante o modelo de normas de reação.

Comparar a classificação dos animais nas diferentes regiões produtoras com base no modelo de normas de reação.

Estimar a variância genética aditiva, residual e herdabilidade em função do gradiente ambiental.

Estimar as covariâncias e correlações genéticas através os diferentes ambientes.

3. REFERENCIAL TEÓRICO

3.1. Interação Genótipos ambientes

De acordo com FALCONER e MACKAY (1996) a IGA é o termo usado para descrever o fenômeno que ocorre quando um conjunto de genótipos muda sua performance relativa em ambientes diferentes. A IGA é caracterizada pela mudança no desempenho de uma característica de dois ou mais genótipos medidos em dois ou mais ambientes. Animais identificados com os melhores genótipos em um dado ambiente não terão o mesmo desempenho em outro ambiente. (BOWMAN, 1981 *apud* PÉGOLO, 2005)

O efeito do genótipo sobre o desempenho do animal em algumas situações depende do ambiente. Normalmente, o desempenho fenotípico (P) de um animal é definido como a soma do valor de seu efeito genotípico (G) e o valor de seu efeito ambiental (E). (CALUS, 2006).

$$P = G + E$$

Consequentemente, a variância fenotípica (σ_p^2) de uma característica é igual à soma das variâncias genotípica (σ_g^2) e ambiental (σ_e^2).

$$\sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2$$

A existência de interação genótipos ambientes resulta na modificação da expressão anterior, que se transforma em:

$$P = G + E + GE,$$

em que, GE representa a interação genótipos ambientes.

Assim, a variância fenotípica (σ_p^2) é igual à soma das variâncias genotípica (σ_g^2), ambiental (σ_e^2) e interação genótipos ambientes (σ_{ge}^2).

$$\sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{ge}^2$$

Quanto mais distantes forem os genótipos e/ou os ambientes mais heterogêneos, mais fácil será de identificar a existência de interação. Essa interação pode se expressar de diferentes formas e com diferentes intensidades. De acordo com CALUS (2006), a IGA resulta em três efeitos: 1) heterogeneidade de variâncias genéticas entre ambientes (também conhecido como efeitos de escala), 2) reclassificação (*reranking*) dos animais entre ambientes baseado em valores genéticos estimados, e 3) heterogeneidade de correlações entre duas ou mais características entre ambientes. Sendo a expressão mais extrema representada pela inversão de posicionamento (*reranking*) de um determinado genótipo com sua mudança para outro ambiente diferente daquele onde foi obtido o primeiro posicionamento.

De acordo com CORRÊA et al. (2007) a interação genótipos ambientes pode prejudicar o progresso genético das populações de bovinos de corte pelo uso inadequado de reprodutores, assim é de fundamental importância sua consideração nas avaliações genéticas.

3.2. Normas de Reação

A Norma de Reação (NR) de um genótipo é a mudança sistemática na expressão média fenotípica que ocorre em resposta a uma mudança no gradiente ambiental. Esta descrição empírica pode ser modelada como se segue: a NR em si é uma função, com o valor do gradiente ambiental como argumento e o valor genotípico da característica como um valor da função. (DE JONG, 1995).

A NR ($a + bX$) descreve o valor genotípico de um indivíduo como uma função contínua do ambiente (KOLMODIN, 2003) e expressa o fenótipo como uma função polinomial do valor ambiental em que os coeficientes polinomiais são assumidos estar sob influência genética (DE JONG, 1995).

Do ponto de vista estatístico, através do uso de funções de covariância (KIRKPATRICK et al., 1990), o modelo de normas de reação pode ser generalizado para um número infinito de ambientes, possibilitando-se estudar a norma de reação dos animais para variações gradativas no ambiente de produção, pela regressão do desempenho dos genótipos no valor médio do desempenho observado em cada ambiente (DE

JONG, 1995). A vantagem deste modelo é que a resposta à seleção pode ser predita não somente na expressão fenotípica em todo ambiente, mas também na sensibilidade ambiental da característica às mudanças no ambiente (DE JONG e BIJMA, 2002).

Em um MNR de regressão aleatória linear, segundo VALENTE (2007), atribui-se a cada animal avaliado, dois coeficientes de regressão aleatórios, o coeficiente linear também chamado intercepto, representado por a e coeficiente angular, b , que é a inclinação da reta da norma de reação que mede o aumento ou redução no desempenho do genótipo para cada ambiente X . A expressão $a + bX$ prediz o valor genético em função da qualidade do ambiente. Maiores valores de b significam maior sensibilidade ou capacidade de resposta à mudança ambiental.

Como a IGA pressupõe diferença de sensibilidade nos indivíduos avaliados e a magnitude do componente de variância atribuído ao coeficiente angular linear é a chave para avaliar a existência da interação. Altos valores pressupõem heterogeneidade de sensibilidades, ou seja, NRs com diferentes inclinações. Situações como esta apresentam modificações de variância genética ou até modificações na ordem de classificação dos animais avaliados nos diferentes pontos do intervalo de qualidade de ambientes considerados. Baixos valores pressupõem NRs quase paralelas entre si, sem modificações de variância genética aditiva e de ordem de classificação em diferentes ambientes.

3.3. Gradiente Ambiental

De acordo com SHARIATI (2007), gradientes ambientais são facilmente definidos em experimentos de laboratório com espécies como *Drosophila*, ou em experimentos de campo bem controlados com plantas. Em avaliações genéticas de animais, entretanto, os gradientes ambientais compreendem complexos e desconhecidos efeitos de fatores ambientais como rebanho, ano, estação de nascimento, manejo, região, etc, ou combinações destes fatores definidos como grupos de contemporâneos.

Como o gradiente ambiental é desconhecido, pode-se estimá-lo por meio de um modelo animal, como realizado por KOMOLDIN et al (2002), CALUS e VEERKAMP (2003) e CARDOSO et al.(2005) entre outros. E em seguida, utilizar estas estimativas como uma covariável conhecida em um modelo de regressão aleatória.

SU et al. (2006) propuseram, através da teoria bayesiana, estimar simultaneamente o gradiente ambiental e a norma de reação, ou seja, não sendo necessário utilizar os resultados dos efeitos ambientais estimados de uma análise prévia. Assim, a covariável é considerada desconhecida no modelo proposto e as soluções para este efeito são usadas como covariáveis para obter a norma de reação. Segundo esses autores o fato de considerar o gradiente ambiental como uma covariável conhecida poderia causar erros nas estimativas, devido ao valor genético ser definido em função do gradiente ambiental. Sendo assim, espera-se que esta metodologia minimize possíveis erros sobre os valores genéticos estimados.

3.4. Inferência Bayesiana

As aplicações da inferência bayesiana são inúmeras, em diferentes contextos e áreas. Neste estudo a inferência bayesiana foi aplicada ao melhoramento animal. Nesta secção será apresentada de forma resumida alguns tópicos da inferência bayesiana aqui utilizados. Porém, é necessário um conhecimento prévio da teoria bayesiana. Assim para maiores detalhes é sugestiva a leitura de EHLERS e RIBEIRO (2003), GAMERMAN e MIGON (1993), GIANOLA e FERNANDO (1986), entre outros.

3.4.1. Introdução à Inferência Bayesiana

A inferência Bayesiana aplicada ao melhoramento animal foi originalmente utilizada por GIANOLA e FERNANDO (1986). Os conceitos apresentados a seguir são reprodução do estudo destes dois autores.

Considere um vetor desconhecido θ , um conjunto de dados y e sua densidade conjunta $f(\theta, y)$. Pela teoria da probabilidade tem-se que:

$$f(\theta, y) = f(y|\theta)f(\theta)$$

e

$$f(\theta, y) = f(\theta|y)f(y)$$

em que, $f(\theta)$ e $f(y)$ são as densidades marginais de θ e y , respectivamente.

Combinando essas duas expressões, tem-se o Teorema de Bayes,

$$f(\theta|y) = \frac{f(y|\theta)f(\theta)}{f(y)}$$

Note que,

$$f(y) = \int_{R_\theta} f(\theta, y) d\theta = \int_{R_\theta} f(y|\theta)f(\theta) d\theta = E_\theta[f(y|\theta)],$$

isto é, $f(y)$ é uma função de verossimilhança ponderada sobre a distribuição de θ .

Como $f(y)$ não é uma função de θ , pode-se escrever,

$$f(\theta|y) \propto f(y|\theta)f(\theta),$$

ou seja, a densidade *a posteriori* conjunta de θ é proporcional a função de verossimilhança multiplicada pela densidade *a priori* de θ .

Considere um estudo em dois estágios para fazer inferência, coletando primeiro um vetor de informações y_1 e posteriormente um segundo vetor de informações y_2 , tem-se $y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix}$.

Então, a densidade *a posteriori* de θ dado y pode ser representada,

$$p(\theta|y) \propto p(y|\theta)p(\theta) \propto p(y_2|\theta)p(\theta|y_1),$$

em que,

$$p(\theta|y_1) = p(y_1|\theta)p(\theta),$$

é a densidade *a posteriori* de θ depois da análise de y_1 , mas passa a ser a nova densidade *a priori* de θ , quando y_2 é posteriormente analisado.

3.4.2. Inferência Bayesiana no Modelo Linear

Misto

No melhoramento animal são vastamente utilizados modelos lineares mistos, GIANOLA e FERNANDO (1986) demonstraram a derivação desses modelos sob o enfoque hierárquico de Bayes.

Suponha a seguinte função de verossimilhança,

$$y \sim N(X\beta + Zu, R)$$

ou

$$p(y|\beta u) = \frac{1}{(2\pi)^{n/2} |R|^{1/2}} \exp\left(-\frac{1}{2}(y - X\beta - Zu)'R^{-1}(y - X\beta - Zu)\right),$$

em que,

X e Z são matrizes conhecidas,

$R = I\sigma_e^2$, I é uma matriz identidade e σ_e^2 a variância residual,

β é o vetor de efeitos fixos, e

u é o vetor de efeitos aleatórios.

Especifica-se as *prioris* baseadas em distribuições normais para os parâmetros definida anteriormente,

$$\beta \sim p(\beta) \propto \exp\left(-\frac{1}{2}(\beta - \beta_o)'V_\beta^{-1}(\beta - \beta_o)\right),$$

em que V_β será normalmente diagonal se a pressuposição de independência *a priori* dos elementos de β for razoável e

$$u \sim p(u|G) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{q}{2}} \exp\left(-\frac{1}{2}u'G^{-1}u\right),$$

em que, q é a dimensão de u ; $G = A\sigma_u^2$, com A sendo uma matriz de parentesco e σ_u^2 a variância genética aditiva.

Assumindo que β_o e V_β , e também R e G , são conhecidos, pode-se obter a densidade *a posteriori* conjunta de β e u , como:

$$p(\beta, u|R, G, \beta_o, V_\beta, y) \propto \exp\left(-\frac{1}{2}(y - X\beta - Zu)'R^{-1}(y - X\beta - Zu)\right) \\ \exp\left(-\frac{1}{2}u'G^{-1}u\right) \exp\left(-\frac{1}{2}(\beta - \beta_o)'V_\beta^{-1}(\beta - \beta_o)\right)$$

Tomando-se $\theta = \begin{bmatrix} \beta \\ u \end{bmatrix}$, tal que *a priori*, pode ser descrita por,

$$\theta|\theta_o, \Sigma \sim N\left(\theta_o = \begin{bmatrix} \beta_o \\ 0 \end{bmatrix}, \Sigma = \begin{bmatrix} V_\beta & 0 \\ 0 & G \end{bmatrix}\right),$$

A função de verossimilhança é descrita por,

$$p(y|R, \theta) \propto \exp\left(-\frac{1}{2}(y - W\theta)'R^{-1}(y - W\theta)\right),$$

em que, $W = [X \ Z]$. Então, pode-se escrever a densidade *a posteriori* de θ como:

$$\theta|y, R, \Sigma, \theta_o \sim N(\hat{\theta}, (W'R^{-1}W + \Sigma^{-1})^{-1}),$$

Uma expressão equivalente é:

$$\beta, u|y, R, \Sigma, \theta_o \sim N\left(\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} X'R^{-1}X + V_\beta^{-1} & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1}\right),$$

em que,

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X + V_\beta^{-1} & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'R^{-1}y + V_\beta^{-1}\beta_o \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}.$$

Devido as propriedades da distribuição normal,

$$\beta|y, R, \Sigma, \theta_o \sim N(\hat{\beta}, X'R^{-1}X + V_\beta^{-1})$$

e

$$u|y, R, \Sigma, \theta_o \sim N(\hat{u}, Z'R^{-1}Z + G^{-1})$$

Note que se a informação *a priori* sobre β é vaga, ou seja pouco informativa, mediante uma *priori* em β com elementos da diagonal em $V_\beta \rightarrow \infty$, portanto, com elementos da diagonal $V_\beta^{-1} \rightarrow 0$, as equações descritas anteriormente são as mesmas propostas por HENDERSON et al. (1959) e, portanto, as médias *a posteriori* de β e u são semelhantes com BLUE (*Best Linear Unbiased Estimator* - Melhor Estimador Linear não

Viesado) de β e BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor* - Melhor Preditor Linear não Viesado) de u , utilizando as equações de modelos mistos.

3.4.3. Vantagens e Desvantagens da Análise Bayesiana

A análise Bayesiana tem algumas vantagens em relação a análise frequentista, as principais delas são:

1. Possibilita intervalos de confiança exatos, uma vez que são construídos em relação a distribuição *a posteriori*;
2. Permite utilizar informação prévia, *priori*, a respeito do parâmetro de interesse;
3. Não é necessário supor que os dados são provenientes de uma distribuição normal;

Segundo ROSSI (2011), a principal desvantagem do método é depender de recursos computacionais, que, em certos casos, para alguns modelos demanda muito recurso. A obtenção das distribuições marginais por processos analíticos em alguns casos é impossível, assim, a obtenção da distribuição marginal *a posteriori* pode ser obtida por métodos computacionais, tal como o método amostrador de Gibbs (*Gibbs Sampler*), pertencente à classe de métodos denominada Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC). Por este ser um processo iterativo de amostragem, é necessário que a cadeia obtenha convergência.

3.4.4. Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC)

A idéia é obter uma amostra da distribuição *a posteriori* e calcular estimativas amostrais das características desta distribuição. Para isso, utiliza-se das técnicas de simulação iterativa, os valores são gerados de forma dependente, por isso, deve-se ter o cuidado com a convergência da cadeia. Os métodos MCMC mais utilizados são, o amostrador de Gibbs e o algoritmo de Metropolis-Hastings. A idéia básica é simular um passeio aleatório que converge para uma distribuição estacionária, que é a distribuição de interesse no problema.

3.4.4.1. Algoritmo de Metropolis-Hastings

O algoritmo de Metropolis-Hastings é o mais importante dos métodos MCMC, pois todos os outros são derivações dele. A idéia é gerar amostras de uma distribuição candidata ou proposta, para gerar uma cadeia MCMC.

Suponha que a cadeia esteja no estado θ e um valor θ' é gerado de uma distribuição proposta $q(\cdot|\theta)$. O novo valor θ' é aceito com probabilidade,

$$\alpha(\theta, \theta') = \min\left(1, \frac{\pi(\theta')q(\theta|\theta')}{\pi(\theta)q(\theta'|\theta)}\right)$$

em que π é a distribuição de interesse.

O algoritmo de Metropolis-Hastings pode ser desenvolvido nos seguintes passos:

1. Escolher o número n de etapas (número de simulações ou número de passos da cadeia);
2. Iniciar o contador de iterações t , fazendo $t = 0$;
3. Especificar um valor inicial $\theta^{(0)}$;
4. Gerar um novo valor θ' de uma distribuição proposta $q(\cdot | \theta)$. Esta distribuição proposta pode depender do estado atual da cadeia;
5. Calcular a probabilidade de aceitação $\alpha(\theta, \theta')$;
6. Gera $u \sim U(0,1)$ (*priori*);
7. Se $u \leq \alpha$ então aceite o novo valor e faça $\theta^{(t+1)} = \theta'$, caso contrário rejeite e faça $\theta^{(t+1)} = \theta$;
8. Incremente o contador de t para $t + 1$ e volte ao passo 4.

3.4.4.2. Amostrador de Gibbs (*Gibbs Sampler*)

O amostrador de Gibbs é apenas um caso especial do algoritmo de Metropolis-Hastings. Neste caso, o amostrador requer que as formas das distribuições condicionais sejam conhecidas. O algoritmo amostrador de Gibbs pode ser desenvolvido como:

1. Inicie o contador de iterações em $t = 0$ e defina o número n de iterações;
2. Especifique valores iniciais para $\theta^{(0)}$;

3. Avance t fazendo $t = t + 1$ e obtenha $\theta^{(t)}$ a partir de $\theta^{(t-1)}$ por geração sucessiva de valores, como:

$$\theta_1^{(t)} \sim \pi(\theta_1 | \theta_2^{(t-1)}, \theta_3^{(t-1)}, \theta_4^{(t-1)}, \dots, \theta_p^{(t-1)})$$

$$\theta_2^{(t)} \sim \pi(\theta_2 | \theta_1^{(t)}, \theta_3^{(t-1)}, \theta_4^{(t-1)}, \dots, \theta_p^{(t-1)})$$

$$\theta_3^{(t)} \sim \pi(\theta_3 | \theta_1^{(t)}, \theta_2^{(t)}, \theta_4^{(t-1)}, \dots, \theta_p^{(t-1)})$$

\vdots

$$\theta_p^{(t)} \sim \pi(\theta_p | \theta_1^{(t)}, \theta_2^{(t)}, \theta_3^{(t)}, \dots, \theta_{p-1}^{(t)})$$

4. Se $t = n$, encerrar;

5. Voltar ao passo 3.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Descrição do Banco de Dados

Os dados utilizados neste estudo são provenientes do controle de desenvolvimento ponderal da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). A característica avaliada foi o peso à desmama, ajustado aos 205 dias de vida de animais da raça Nelore Mocho criados em diferentes regiões produtoras no Nordeste do Brasil.

O banco de dados apresenta as seguintes características: identificação do animal; peso do animal aos 205 dias de vida; regime alimentar do animal aos 205 dias de vida; sexo do animal; identificação do pai; identificação da mãe; idade da vaca; município e região de produção.

O conjunto de dados era composto por 35.192 observações. Inicialmente, foi realizada uma análise descritiva, com a finalidade de obter um panorama geral e visualizar possíveis erros nos dados. Neste estudo, observou-se que os dados apresentavam valores negativos para a característica idade da vaca, valores discrepantes para característica peso à desmama, valores faltantes, entre outros problemas. Sendo assim, foram eliminados do conjunto de dados 10.588 observações. Além destas eliminações, foi descartado uma região produtora que contava com apenas 18 observações. O conjunto de dados final para as análises ficou constituído por 24.586 observações de peso à desmama.

4.1.1. Definição do Gradiente Ambiental

Para definição do gradiente ambiental foi levado em consideração o estudo feito por ARRUDA e SUGAI (1994). Os dois autores identificaram e caracterizaram regiões homogêneas produtoras de bovinos em todo o país. Para tal estudo, os autores de "Regionalização da Pecuária Bovina no Brasil" não só investigaram os recursos naturais como, clima, topografia, vegetação e solo, mas também observaram que os sistemas de produção, predominantes em cada região, são resultantes não apenas da disponibilidade de recursos naturais, mas de uma evolução guiada por aptidões locais e causas de natureza histórica, política e econômica.

ARRUDA e SUGAI (1994) deliberaram 9 regiões de produção (RP) para o nordeste brasileiro. O banco de dados do referido estudo tem informações em 7 destas, codificadas como: RP 21, RP 22, RP 25, RP 26, RP 27, RP 28 e RP 29. Sendo a RP 25 - Gado-Algodão eliminada do estudo por conter apenas 18 observações como mencionado anteriormente. Além dessas, o banco contém informações de uma região que se estende ao sudeste brasileiro, codificada como RP 35 - Itapetinga-Valadares. Esta região de produção se estende desde o vale do Rio Doce, no Espírito Santo e nordeste de Minas Gerais, até o vale do rio de Contas, a sudeste da Bahia. A Tabela 1 apresenta as regiões a serem estudados e a Figura 1 ilustra tais regiões.

Tabela 1: Código e nome das regiões de produção presentes no estudo.

Código região	Região
21	Oeste Baiano
22	Maranhão
26	Mata e Agreste
27	Sertão
28	Recôncavo Baiana
29	Serra Geral da Bahia
35	Itapetinga Valadares

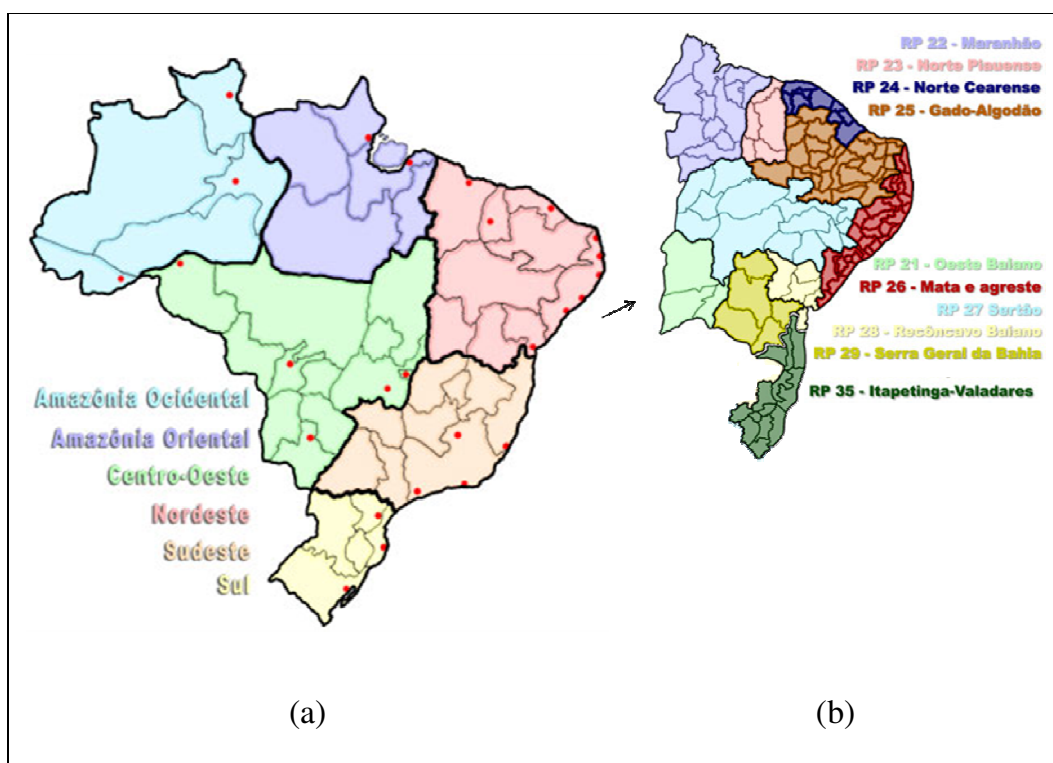


Figura 1: Regiões de produção de gado de corte; (a) Mapa do Brasil; (b) Regiões em estudo.

Fonte: ARRUDA e SUGAI, 1994.

4.2. Modelos de Normas de Reação

O modelo de normas de reação foi inicialmente proposto por KOLMODIN et al. (2002) e utiliza um modelo sem considerar a interação genótipos ambientes para obter estimativas dos ambientes e em seguida as utiliza como uma covariável conhecida em um modelo de regressão aleatória. Este modelo é comumente chamado de Modelo de Normas de Reação em dois passos. Após alguns anos SU et al. (2006) sugeriram um modelo, sob o enfoque Bayesiano, que estima todos os parâmetros conjuntamente. Este ficou conhecido como Modelo de Normas de Reação em um passo. A seguir será apresentada a metodologia desses dois modelos, utilizada no presente estudo.

4.2.1. Modelos de Normas de Reação em Dois

Passos

O modelo de normas de reação em dois passos foi ajustado da seguinte maneira:

1. Utilizou-se o modelo animal para obter uma estimativa de X_j , ou seja, \hat{X}_j .

2. Empregou-se \hat{X}_j como uma covariável conhecida em um modelo de regressão aleatória linear para o valor genético do animal i , como segue (CARDOSO et al., 2011):

$$y_{ij} = x_i' \beta + \phi \hat{X}_j + a_i + b_i \hat{X}_j + e_{ij}$$

em que:

y_{ij} : é a observação do animal i pertencente a região j ;

x'_i : vetor linha de incidência de efeitos fixos sobre o animal i ;

β : vetor coluna de efeitos fixos;

ϕ : coeficiente de regressão de efeito fixo comum a todos os animais;

a_i : é o intercepto aleatório da norma de reação do animal i ;

b_i : é o coeficiente de regressão linear aleatório ou inclinação da norma de reação do animal i no ambiente representado por X_j ;

e_{ij} : erro aleatório.

4.2.2. Modelos de Normas de Reação em Um Passo

Observe que o modelo de normas de reação em dois passos tem uma limitação, pois o mesmo utiliza as estimativas de uma covariável desconhecida como sendo o verdadeiro valor, sem considerar a incerteza das estimativas. Neste sentido, SU et al. (2006) sugeriram o modelo de normas de reação em um passo, dado pela seguinte expressão (CARDOSO, et al., 2011):

$$y_{ij} = x'_i\beta + X_j + a_i + b_iX_j + e_{ij}$$

Neste modelo, todos os parâmetros, β , X_j , a_i e b_i , são estimados conjuntamente, sob o enfoque Bayesiano. O modelo utilizado é representado matricialmente pela expressão:

$$y = X\beta + E\xi + Za + \Xi b + e,$$

em que:

y : é o vetor de observações;

β : vetor de efeitos fixos;

ξ : vetor de efeitos ambientais;

a : é o vetor de interceptos das normas de reação;

b : é o vetor de inclinações das normas de reação;

e : é o vetor de erros.

X, E, Z e Ξ : são matrizes de incidência.

Esse modelo corresponde a distribuição condicional:

$$y|\beta, \xi, a, b, R \sim N(X\beta + E\xi + Za + \Xi b, R)$$

em que R é a matriz de covariância residual. Neste estudo, assumiu-se que os resíduos são independentes e homocedástico, $R = I\sigma_e^2$, em que I representa uma matriz de identidade e σ_e^2 a variância residual.

Assumiu-se as distribuições *a priori* dos parâmetros:

$$p(\beta) \propto \text{constante},$$

$$\xi | \sigma_x^2 \sim N(0, I\sigma_x^2),$$

em que σ_x^2 é a variância do efeito ambiental, e

$$\begin{bmatrix} a \\ b \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{ab} \\ \sigma_{ab} & \sigma_b^2 \end{bmatrix} \otimes A \right),$$

Em que σ_a^2 e σ_b^2 são, respectivamente, as variâncias do intercepto e inclinação da norma de reação, σ_{ab} é a covariância entre o intercepto e inclinação da norma de reação e A representa a matriz de parentesco genético aditivo.

4.2.3. Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos

Os componentes de variância genética aditiva num dado ambiente X , $\sigma_g^2|X$, e os coeficientes de herdabilidade foram estimados da seguinte maneira:

$$\hat{\sigma}_g^2|\hat{X} = V(\hat{a}_i + \hat{b}_i\hat{X}) = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{X}^2\hat{\sigma}_b^2 + 2\hat{X}\hat{\sigma}_{ab}$$

e

$$\hat{h}_g^2|\hat{X} = \frac{\hat{\sigma}_g^2|\hat{X}}{\hat{\sigma}_g^2|\hat{X} + \hat{\sigma}_e^2|\hat{X}}$$

em que $\hat{\sigma}_e^2|\hat{X}$ é a variância residual no ambiente \hat{X} dada por $\hat{\sigma}_e^2|\hat{X} = \hat{\sigma}_e^2$ no modelo homocedástico.

A correlação entre intercepto e inclinação das normas pode ser dada por:

$$\hat{r}_{a,b} = \frac{\hat{\sigma}_{ab}}{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2\hat{\sigma}_b^2}}$$

O valor genético dos animais foi estimado somando-se a estimativa do intercepto \hat{a} com o produto das estimativas do coeficiente de inclinação \hat{b} pelo valor do nível ambiental, da seguinte maneira:

$$\hat{g}|X = \hat{a}_i + \hat{b}_i \hat{X}$$

As correlações entre valores genéticos em dois ambientes X_i e X_k foram estimadas por:

$$\hat{r}_{g|X_i, g|X_k} = \frac{\hat{\sigma}_{g|X_i, g|X_k}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{g|X_i}^2 \hat{\sigma}_{g|X_k}^2}}$$

em que a estimativa da covariância é dada por: $\hat{\sigma}_{g|X_i, g|X_k} = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{X}_i \hat{X}_k \hat{\sigma}_b^2 + 2(\hat{X}_i + \hat{X}_k) \hat{\sigma}_{ab}$.

4.2.4. Método para Comparação e Escolha do Modelo

Foram considerados dois modelos para analisar a interação genótipos ambientes. Assim, intuitivamente surge o seguinte questionamento: Qual o modelo mais apropriado para a análise em questão? Portanto, a escolha do modelo a ser utilizado para fazer inferências, torna-se um ponto essencial na Estatística.

Sob um enfoque bayesiano vários métodos de seleção de modelos são propostos na literatura. No presente trabalho, a comparação dos modelos foi feita a partir de três critérios, os mesmos são descritos nas próximas subsecções.

4.2.4.1. Critério de Informação da Deviance

O Critério de Informação da Deviance, do inglês *Deviance Information Criterion* (DIC), sob o enfoque Bayesiano, foi utilizado por SPIEGELHALTER et al. (2002). O DIC para um modelo M_i , utiliza como medida de qualidade de ajuste uma média global, ou seja, a média *a posteriori* da deviance obtida usando métodos de MCMC e uma penalização por complexidade do modelo, p_{Di} . Sendo o DIC calculado por:

$$DIC_i = \bar{D}(\theta)_i + p_{Di},$$

em que a média *a posteriori* da deviance é obtida por:

$$\bar{D}(\theta)_i = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m -2 \log p(y|\theta^{(j)}, M_i),$$

em que o termo $\theta^{(j)}$ indica os valores da amostra da distribuição *a posteriori* dos parâmetros no j -ésimo ciclo ($j = 1, 2, \dots, m$) para cada um dos modelos comparados. E a penalização por complexidade do modelo i , na forma de número efetivo de parâmetros, é:

$$p_{Di} = \bar{D}(\theta)_i - D(\bar{\theta})_i,$$

em que,

$$D(\bar{\theta})_i = -2 \log p(y|\bar{\theta}, M_i)$$

Sabe-se que $\bar{\theta}$ é a média *a posteriori* dos parâmetros.

Segundo SPIEGELHALTER et al. (2002), o DIC é uma medida de complexidade do modelo. Modelos com menores valores de DIC podem ser considerados mais adequados, pois apresentam ajuste ponderado pelo grau de complexidade. Os autores sugerem utilizar o seguinte critério para o módulo da diferença entre os valores de DIC de dois modelos, M_1 e M_2 analisados:

$$D = |DIC_{M_1} - DIC_{M_2}|,$$

se $D < 5$: não-significativo; se $5 \leq D \leq 10$: significativo e se $D > 10$: altamente significativo.

Observe que a quantidade Bayesiana DIC_i é análoga ao critério de Akaike (AIC) da abordagem frequêntista.

4.2.4.2. Pseudo Fator de Bayes

O Pseudo Fator de Bayes (PBF) é baseado na ordenada preditiva condicional, do inglês, *conditional predictive ordinate* (CPO). As CPO's são densidades de validação cruzada $p(y_k|y_{(k)})$, que sugerem quais valores de y_k são prováveis quando o modelo é ajustado a $y_{(k)}$, que é todo o

conjunto de observações exceto y_k . A CPO proporciona uma medida de ajuste para cada observação individualmente.

O CPO pode ser estimada por (GELFAND, 1996):

$$\widehat{CPO}_k = \hat{p}(y_k | y_{(k)}, M_i) = \frac{1}{\frac{1}{m} \sum_{j=1}^m p^{-1}(y_k | \theta^{(j)}, M_i)}$$

em que $\theta^{(j)}$ indica os valores da amostra da distribuição *a posteriori* dos parâmetros no j-ésimo ciclo ($j = 1, 2, \dots, m$). Maiores valores de \widehat{CPO} indicam melhor ajuste.

O PFB é dado pelo produtório da razão entre as CPO's de dois modelos:

$$PBF = \prod_{k=1}^n \frac{p(y_k | y_{(k)}, M_1)}{p(y_k | y_{(k)}, M_2)}$$

Se $PBF > 1$, seleciona-se o modelo M_1 , caso contrário o modelo M_2 .

4.2.4.3. Fatores de Bayes

O Fator de Bayes (BF) utiliza valores gerados pelos métodos MCMC para obter as distribuições marginais, $p(y|M_i)$. A expressão do Fator de

Bayes é dada pela razão entre as distribuições marginais de dois modelos (KASS e RAFFTERY, 1995):

$$BF = \frac{p(y|M_1)}{p(y|M_2)},$$

O $p(y|M_i)$ pode ser estimado por:

$$\hat{p}(y|M_i) = \frac{1}{\frac{1}{m} \sum_{j=1}^m p^{-1}(y|\theta^{(j)}, M_i)},$$

em que m é o número de ciclos e $\theta^{(j)}$ é a amostra da distribuição *a posteriori* dos parâmetros no ciclo j .

Em relação à interpretação do BF , segundo KASS e RAFFTERY (1995), se $BF > 1$, a indicação é de que o modelo do numerador é o melhor, se $BF < 1$, o modelo do denominador é o preferido, e se $BF = 1$, a qualidade dos dois modelos é a mesma.

4.3. Análise de Convergência

A análise de convergência é de fundamental importância na inferência bayesiana quando se faz uso dos métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC). Por este ser um processo iterativo de amostragem, as amostras são correlacionadas, assim, é necessário que a cadeia após algum tempo atinja uma distribuição estacionária, obtendo a convergência. A velocidade que se dá a convergência depende da complexidade do modelo,

da correlação *a posteriori* dos parâmetros e da autocorrelação entre as amostras consecutivas.

Existem diversos métodos de se avaliar a convergência de uma cadeia MCMC, os autores BROOKS e ROBERTS (1998) apresentam vários destes métodos. No referido estudo, utilizou-se de três métodos para avaliar a convergência da cadeia, gráficos de traço, diagnóstico de Geweke e o método de Raftery e Lewis. Além disso, gerou-se uma cadeia longa de 200.000 ciclos, sendo o período de descarte ou período de aquecimento (*burn in*) de 60.000, ou seja 30 % da cadeia, salvando os resultados a cada 10 amostras (*thinning*).

Nas subsecções 4.5.1., 4.5.2 e 4.5.3., são apresentadas a metodologia dos três métodos aqui utilizados, sendo o diagnóstico de Geweke e método de Raftery e Lewis realizados por meio do pacote BOA (*Bayesian Output Analysis*), no *software* R.

4.3.1. Gráficos de Traço

Os gráficos de traço dão uma idéia subjetiva da convergência de cada componente de variância de uma determinada cadeia. Os gráficos foram construídos utilizando os valores das amostras de cada componente versus o ciclo da cadeia, incluindo, a média dos valores das amostras de cada componente após o período de descarte, *burn in*, da cadeia como referência no gráfico. Segundo CARDOSO (2008), haverá indícios de convergência se a média cruzar pelo menos duas vezes a cadeia no período de descarte e após esse período a cadeia apresentar um comportamento

estacionário, ou seja, as amostras devem variar em torno da média sem tendência aparente.

4.3.2. Diagnóstico de Geweke

O diagnóstico de Geweke (1992) é de origem univariada e aplicável a uma única cadeia. A convergência é avaliada comparando-se a média da amostra obtida em um segmento no início da cadeia $\{x_{1,j}:j = 1, \dots, n_1\}$ com a média obtida em um segmento no final da cadeia $\{x_{2,j}:j = 1, \dots, n_2\}$. Geweke sugeriu que o tamanho do primeiro seguimento fosse de $n_1 = 0,1n$ (10% das amostras do início da cadeia) e o segundo $n_2 = 0,5n$ (50% das amostras do final da cadeia). O diagnóstico pode ser aplicado com outras opções, porém, só é válido se os dois segmentos possam ser considerados independentes. Assim, os segmentos escolhidos não devem sobrepor-se e devem estar distante o suficiente de forma a satisfazer a suposição de independência. A estatística de Geweke tem a seguinte expressão:

$$z = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{\sqrt{\frac{\hat{S}_1(0)}{n_1} + \frac{\hat{S}_2(0)}{n_2}}}$$

em que a estimativa de variância $\hat{S}(0)$ é calculada como a densidade espectral na frequência zero. Se os dois segmentos são da mesma distribuição estacionária, a distribuição limitante para essa estatística é uma

normal padrão. Assim, o valor-p pode ser calculado para essa estatística como uma medida de evidência contra os dois seguimentos. Note que o teste é baseado em um teste z bilateral de igualdade de médias, as hipóteses do testes são:

H_0 : Há convergência

H_1 : Não há convergência

Tem-se interesse em não rejeitar a hipótese nula, portanto, valor-p > 0,05 significa convergência. Caso a análise seja significativa, deve-se utilizar a ajuda do método de Raftery e Lewis que infere sobre o período de salvamento das amostras e número de descarte, *burn in*. Deve-se, então, gerar novas amostras levando em conta as informações obtidas pelo método e em seguida refazer o diagnóstico de Geweke.

4.3.3. Método de Raftery e Lewis

O método de Raftery e Lewis é útil quando uma determinada cadeia não apresenta convergência. O método estima o número de amostras MCMC necessárias para que o algoritmo apresente convergência, além disso, o método fornece alternativa do período de aquecimento, que se refere ao número de iterações que devem ser descartadas. Seu diagnóstico tem natureza univariada e é aplicável a uma única cadeia. Detalhes teóricos podem ser encontrados em RAFTERY e LEWIS (1992).

Os resultados fornecidos pelo método utilizando o pacote BOA, no *software* R, apresenta uma tabela contendo o número do intervalo em que as amostras deverão ser salvas (*thinning*), o período de descarte (*burn in*) e o número total de ciclos MCMC que devem ser computadas para que a

cadeia obtenha convergência, entre outras informações. Essa tabela apresenta resultados para todos os componentes de variância estimados do modelo proposto.

Vale ressaltar que a convergência só será computada quando as cadeias de todos os componentes de variância convergirem, assim, levou-se em consideração os maiores valores de *thin*, *burn in* e número total de ciclos para gerar novas amostras MCMC.

4.4. Recursos Computacionais

Para análise dos dados foram utilizados os softwares SAS - versão 9.0, AMC - versão 1.0, Intergen - versão 1.2. e R - versão 2.14. Os quatro programas são descritos a seguir.

O programa Intergen foi desenvolvido pela Embrapa Pecuária Sul (CARDOSO, 2008) com a capacidade de implementar modelos hierárquicos de Bayes e estimar os devidos parâmetros através dos métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov. O Intergen está disponível no endereço <http://www.cppsul.embrapa.br/unidade/servicos/intergen>. O programa é ativado por meio de uma janela do Command Prompt do DOS e é executado por um arquivo de parâmetros que contém informações sobre o conjunto de dados, pedigree e efeitos do modelo. Por meio deste programa ajustou-se os modelos: animal, normas de reação em dois passos e normas de reação em um passo.

Fez-se o uso do programa AMC (ROSO e SCHENKEL, 2006) para testar a conectabilidade das regiões com no mínimo 10 laços genéticos, sob um modelo animal. A conexão genética entre as regiões foi avaliada por

meio das ligações genéticas entre estas. O grau de conectabilidade baseou-se no número total de laços genéticos diretos entre uma região e outra, ocorrida quando existiam pais, mães ou algum antepassado em comum entre animais nas regiões.

O SAS foi utilizado para preparar o arquivo de saída do programa AMC e gerar um arquivo de pedigree que foi utilizado no programa Intergen. Após o ajuste do modelo animal no Intergen fez-se novamente uso do SAS, desta vez, para ler o arquivo de soluções dos efeitos ambientais do modelo animal e juntá-los ao conjunto de dados. Então, gerou-se um novo arquivo de dados para ajustar o modelo de normas de reação em dois passos no Intergen. As rotinas dessas etapas no SAS são habitualmente chamados de pré-intergen II e pre-intergen III e podem ser encontradas no manual do programa Intergen 1.0.

O R é um *software* estatístico livre e de código aberto. Utilizou-se do mesmo para checar a consistência dos dados através de análises descritivas e também para gerar tabelas e gráficos dos resultados dos modelos ajustados pelo Intergen. Além disso, fez-se o uso do pacote BOA (*Bayesian Output Analysis*) para realizar o diagnóstico de convergência para cada cadeia MCMC. O Anexo ilustra como usar o pacote BOA.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Estatísticas Descritivas do banco de dados

O primeiro procedimento realizado foi a análise descritiva dos dados. Por meio desta é possível obter um cenário geral do estudo. A seguir pode-se observar por meio da Tabela 2 e Figura 2 o número de animais por região produtora. Verifica-se que existe uma grande variação do número de animais por região produtora, sendo a região 26 a que contém o maior número de animais, quase 52% do banco de dados e as regiões 21, 27 e 29 as que contêm um menor número de animais, somando aproximadamente 5% do banco de dados.

Tabela 2: Número de animais por região produtora da raça Nelore Mocho.

Código região	Região	Número de animais
21	Oeste Baiano	312
22	Maranhão	2.884
26	Mata e Agreste	12.715
27	Sertão	380
28	Recôncavo Baiana	2.594
29	Serra Geral da Bahia	493
35	Itapetinga Valadares	5.208
Total		24.586

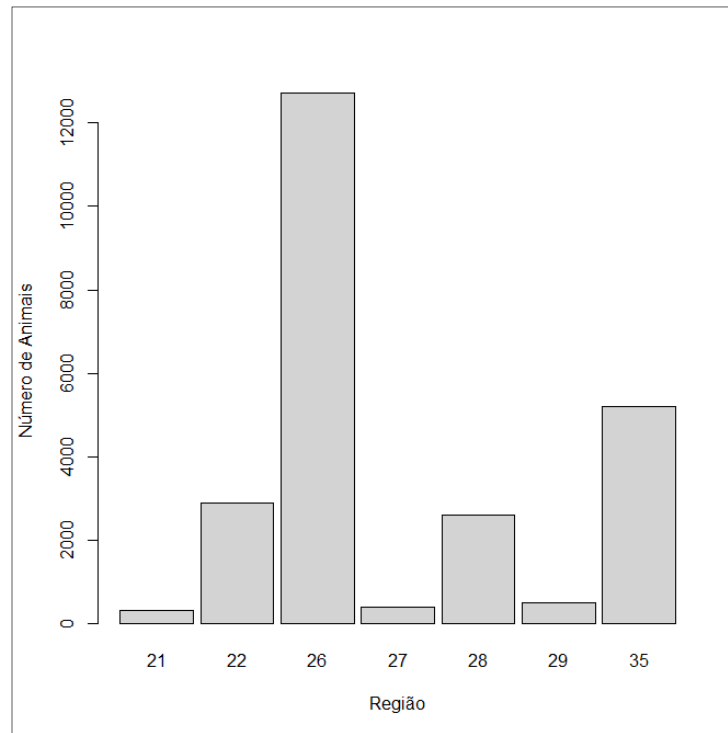


Figura 2 Número de animais por região produtora da raça Nelore Mocho.

Pode-se verificar na Tabela 3 algumas medidas descritivas da característica peso à desmama. Por meio destas, é possível estudar o comportamento do peso à desmama dentro de cada região produtora, como também o comportamento geral considerando todas as regiões, última linha da Tabela 3. Nota-se que os animais em estudo tem peso médio de 172,4 kg, com um desvio padrão médio de 30,4 kg. E estas foram próximas das encontradas por BERTAZZO et al. (2004), FRIDRICH et al. (2008) e TORAL et al. (2004), que estudaram peso à desmama na raça Nelore.

Observa-se que as regiões 28, 22, 29 apresentam maiores médias e medianas. A Figura 3 complementa as informações apresentadas pela Tabela 3. A mesma também apresenta o comportamento da variação de

todas as observações de peso à desmama dentro e entre cada região, em destaque (ponto de cor azul) encontra-se a média do peso para cada região.

Tabela 3: Medidas descritivas da característica peso à desmama por região e geral, considerando todas as regiões.

Região	Mínimo	0,25	0,5	0,75	Máximo	Média	Variância	Desvio Padrão
21	93	134	156	175	236	156,1	809,4	28,5
22	94	161	178	198	267	180,1	842,9	29,0
26	91	149	169	190	263	170,1	949,3	30,8
27	94	144	161	179	243	162,6	758,1	27,5
28	100	168	187	205	269	186,5	787,8	28,1
29	94	160	175	194	256	176,9	796,8	28,2
35	92	149	166	186	256	168,1	824,0	28,7
Geral	91	152	171	192	269	172,4	925,1	30,4

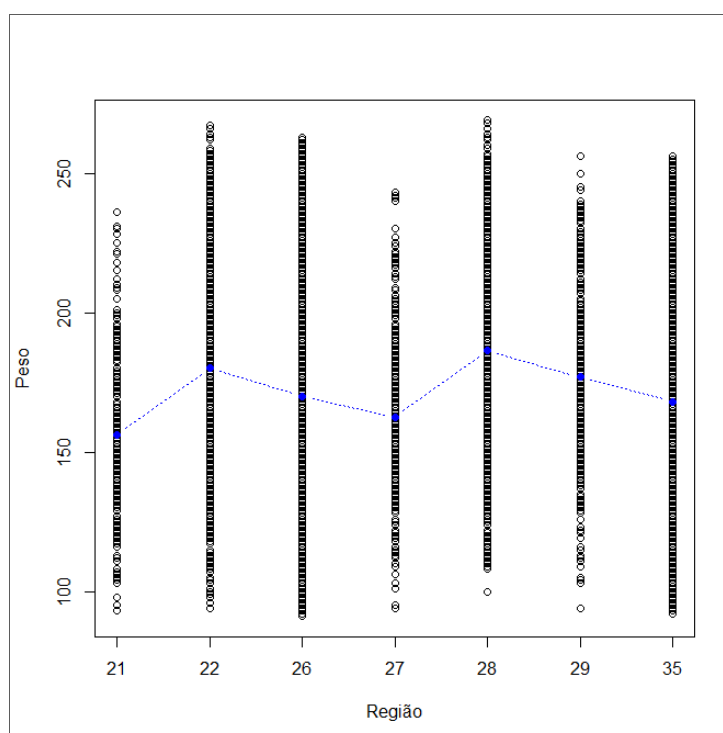


Figura 3: Variação do peso à desmama por região de produção.

Conforme se observou na Tabela 3 e Figura 3, existe variação dentro de cada região produtora para peso à desmama. Esta pode ter sido causada por diversos fatores, como por exemplo, diferenças genéticas entre os rebanhos, variações nas técnicas de manejo e cuidados nas coletas de dados dentro de cada região. Nota-se também variações entre as regiões quanto à média e o desvio-padrão do peso à desmama. A maior parte das diferenças observadas entre as regiões podem ser atribuída ao ambiente de criação dos animais. Esta situação pode acarretar diferentes estimativas de componentes de variâncias e, conseqüentemente, diferentes estimativas de parâmetros genéticos para cada região produtora em estudo.

5.2. Convergência das cadeias

Inicialmente, gerou-se uma cadeia longa de 200.000 ciclos com um período de *burn in* de 60.000 com um *thinning* de 10 amostras para os três modelos propostos. Verificou-se pelo diagnóstico de Geweke (Tabela 4) que o modelo de normas de reação em dois passos não obteve convergência, p valores $< 0,05$. Assim, fez-se o uso do método de Raftery e Lewis (Tabela 5) em que o mesmo proporcionou alternativas do número total de ciclos, *burn in* e *thinning* para que o algoritmo obtenha convergência. Como a convergência só é computada quando a cadeia de todos os componentes de variância convergirem, considerou-se os maiores valores de ciclo, *burn in* e *thinning*, apresentados pela Tabela 5 para gerar a nova cadeia MCMC do modelo de normas de reação em dois passos, ou

seja, a nova cadeia conteve de 299.800 ciclos após um período de *burn in* de 400 com um *thinning* de 60.

Tabela 4: Diagnóstico de Geweke para os componentes do modelo normas de reação em dois passos.

Estatística	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_b^2$	$\hat{\sigma}_e^2$
Z	-1,587	-5,992	-4,321	0,708
p valor	0,113	<0,000	<0,000	0,479

$\hat{\sigma}_g^2$: estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_a^2$: estimativa da variância do intercepto, $\hat{\sigma}_b^2$: estimativa da variância da inclinação, $\hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância residual.

Tabela 5: Método de Raftery e Lewis para os componentes do modelo normas de reação em dois passos.

Componentes	<i>Thinning</i>	<i>Burn in</i>	Ciclo
$\hat{\sigma}_g^2$	1	2	3.961
$\hat{\sigma}_a^2$	57	342	299.763
$\hat{\sigma}_b^2$	26	234	232.934
$\hat{\sigma}_e^2$	1	2	3.725

$\hat{\sigma}_g^2$: estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_a^2$: estimativa da variância do intercepto, $\hat{\sigma}_b^2$: estimativa da variância da inclinação, $\hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância residual

Após gerar a nova cadeia para o modelo de normas de reação em dois passos seguindo as informações da segunda linha da Tabela 5, novamente, aplicou-se o diagnóstico de Geweke. A Tabela 6 apresenta esse diagnóstico para todos os modelos em estudo. Por meio desta é possível verificar a convergência de todos os componentes em todos os modelos, p valores > 0,05.

Tabela 6: Diagnóstico de Geweke para os componentes de variância do modelo animal, modelo normas de reação em dois passos e modelos de norma de reação em um passo.

Modelo	Estatística	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_b^2$	$\hat{\sigma}_e^2$
Animal	Z	-0,310	-	-	0,405
	p valor	0,756	-	-	0,686
NR em dois passos	Z	0,542	0,831	-1,878	0,432
	p valor	0,588	0,406	0,060	0,666
NR em um passo	Z	0,343	-0,930	0,473	0,205
	p valor	0,732	0,352	0,636	0,837

$\hat{\sigma}_g^2$: estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_a^2$: estimativa da variância do intercepto, $\hat{\sigma}_b^2$: estimativa da variância da inclinação, $\hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância residual.

A análise de convergência com base nos gráficos de traços estão apresentadas nas Figuras 4, 5 e 6, para o modelo animal, modelo de normas de reação em dois passos e modelo de normas de reação em um passo, respectivamente. Pode-se observar nos gráficos o comportamento das amostras ao longo da cadeia. Após o período de *burn in* as amostras variam em torno da média, evidenciando convergência.

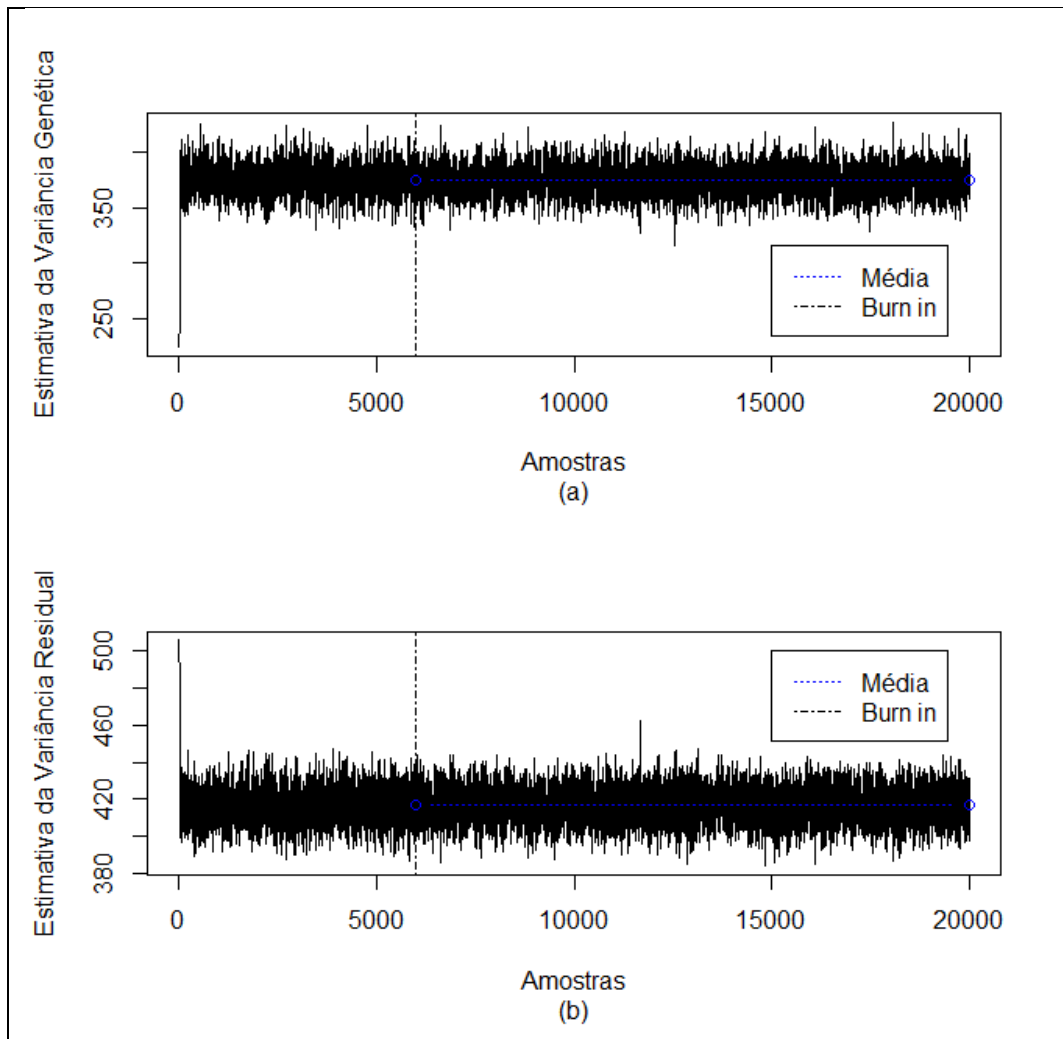


Figura 4: Gráficos de traço da convergência do modelo animal; (a) Estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_g^2$, (b) Estimativa da variância residual, $\hat{\sigma}_e^2$.

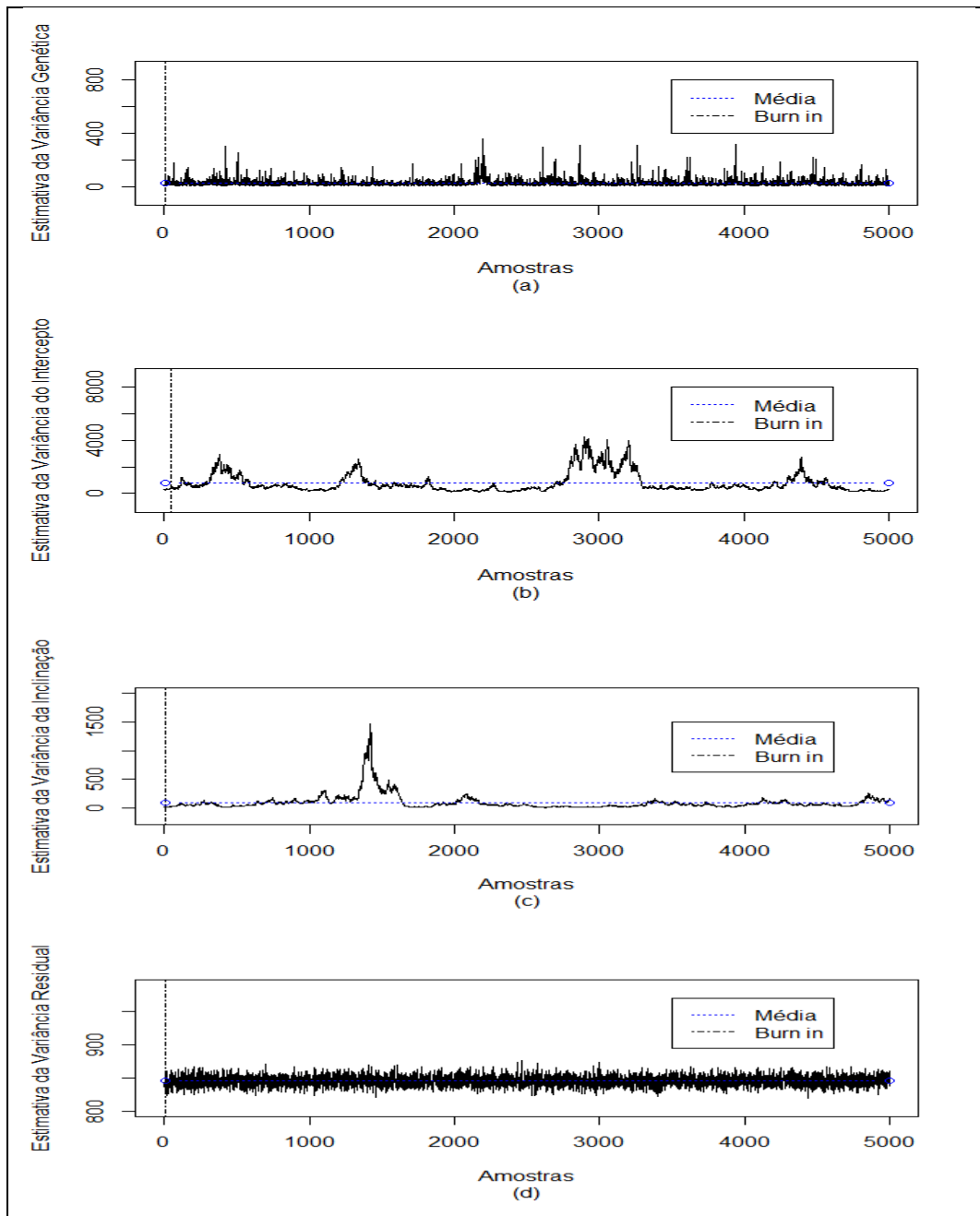


Figura 5: Gráficos de traço da convergência do modelo de normas de reação em dois passos; (a) Estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_g^2$, (b) Estimativa da variância do intercepto da norma de reação, $\hat{\sigma}_a^2$, (c) Estimativa da variância da inclinação da norma de reação $\hat{\sigma}_b^2$, (d) Estimativa da variância residual, $\hat{\sigma}_e^2$.

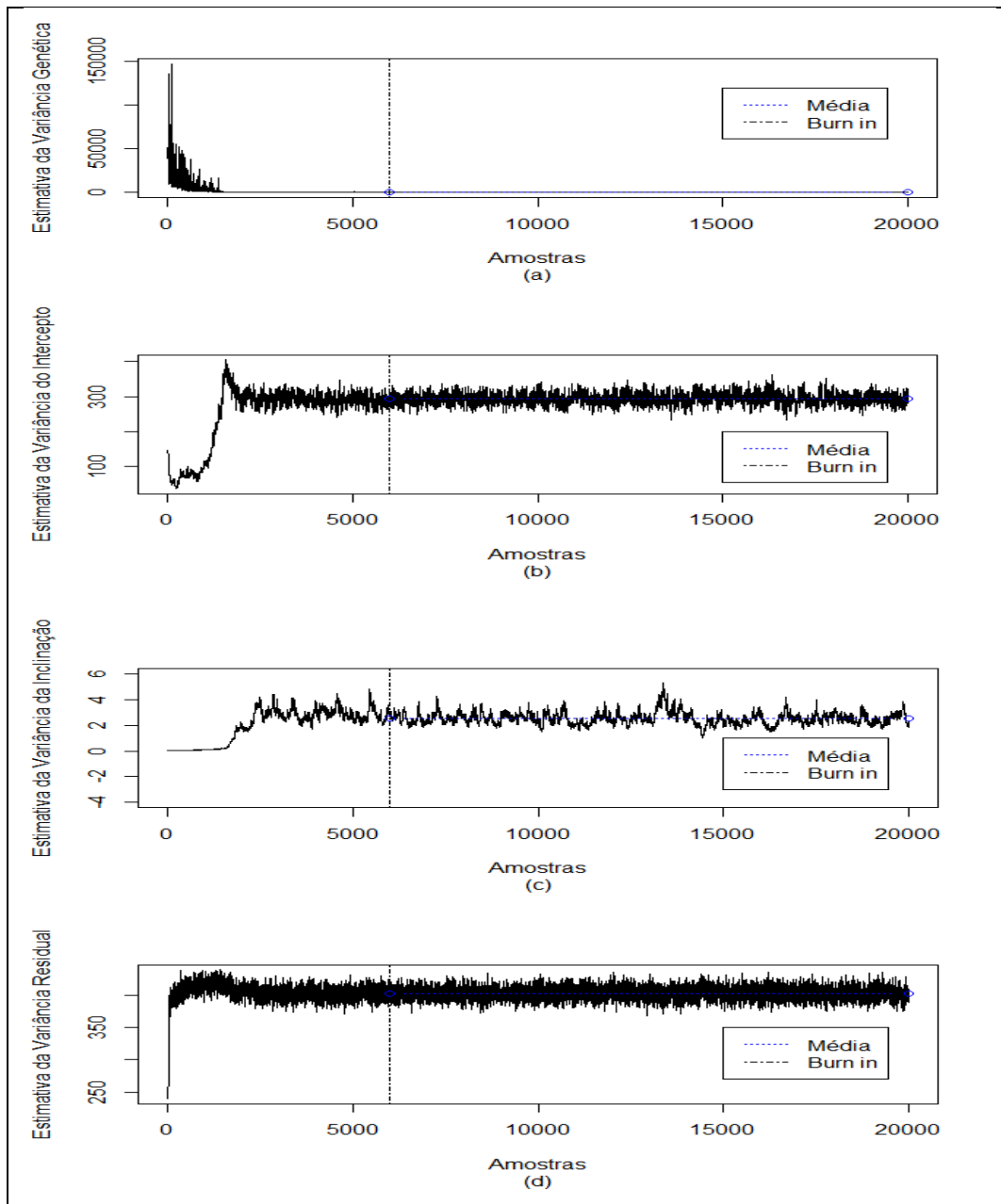


Figura 6: Gráficos de traço da convergência do modelo de normas de reação em um passo; (a) Estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_g^2$, (b) Estimativa da variância do intercepto da norma de reação, $\hat{\sigma}_a^2$, (c) Estimativa da variância da inclinação da norma de reação, $\hat{\sigma}_b^2$, (d) Estimativa da variância residual, $\hat{\sigma}_e^2$.

5.3. Estimativas dos Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos

As estimativas dos componentes de variância foram obtidas por meio das médias de suas respectivas distribuições *a posteriori*. Valores próximos entre média, mediana e moda evidenciam a aproximação da distribuição *a posteriori* com a distribuição normal. Os gráficos das densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de variância estimados para o peso à desmama podem ser observados no Apêndice.

Nas Tabela 7, 8 e 9 estão apresentadas as médias, desvios-padrão, variâncias e quantis das distribuições *a posteriori* dos componentes de variância e herdabilidade, no ambiente $X = 0$, obtidas para os modelos: animal, normas de reação em dois passos e normas de reação em um passo, respectivamente.

Tabela 7: Média, desvio-padrão e quantis para as estimativas dos componentes de variância e herdabilidade segundo o modelo animal.

Componentes	Média	Desvio Padrão	Variância	0,025	0,5	0,975
$\hat{\sigma}_g^2$	374,30	12,49	156,04	350,23	374,35	399,20
$\hat{\sigma}_e^2$	416,72	8,71	75,90	399,96	416,70	433,73
\hat{h}_g^2	0,47	0,01	0,00	0,45	0,47	0,50

$\hat{\sigma}_g^2$: estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância residual, \hat{h}_g^2 : estimativa da herdabilidade.

Tabela 8: Média, desvio-padrão e quantis para as estimativas dos componentes de variância e herdabilidade segundo o modelo normas de reação em dois passos.

Componentes	Média	Desvio Padrão	Variância	0,025	0,5	0,975
$\hat{\sigma}_g^2$	28,12	24,97	623,61	8,00	21,45	89,95
$\hat{\sigma}_a^2$	768,45	726,42	527687,88	152,32	495,51	2898,57
$\hat{\sigma}_b^2$	97,98	129,51	16772,04	15,□2	62,41	392,88
$\hat{\sigma}_e^2$	845,44	7,60	57,72	830,82	845,41	860,53
\hat{h}_g^2	0,40	0,17	0,03	0,15	0,37	0,77

$\hat{\sigma}_g^2$: estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_a^2$: estimativa da variância do intercepto, $\hat{\sigma}_b^2$: estimativa da variância da inclinação, $\hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância residual, \hat{h}_g^2 : estimativa da herdabilidade.

Tabela 9: Média, desvio-padrão e quantis para as estimativas dos componentes de variância e herdabilidade segundo o modelo normas de reação em um passo.

Componentes	Média	Desvio Padrão	Variância	0,025	0,5	0,975
$\hat{\sigma}_g^2$	60,64	44,25	1958,21	19,81	49,00	171,20
$\hat{\sigma}_a^2$	293,55	15,60	243,27	263,51	293,34	324,68
$\hat{\sigma}_b^2$	2,54	0,49	0,24	1,75	2,49	3,67
$\hat{\sigma}_e^2$	402,84	8,93	79,74	385,50	402,90	420,42
\hat{h}_g^2 :	0,42	0,02	0,00	0,39	0,42	0,45

$\hat{\sigma}_g^2$: estimativa da variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_a^2$: estimativa da variância do intercepto, $\hat{\sigma}_b^2$: estimativa da variância genética da inclinação, $\hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância residual, \hat{h}_g^2 : estimativa da herdabilidade.

Por meio das Tabelas 7, 8 e 9 observam-se valores próximos das médias e medianas dos componentes de variância, evidenciando simetria na distribuição *a posteriori*. Assim, a média pode ser usada como um valor representativo em torno do qual os dados se distribuem. Nestas análises,

isto foi constatado para os componentes $\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$ do modelo animal, para apenas o componente $\hat{\sigma}_e^2$ do modelo normas de reação em dois passos, e os componentes $\hat{\sigma}_a^2$, $\hat{\sigma}_b^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$ do modelo normas de reação em um passo. Em análises por amostragem via MCMC, as cadeias podem se mover lentamente em busca de uma distribuição de equilíbrio. Ainda que tenham atingido o equilíbrio, estas nem sempre apresentam distribuições simétricas, como pode ser visto em alguns gráficos de densidade no Apêndice.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade, 0,47, 0,40 e 0,42, foram semelhantes entre os três modelos em estudo. E estas foram próximas das encontradas por BERTAZZO et al. (2004), GRESSLER et al. (2005), MARTINS et al. (2000), PEREIRA et al. (2001), TORAL et al. (2004), entre outros que estudaram animais da raça Nelore.

A Tabela 10 apresenta as estimativas dos efeitos ambientais (regiões produtoras), das variâncias genéticas e herdabilidades para cada região em estudo. Observa-se que as estimativas de variância genética, nas regiões 22 - Maranhão, 35 - Itapetinga-Valadares e 29 - Serra Geral da Bahia apresentaram os maiores valores e, conseqüentemente, as maiores estimativas de herdabilidade, segundo o modelo de normas de reação em dois passos. De acordo com o modelo de normas de reação em um passo as regiões que apresentaram maiores estimativas de variância genética foram 21 - Oeste Baiano, 26 - Mata e Agreste e 27 - Sertão. Não houve muita diferença entre as demais regiões. As Figuras 7 e 8 ajudam a entender melhor as variações entre as regiões quanto as estimativas de variância genética e herdabilidade, respectivamente.

Tabela 10: Estimativas do efeito de ambiente (região), da variância genéticas e do coeficiente de herdabilidade considerando os modelos de normas de reação.

Modelo	Região (X)	\hat{X}	$\hat{\sigma}_g^2 X$	$\hat{h}_g^2 X$	$\hat{\sigma}_a^2 X$	$\hat{\sigma}_b^2 X^2$	$\frac{\hat{\sigma}_b^2 X^2}{\hat{\sigma}_a^2 X}$
NR em dois passos	35	-3,45	1936,18	0,70	768.45	1167.73	1.52
	29	-2,04	1176,66	0,58	768.45	408.21	0.53
	21	-0,44	787,77	0,48	768.45	19.32	0.03
	28	0,41	784,75	0,48	768.45	16.30	0.02
	26	0,87	843,24	0,50	768.45	74.79	0.10
	27	1,11	889,21	0,51	768.45	120.76	0.16
	22	3,76	2156,66	0,72	768.45	1388.21	1.81
NR em um passo	21	-10,07	551,12	0,58	293.55	257.57	0.88
	26	-7,21	425,46	0,51	293.55	131.91	0.45
	27	-7,14	423,02	0,51	293.55	129.47	0.44
	35	-3,49	324,46	0,45	293.55	30.91	0.11
	29	4,02	334,52	0,45	293.55	40.97	0.14
	28	4,52	345,47	0,46	293.55	51.92	0.18
	22	5,09	359,37	0,47	293.55	65.82	0.22

\hat{X} : estimativa do efeito ambiental (região), $\hat{\sigma}_g^2|X$: estimativa da variância genética dado a região, $\hat{h}_g^2|X$: estimativa do coeficiente de herdabilidade dado a região.

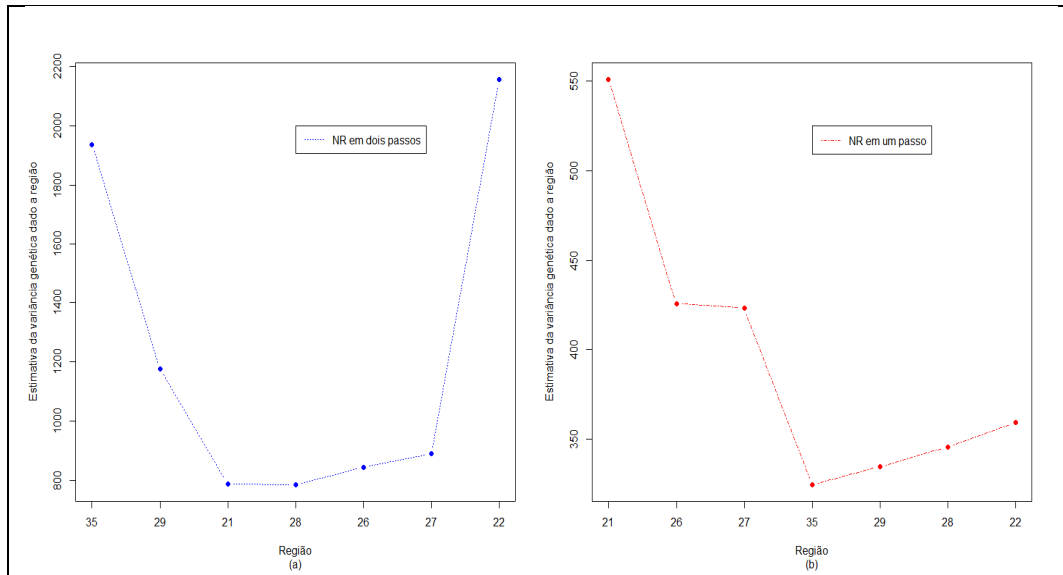


Figura 7: Gráficos das estimativas da variância genética para cada região ($\hat{\sigma}_g^2|\hat{X}$); (a) $\hat{\sigma}_g^2|\hat{X}$ de acordo com o MNR em dois passos, (b) $\hat{\sigma}_g^2|\hat{X}$ de acordo com o MNR em um passo.

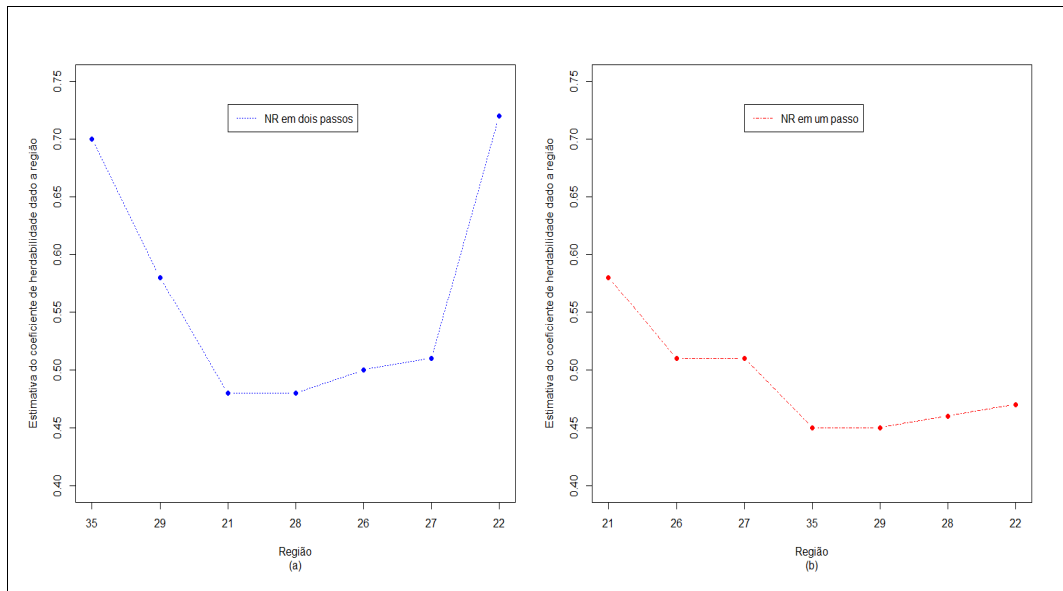


Figura 8: Gráfico da estimativa do coeficiente de herdabilidade para cada região ($\hat{h}_g^2|\hat{X}$), (a) $\hat{h}_g^2|\hat{X}$ de acordo com o MNR em dois passos, (b) $\hat{h}_g^2|\hat{X}$ de acordo com o MNR em um passo.

As Tabelas 11 e 12 apresentam na diagonal, em destaque, as estimativas da variância genética em cada região ($\hat{\sigma}_g^2|\hat{X}$). Abaixo da diagonal estão as estimativas das covariâncias entre os valores genéticos de duas regiões ($\hat{\sigma}_{g|X_i,g|X_k}$) e acima as correlações entre os valores genéticos de duas regiões ($\hat{r}_{g|X_i,g|X_k}$), respectivamente, para os modelos de normas de reação em dois passos e um passo.

Tabela 11: Na diagonal, estimativas das variâncias genéticas em cada região, $\hat{\sigma}_g^2|\hat{X}$, abaixo da diagonal, estimativas das covariâncias entre os valores genéticos em duas regiões, $\hat{\sigma}_{g|X_i,g|X_k}$ e acima da diagonal, estimativas das correlações entre os valores genéticos em duas regiões, $\hat{r}_{g|X_i,g|X_k}$, para o modelo de normas de reação em dois passos.

Região	21	22	26	27	28	29	35
21	787,77	0,46	0,90	0,86	0,95	0,89	0,74
22	604,70	2156,66	0,81	0,85	0,71	0,01	-0,25
26	730,44	1090,67	843,24	1,00	0,99	0,60	0,37
27	720,15	1177,88	863,49	889,21	0,97	0,53	0,30
28	750,71	918,88	803,37	812,82	784,75	0,71	0,51
29	857,25	15,66	593,72	546,43	686,88	1176,66	0,97
35	918,63	-504,76	472,92	392,94	630,48	1458,87	1936,18

Tabela 12: Na diagonal, estimativas das variâncias genéticas em cada região, $\hat{\sigma}_g^2|\hat{X}$, abaixo da diagonal, estimativas das covariâncias entre os valores genéticos em duas regiões, $\hat{\sigma}_{g|X_i,g|X_k}$ e acima da diagonal, estimativas das correlações entre os valores genéticos em duas regiões, $\hat{r}_{g|X_i,g|X_k}$, para o modelo de normas de reação em um passo.

Região	21	22	26	27	28	29	35
21	551,12	0,37	0,99	0,99	0,41	0,44	0,91
22	163,34	359,37	0,51	0,52	1,00	1,00	0,73
26	477,88	200,37	425,46	1,00	0,55	0,58	0,96
27	476,16	201,24	424,24	423,02	0,55	0,59	0,96
28	177,91	352,01	210,79	211,56	345,47	1,00	0,76
29	190,82	345,48	220,03	220,71	339,67	334,52	0,78
35	382,78	248,44	357,41	356,82	253,48	257,96	324,46

Verificam-se, Tabelas 11 e 12, que existem estimativas de correlações menores que 0,7 entre algumas regiões, fornecendo indícios de uma possível presença de interação genótipos ambientes do tipo complexa entre essas regiões. Como por exemplo, as regiões 21 (Oeste Baiano) e 22 (Maranhão) em que a estimativa da correlação foi de 0,46 (MNR em dois passos) e 0,37 (MNR em um passo), é possível que os animais identificados com os melhores genótipos na região 21 não apresentem o mesmo desempenho na região 22. Esta constatação poderá ser confirmada com maior segurança após a comparação entre as classificações dos animais nas diferentes regiões.

A estimativa da covariância entre o intercepto e inclinação ($\hat{\sigma}_{a,b}$) das normas de reação tendeu a zero, conseqüentemente a correlação entre estes dois parâmetros ($\hat{r}_{a,b}$) também tendeu a zero. Resultados semelhantes foram relatados pela literatura.

5.4. Escolha e Inferências do Modelo de Normas de Reação

Antes de prosseguir com os resultados é necessário escolher o modelo mais apropriado para se fazer inferências. A Tabela 13 apresenta os valores de DIC (Critério de Informação da Deviance), CPO (Ordenada Preditiva Condicional) e FB (Fator de Bayes) para cada modelo. Analisando os modelos de normas de reação em dois passos e um passo, observa-se que o primeiro apresenta menor valor de DIC, e, portanto, é melhor. Porém, o segundo proporciona maior valor tanto para o CPO quanto para o FB, e, portanto, é melhor segundo esses critérios. Assim, escolheu-se o modelo de normas de reação em um passo para fazer inferências. Os resultados de parâmetros genéticos, como por exemplo a estimativa de desvio padrão para herdabilidade, são mais atraentes sob esse modelo.

Tabela 13: Valores de DIC - Critério de Informação da Deviance, CPO - Ordenada Preditiva Condicional e FB - Fator de Bayes.

Modelos	DIC	CPO	FB
Animal	414.099,1	246.854,3	219.926,2
NR em dois passos	236.146,3	235.555,2	235.490,4
NR em um passo	413.327,4	246.731,5	249.227,1

Na Tabela 14 encontram-se os vinte animais melhores colocados no *ranking* com base nas estimativas de seus respectivos valores genéticos para cada região. Observa-se que os vinte animais melhores classificados para uma determinada região não são, necessariamente, os mesmos para outra região, ou seja, a classificação de alguns animais não são as mesmas em todas as regiões, indicando a presença de interação genótipos ambientes. Os animais 9240 e 24492 estão presentes entre os 20 animais melhores colocados em todas as regiões. Além disso, o animal 9240 é o mais estável ao ambiente de criação nas regiões 26, 22, 27 e 35, pois ele é o que apresenta menor estimativa da inclinação da norma de reação. Este também apresenta a maior estimativa para o intercepto da norma de reação em todas as regiões. Já nas regiões 29, 28 e 22 os mais estáveis são os animais 23306 e 17437 (ver Tabelas A e B no Apêndice). Nota-se, também, que as regiões 21 (Oeste Baiano), 26 (Mata e Agreste), 27 (Sertão) e 35 (Itapetinga-Valadares) aparentam ser mais homogêneas em relação a ordem de classificação dos animais. O mesmo acontece para as regiões 29 (Serra Geral da Bahia), 28 (Recôncavo Baiano) e 22 (Maranhão). Em suma, destaca-se o animal 31983 por ser o primeiro colocado no ranking em quatro regiões, e os animais 20767, 21247 e 24334 que estão entre as três melhores posições nas regiões 29, 28 e 22. Vale ressaltar que os resultados

esses resultados estão coerentes com os encontrados anteriormente por meio dos coeficientes de correlação genética entre as regiões produtoras

As normas de reação construídas sob o modelo de normas de reação em um passo foram construídas para os 20 animais melhores colocados no *ranking* com base nas estimativas dos valores genéticos do modelo animal. Essas podem ser observadas na Figura 9. A presença de interação genótipos ambientes pode ser percebida pela disposição das normas de reação que se cruzam entre si. Estes pontos de intersecção são indicativos de alteração na classificação dos animais.

Por meio da Figura 9 é possível verifica-se a presença de interação genótipos ambientes para algumas regiões, como por exemplo nas regiões 21 e 29, 26 e 28, 35 e 29, entre outras. Percebe-se também que não existe interação nas regiões 29, 28 e 22.

As conclusões feitas através da Tabela 14 e Figura 9 com base no *ranking* dos vinte melhores animais coincidem com os resultados encontrados por meio dos coeficientes de correlação, Tabela 12, em que foram apresentados altas estimativas de coeficientes nas regiões 29, 28 e 22, entre outras. E baixas estimativas de coeficientes nas regiões 21 e 22, 21 e 28, 21 e 29, 22 e 26, 22 e 27, 26 e 28, 26 e 29, 27 e 28, 27 e 29, indicando a presença de interação genótipos ambientes para estas regiões.

Tabela 14: *Ranking* dos vintes animais com maiores estimativas de valores genéticos por região, entre parêntese a classificação dos animais tendo como base a região 26 que contém o maior número de animais em estudo.

<i>Ranking</i>	Região						
	26	21	27	35	29	28	22
1	31983 (1)	31983 (1)	31983 (1)	31983 (1)	21247	21247	24334
2	25099 (2)	25099 (2)	25099 (2)	9240 (4)	24334	24334	21247
3	17775 (3)	17775 (3)	17775 (3)	24492 (5)	20767	20767	20767
4	9240 (4)	17606 (7)	9240 (4)	15646 (6)	9240 (4)	19697	23860
5	24492 (5)	27810 (8)	24492 (5)	17775 (3)	19697	23860	19697
6	15646 (6)	12781 (17)	15646 (6)	17701 (12)	23860	9240 (4)	22561
7	17606 (7)	15646 (6)	17606 (7)	25099 (2)	22771	22771	22771
8	27810 (8)	24492 (5)	27810 (8)	16604 (14)	22561	22561	9240 (4)
9	16347 (9)	9240 (4)	16347 (9)	16347 (9)	24492 (5)	8771	26037
10	22846 (10)	17513 (18)	22846 (10)	15006 (11)	22774	22774	8771
11	15006 (11)	21457 (20)	17701 (12)	22846 (10)	8771	26037	30723
12	17701 (12)	16347 (9)	15006 (11)	16363 (15)	23306	30723	22774
13	23175 (13)	19372	23175 (13)	19488	30723	23306	23306
14	16604 (14)	22846 (10)	16604 (14)	17606 (7)	26037	24492 (5)	13611
15	16363 (15)	31119 (19)	16363 (15)	27810 (8)	17437	17437	17437
16	24944 (16)	28979	24944 (16)	24944 (16)	16604 (14)	13611	24492 (5)
17	12781 (17)	26876	12781 (17)	25173	13611	30069	21624
18	17513 (18)	23175 (13)	17513 (18)	23175 (13)	17701 (12)	21624	30069
19	31119 (19)	22017	31119 (19)	21250	30069	22784	20759
20	21457 (20)	15006 (11)	21457 (20)	24864	22784	26045	26045

21 - Oeste Baiano, 26 - Mata e Agreste, 27 - Sertão, 35 - Itapetinga-Valadares, 29 - Serra Geral da Bahia, 28 - Recôncavo Baiano e 22 - Maranhão.

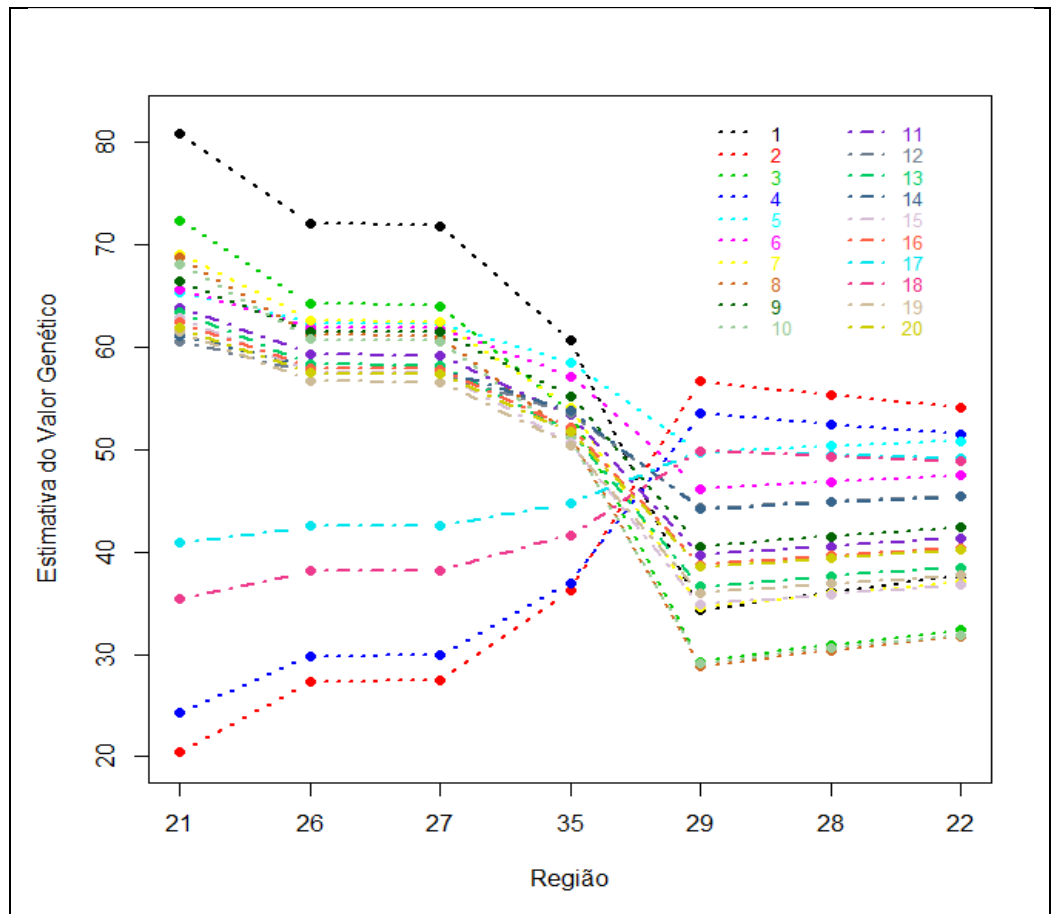


Figura 9: Normas de reação sob o modelo de normas de reação em um passo para os 20 animais melhores colocados no *ranking* com base nas estimativas dos valores genéticos do modelo animal.

6. CONCLUSÕES

Com base em dois dos três critérios utilizados para escolha de modelos, o que melhor se ajustou aos dados de peso à desmama na raça Nelore Mocho foi o modelo de normas de reação em um passo. Por meio deste modelo foi possível estudar a interação genótipos ambientes e estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos para cada região analisada.

Detectou-se a presença de interação genótipos ambientes para algumas das regiões estudadas, ou seja, as classificações dos animais com base nos seus valores genéticos não foram as mesmas nas diferentes regiões. Porém, é possível evidenciar, com base no *ranking* dos vinte melhores animais, que existem dois grupos de regiões homogêneas. O primeiro envolve as regiões 21 - Oeste Baiano, 26 - Mata e Agreste, 27 - Sertão e 35 - Itapetinga-Valadares. Já o segundo, as regiões 29 - Serra Geral da Bahia, 28 - Recôncavo Baiano e 22 - Maranhão.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.

ARRUDA, Z. J. de; SUGAI, Y. **Regionalização da pecuária bovina no Brasil**. Campo Grande: EMBRAPA-CNPGC; Brasília: EMBRAPA-SPI, 1994.

BERTAZZO, R. P.; FREITAS, R. T. F.; GONÇALVES, T. M.; PEREIRA, I. G.; ELLER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; OLIVEIRA, A. I. G.; ANDRADE, I. F. Parâmetros genéticos de longevidade e produtividade de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, 5, p. 111 8-11 27, 2004.

BROOKS, S. P.; ROBERTS, G. O. Convergence assessment techniques for Markov chain Monte Carlo. **Statistics and Computing**, v. 8, n. 4, p.319-335, 1998.

CALUS, M. P. L.; VEERKAMP, R. F. Estimation of environmental sensitivity of genetic merit for milk production traits using a random regression model. **Journal Dairy Science**, v.86, p.3756–3764. 2003.

CALUS, M. P. L. **Estimation of genotype × environment interaction for yield, health and fertility in dairy cattle**. Tese (PhD). Wageningen University, Wageningen, 2006.

CARDOSO, F. F., ROSA, G. J. M. et al. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal Of Animal Science**, v.83, n.8, p.1766-1779. 2005.

CARDOSO, F. F. **Manual de utilização do Programa INTERGEN – Versão 1.0 em estudos de genética quantitativa animal**. Embrapa Pecuária Sul. Bagé, p.74. (Documentos 74). 2008.

CARDOSO, L. L. Hierarchical Bayesian models for genotype x environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. . **Revista Brasileira de Zootecnia** , v. 40, n. 2, p. 294-300, 2011.

CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Efeito da Interação genótipos ambientes na avaliação genética de Bovinos de corte. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 13, n. 2, p. 153-159, 2007.

De JONG, G. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. **American Naturalist**, v.145, n.4, p.493-512. 1995.

DE JONG, G.; BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production Science**, v.78, p.195–214, 2002.

EHLERS, R. S.; RIBEIRO Jr., P. J.. **Introdução a Inferência Bayesiana**. 2003. Disponível em: < <http://leg.ufpr.br/~paulojus/CE227/ce227/ce227.html>>. Acesso em: 2 out. de 2011.

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil fundamentos, história e importância.** Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 1999. Disponível em: < <http://www.cnpqg.embrapa.br/publicacoes/doc/doc75/>>. Acesso em: 23 mar. de 2011.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T.F.C. *Introduction to Quantitative Genetics.* 4^a ed. Longman Group, Essex, UK, 1996.

FRIDRICH, A. B.; SILVA, M. A., VALENTE, B. D. et al. Interação genótipo-ambiente e estimativas de parâmetros genéticos dos pesos aos 205 e 365 dias de idade de bovinos Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária**, v.60, n. 4, p. 917-925, 2008.

GAMERMAN, D e MIGON, H. S.. **Inferência estatística: uma abordagem integrada.** Textos de métodos matemáticos do Instituto de Matemática, UFRJ, 1993.

GELFAND, A.E. Model determination using sampling based methods. In: GILKS, W.R.; RICHARDSON, S.; Spiegelhalter, D.J. (Ed.). **Markov chain Monte Carlo in practice.** London, UK: Chapman and Hall, p.145-162, 1996.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 63, n. 1, p. 217-244, July 1986.

GRESSLER, M. G. M.; PEREIRA, J. C. C.; BERGMANN, J. A. G.; ANDRADE, V. J.; PAULINO, M. F.; GRESSLER, S. L. Aspectos genéticos do peso à desmama e de algumas características reprodutivas

de fêmeas Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina e Veterinária e Zootecnia**, v. 57, n. 4, p. 533-538, 2005.

HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; VON KROSIGK, CM. The estimation of environmental and genetic trends from recoto culling. **Biometrics** (International Biometric Society) **15** (2): 192–218. doi:10.2307/2527669, 1959.

KASS, R.E.; RAFTERY, A.E. Bayes factors. **Journal of the American Statistical Association**, v.90, p.773-795, 1995.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.4, p.979-993. 1990.

KOLMODIN, R.; STRAMBERG, E.; MADSEN, P. et al. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia, Section A, Animal Science**, v.52, p.11-24, 2002.

KOLMODIN, R. **Reaction norms for the study of genotype by environment interaction in animal breeding**. Tese (PhD) – Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, 2003.

MARTINS, G. A.; MARTINS FILHO, R.; LIMA, F. A. M.; LOBO, R. N. B. Influência dos fatores genéticos e de meio sobre o crescimento de bovinos da raça Nelore no estado do Maranhão. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 1, p. 103-107, 2000.

MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002. p.205-214.

PÉGOLO, N. T. **Interação genótipos ambientes e sensibilidade ambiental em características de crescimento em bovinos de corte.** 71 f. Dissertação (Mestrado). Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2005.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Análise genética de algumas características reprodutivas e suas relações com o desempenho ponderal na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, n.6, p.720-727. 2001.

RAFTERY, A.E.; LEWIS, S. How many iterations in the Gibbs Sampler? In: BERNARDO, J.M.; BERGERE, J.O.; DAWID, A.P. et al. (Eds). **Bayesian statistics**. Oxford: Oxford University, p.763-773, 1992.

ROSO, V. M.; SCHENKEL, F. S. AMC – a computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: Instituto Prociência, 2006. Session 27-26. 1 CD-ROM.

R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>, 2012.

ROSSI, M. R. **Introdução aos métodos Bayesianos na análise de dados zootécnicos com uso do WinBUGS e R**. Maringá: Eduem, 2011.

SAS. **Statistical analysis systems user's guide**: Version 9.0. Cary, NC, USA: SAS Institute Inc., 2002.

SHARIATI, M.M. **Statistical aspects and application of reaction norm models**. Tese (PhD) – University of Copenhagen, Copenhagen, 2007.

SPIEGELHALTER, D. J.; BEST, N. G.; CARLIN, B. R.; VAN DER LINDE, A. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society Series B-Statistical Methodology**, Oxford, v. 64, n. 4, p. 583-616, 2002.

SU, G.; MADSEN, P.; LUND, M.S. et al. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal of Animal Science**, v.84, p.1651-1657, 2006.

TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.N. ET AL.. Interação genótipo x ambiente em características de crescimento em bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1445-1455. 2004.

VALENTE, B. D. **Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais Nelore das regiões Sudeste e Centro-Oeste**. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2007.

APÊNDICE

Densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de variância para ganho de peso à desmama segundo cada modelo proposto.

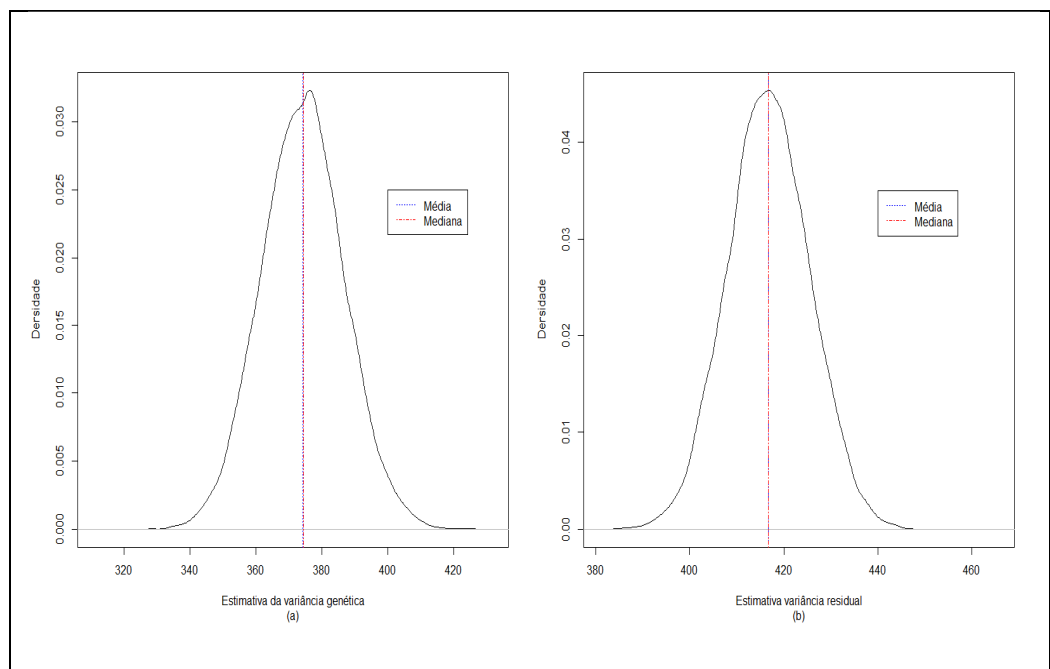


Figura A: Gráficos de densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de variância segundo o modelo animal; (a) $\hat{\sigma}_g^2$: estimativa da variância genética, (b) $\hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância residual.

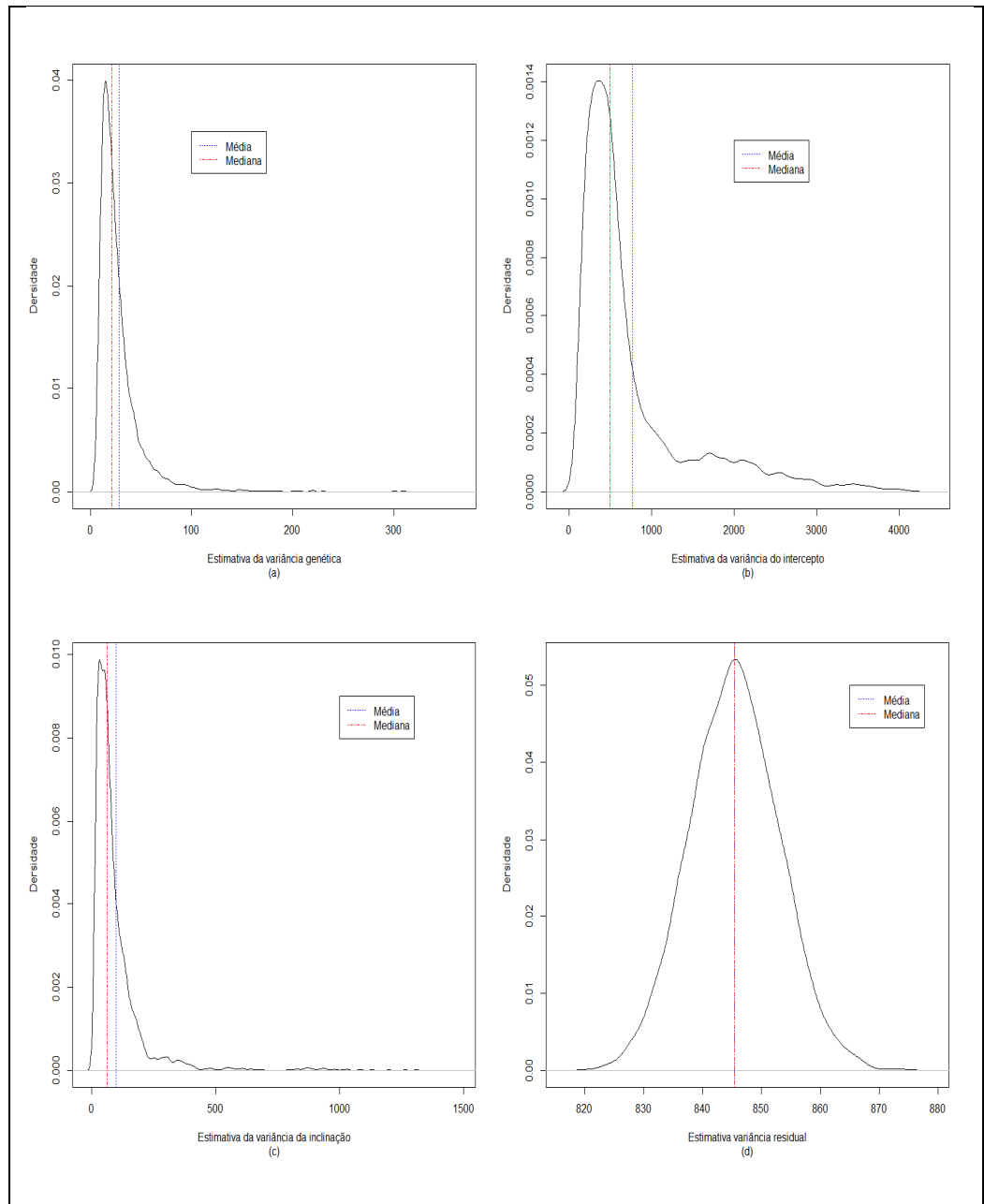


Figura B: Gráficos de densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de variância segundo o modelo normas de reação em dois passos; (a) $\hat{\sigma}_g^2$: estimativa da variância genética, (b) $\hat{\sigma}_a^2$: estimativa da variância do intercepto, (c) $\hat{\sigma}_b^2$: estimativa da variância da inclinação, (d) $\hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância residual.

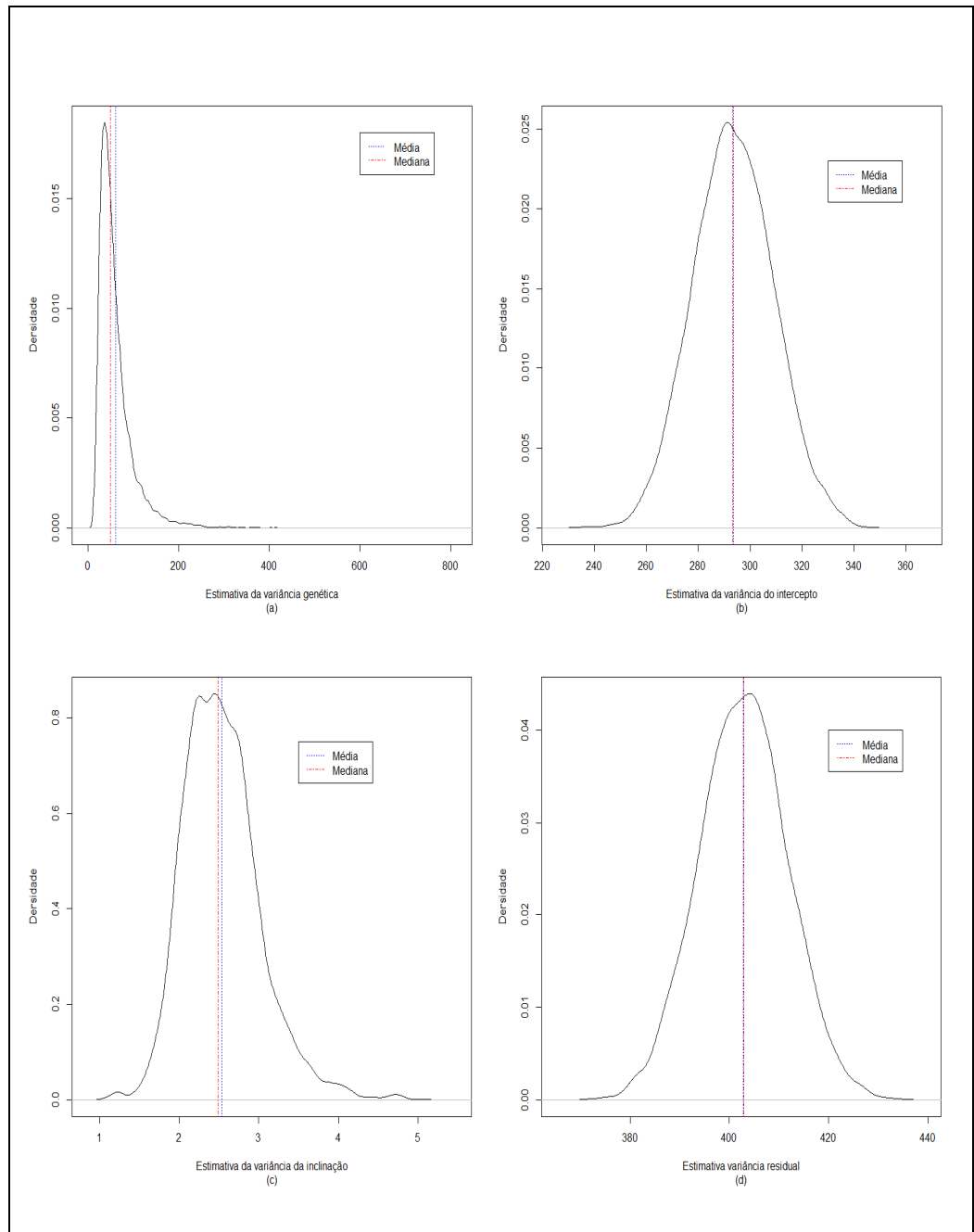


Figura C: Gráficos de densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de variância segundo o modelo normas de reação em um passo; (a) $\hat{\sigma}_g^2$: estimativa da variância genética, (b) $\hat{\sigma}_a^2$: estimativa da variância do intercepto, (c) $\hat{\sigma}_b^2$: estimativa da variância da inclinação, (d) $\hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância residual.

Tabela A: *Ranking* dos vintes animais com maiores estimativas de valores genéticos por região, entre parêntese a estimativa do intercepto da norma de reação.

<i>Ranking</i>	Região													
	26		21		27		35		29		28		22	
1	31983	(49,9)	31983	(49,9)	31983	(49,9)	31983	(49,9)	21247	(47,4)	21247	(47,4)	24334	(44,5)
2	25099	(43,7)	25099	(43,7)	25099	(43,7)	9240	(54,9)	24334	(44,5)	24334	(44,5)	21247	(47,4)
3	17775	(46,2)	17775	(46,2)	17775	(46,2)	24492	(52,6)	20767	(43,7)	20767	(43,7)	20767	(43,7)
4	9240	(54,9)	17606	(42,2)	9240	(54,9)	15646	(49,2)	9240	(54,9)	19697	(47,3)	23860	(44,3)
5	24492	(52,6)	27810	(42,2)	24492	(52,6)	17775	(46,2)	19697	(47,3)	23860	(44,3)	19697	(47,3)
6	15646	(49,2)	12781	(33,9)	15646	(49,2)	17701	(49,9)	23860	(44,3)	9240	(54,9)	22561	(45,0)
7	17606	(42,2)	15646	(49,2)	17606	(42,2)	25099	(43,7)	22771	(46,8)	22771	(46,8)	22771	(46,8)
8	27810	(42,2)	24492	(52,6)	27810	(42,2)	16604	(49,7)	22561	(45,0)	22561	(45,0)	9240	(54,9)
9	16347	(47,8)	9240	(54,9)	16347	(47,8)	16347	(47,8)	24492	(52,6)	8771	(41,6)	26037	(37,5)
10	22846	(45,6)	17513	(36,8)	22846	(45,6)	15006	(46,7)	22774	(45,0)	22774	(45,0)	8771	(41,6)
11	15006	(46,7)	21457	(36,6)	17701	(49,9)	22846	(45,6)	8771	(41,6)	26037	(37,5)	30723	(38,5)
12	17701	(49,9)	16347	(47,8)	15006	(46,7)	16363	(46,4)	23306	(44,9)	30723	(38,5)	22774	(45,0)
13	23175	(44,2)	19372	(38,0)	23175	(44,2)	19488	(46,7)	30723	(38,5)	23306	(44,9)	23306	(44,9)
14	16604	(49,7)	22846	(45,6)	16604	(49,7)	17606	(42,2)	26037	(37,5)	24492	(52,6)	13611	(41,3)
15	16363	(46,4)	31119	(41,5)	16363	(46,4)	27810	(42,2)	17437	(43,7)	17437	(43,7)	17437	(43,7)
16	24944	(44,9)	28979	(38,6)	24944	(44,9)	24944	(44,9)	16604	(49,7)	13611	(41,3)	24492	(52,6)
17	12781	(33,9)	26876	(39,2)	12781	(33,9)	25173	(46,8)	13611	(41,3)	30069	(42,2)	21624	(41,3)
18	17513	(36,8)	23175	(44,2)	17513	(36,8)	23175	(44,2)	17701	(49,9)	21624	(41,3)	30069	(42,2)
19	31119	(41,5)	22017	(38,1)	31119	(41,5)	21250	(44,5)	30069	(42,2)	22784	(43,3)	20759	(36,4)
20	21457	(36,6)	15006	(46,7)	21457	(36,6)	24864	(44,3)	22784	(43,3)	26045	(41,6)	26045	(41,6)

21 - Oeste Baiano, 26 - Mata e Agreste, 27 - Sertão, 35 - Itapetinga-Valadares, 29 - Serra Geral da Bahia, 28 - Recôncavo Baiano e 22 - Maranhão.

Tabela B: *Ranking* dos vintes animais com maiores estimativas de valores genéticos por região, entre parêntese a estimativa da inclinação da norma de reação.

<i>Ranking</i>	Região													
	26		21		27		35		29		28		22	
1	31983	(-3,1)	31983	(-3,1)	31983	(-3,1)	31983	(-3,1)	21247	(1,8)	21247	(1,8)	24334	(2,4)
2	25099	(-2,8)	25099	(-2,8)	25099	(-2,8)	9240	(-1,0)	24334	(2,4)	24334	(2,4)	21247	(1,8)
3	17775	(-2,3)	17775	(-2,3)	17775	(-2,3)	24492	(-1,3)	20767	(1,9)	20767	(1,9)	20767	(1,9)
4	9240	(-1,0)	17606	(-2,6)	9240	(-1,0)	15646	(-1,7)	9240	(-1,0)	19697	(0,7)	23860	(1,4)
5	24492	(-1,3)	27810	(-2,6)	24492	(-1,3)	17775	(-2,3)	19697	(0,7)	23860	(1,4)	19697	(0,7)
6	15646	(-1,7)	12781	(-3,2)	15646	(-1,7)	17701	(-1,1)	23860	(1,4)	9240	(-1,0)	22561	(1,0)
7	17606	(-2,6)	15646	(-1,7)	17606	(-2,6)	25099	(-2,8)	22771	(0,6)	22771	(0,6)	22771	(0,6)
8	27810	(-2,6)	24492	(-1,3)	27810	(-2,6)	16604	(-1,1)	22561	(1,0)	22561	(1,0)	9240	(-1,0)
9	16347	(-1,6)	9240	(-1,0)	16347	(-1,6)	16347	(-1,6)	24492	(-1,3)	8771	(1,4)	26037	(2,2)
10	22846	(-1,8)	17513	(-2,8)	22846	(-1,8)	15006	(-1,6)	22774	(0,6)	22774	(0,6)	8771	(1,4)
11	15006	(-1,6)	21457	(-2,8)	17701	(-1,1)	22846	(-1,8)	8771	(1,4)	26037	(2,2)	30723	(2,0)
12	17701	(-1,1)	16347	(-1,6)	15006	(-1,6)	16363	(-1,5)	23306	(0,5)	30723	(2,0)	22774	(0,6)
13	23175	(-1,8)	19372	(-2,6)	23175	(-1,8)	19488	(-1,4)	30723	(2,0)	23306	(0,5)	23306	(0,5)
14	16604	(-1,1)	22846	(-1,8)	16604	(-1,1)	17606	(-2,6)	26037	(2,2)	24492	(-1,3)	13611	(1,0)
15	16363	(-1,5)	31119	(-2,2)	16363	(-1,5)	27810	(-2,6)	17437	(0,5)	17437	(0,5)	17437	(0,5)
16	24944	(-1,7)	28979	(-2,4)	24944	(-1,7)	24944	(-1,7)	16604	(-1,1)	13611	(1,0)	24492	(-1,3)
17	12781	(-3,2)	26876	(-2,4)	12781	(-3,2)	25173	(-1,2)	13611	(1,0)	30069	(0,7)	21624	(0,9)
18	17513	(-2,8)	23175	(-1,8)	17513	(-2,8)	23175	(-1,8)	17701	(-1,1)	21624	(0,9)	30069	(0,7)
19	31119	(-2,2)	22017	(-2,4)	31119	(-2,2)	21250	(-1,7)	30069	(0,7)	22784	(0,5)	20759	(1,8)
20	21457	(-2,8)	15006	(-1,6)	21457	(-2,8)	24864	(-1,7)	22784	(0,5)	26045	(0,8)	26045	(0,8)

21 - Oeste Baiano, 26 - Mata e Agreste, 27 - Sertão, 35 - Itapetinga-Valadares, 29 - Serra Geral da Bahia, 28 - Recôncavo Baiano e 22 - Maranhão.

ANEXO

Ilustração de como utilizar o pacote boa no *software* R.

```
# Packages -> Install Package -> Brazil (PR) -> boa # Instalação do
Pacote boa
require(boa) # Carrega o pacote boa
boa.menu() # Apresenta o "BOA MAIN MENU"
5 # Options
4 # Import files
1 # Working Directory - Especificar o diretório onde se encontra o
arquivo de dados
C:/Users/Wendell/Desktop/TesteBoa
1 # Back
1 # File
3 # Import Data
4 # Flat ASCII Files - Fornecer o nome do arquivo de dados que deve
ter extensão txt
NR1passo
1 # Back
1 # Back
3 # Analysis
4 # Convergence Diagnostics
4 # Geweke - Se o valor-p > 0,05 existe convergência
Enter
6 # Raftery & Lewis - Propõem alternativas do Total de ciclos, Burn in e
Thinning para convergência da cadeia
# ESC para sair.
```