



Estimação de parâmetros genéticos em suínos usando Amostrador de Gibbs

Leandro Barbosa¹, Paulo Sávio Lopes², Adair José Regazzi³, Robledo de Almeida Torres⁴,
Mário Luiz Santana Junior⁵, Renata Veroneze⁵

¹ Pós-Graduação da UFV e Bolsista da CNPq, Av. P.H. Rolfs, s/n, Viçosa-MG, CEP: 36570-000.

² Departamento de Zootecnia, UFV, Av. P.H. Rolfs, s/n, Viçosa-MG - CEP: 36570.

³ Departamento de Informática, UFV, Av. P.H. Rolfs, s/n, Viçosa-MG - CEP: 36570-000.

⁴ Departamento de Zootecnia, UFV, Av. P.H. Rolfs, s/n, Viçosa-MG - CEP: 36570-000.

⁵ Bolsista de iniciação científica da UFV - Av. Ph Rolfs, s/n, Viçosa-MG, CEP:36570-000.

RESUMO - Um total de 38.865 registros de animais da raça Large White foi usado para estimar componentes de co-variância e parâmetros genéticos das características idade ao atingir 100 kg de peso vivo (IDA) e espessura de toucinho ajustada para 100 kg de peso vivo (ET), em análises bicaracterísticas. Para obtenção dos componentes de co-variância, foi utilizado o Amostrador de Gibbs por meio do programa MTGSAM. O modelo misto utilizado continha efeito fixo de grupo contemporâneo e os seguintes efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto, efeito genético aditivo materno, efeito comum de leitegada e efeito residual. As médias das estimativas de herdabilidade aditivas diretas foram 0,33 e 0,44 para IDA e ET, respectivamente. As médias das estimativas do efeito comum de leitegada foram 0,09 e 0,02 para IDA e ET, respectivamente. A estimativa de correlação genética aditiva entre as características foi próxima de zero (-0,015). As herdabilidades obtidas para as características de desempenho avaliadas indicam que ganhos genéticos satisfatórios podem ser obtidos no melhoramento de suínos da raça Large White para essas características e que a seleção simultânea para ambas as características pode ser realizada, uma vez que é baixa a correlação genética aditiva direta.

Palavras-chave: análise bayesiana, desempenho, espessura de toucinho, herdabilidade, idade, intervalo de alta densidade

Estimation of genetic parameters for growth and backfat thickness of Large White pigs using the Gibbs Sampler

ABSTRACT - Data consisting of 38,865 records of Large White pigs were used to estimate genetic parameters for days to 100 kg (DAYS) and backfat thickness adjusted to 100 kg (BF). Covariance components were estimated by a bivariate mixed model including the fixed effect of contemporary group and the direct and maternal additive genetic, common litter and residual random effects using the Gibbs Sampling algorithm of the MTGSAM program. Estimates of direct and common litter effects for DAYS and BF were 0.33 and 0.44 and 0.09 and 0.02, respectively. Additive genetic correlation between DAYS and BF was close to zero (-0.015). The heritability estimates indicate that genetic gains may be obtained by selection and that both traits should be considered in a breeding program for the Large White breed.

Key Words: age, backfat thickness, Bayesian analysis, heritability, high density interval, performance

Introdução

Em um programa de melhoramento genético, a seleção é o principal método utilizado para a escolha dos melhores animais para reprodução. A eficiência desta seleção, intimamente relacionada ao progresso genético a ser obtido, baseia-se na utilização de critérios adequados de avaliação dos animais que aproxime o máximo possível do resultado obtido com os verdadeiros valores genéticos dos animais (Costa et al., 2001).

A avaliação genética depende da disponibilidade de estimativas de parâmetros genéticos acuradas para as

características de maior interesse. A acurácia da estimativa desses parâmetros depende de um conjunto de fatores, entre eles, o número de informações utilizadas, o modelo estatístico e o método de estimação dos componentes de co-variância.

As análises estatísticas são geralmente conduzidas sob uma estrutura de estatística freqüentista. No entanto, recentemente, os métodos Bayesianos têm se tornado uma opção para solução de problemas relacionados à avaliação de mérito genético. Métodos Bayesianos podem ser especialmente válidos em problemas complexos ou nas situações em que naturalmente não há conformidade com o

cenário clássico; muitos problemas genéticos situam-se nessas categorias.

A inferência Bayesiana via Amostrador de Gibbs (GS) tem permitido solução para muitos problemas decorrentes da impossibilidade de resolução de múltiplas integrais na estimação de componentes de co-variância (Van Tassell & Van Vleck 1996).

A determinação das características que devem ser avaliadas, assim como das associações entre elas, é fundamental para se estabelecerem as estratégias para obtenção do maior ganho possível.

A idade para atingir determinado peso vivo é uma característica de grande importância, em virtude da necessidade de diminuir os custos fixos de produção. Quanto menor o intervalo necessário para o animal atingir o peso de abate, maior a oportunidade de utilização da infraestrutura relacionada ao sistema de produção. Outra característica importante é a deposição de gordura, uma vez que o animal é mais eficiente na deposição de carne e que é crescente a exigência de carcaças magras.

Objetivou-se neste trabalho estimar componentes de co-variância e parâmetros genéticos das características idade para atingir 100 kg de peso vivo e espessura de toucinho ajustada para 100 kg de peso vivo de uma população de suínos utilizando Amostrador de Gibbs.

Material e Métodos

Os dados utilizados nesse trabalho são de suínos da raça Large White provenientes de uma granja localizada no oeste do estado de Santa Catarina.

Os animais nasceram no período de 1996 a 2003. Ao nascimento, além dos cuidados normais, os leitões foram redistribuídos em um processo de equalização de leitegada por número e classe de peso (três classes). Até a desmama (± 21 dias), houve outra equalização entre as leitegadas das porcas que pariram na mesma semana. Os animais foram mantidos na recria até as 12 semanas de idade. A partir dessa idade, os machos foram criados em baias individuais e as fêmeas em baias coletivas de 12 animais; quando os animais atingiram 100 kg de peso vivo, foi medida a espessura de toucinho.

Foram avaliadas as características idade para atingir 100 kg de peso vivo e espessura de toucinho ajustada para 100 kg de peso vivo. Como efeito fixo foi utilizado o grupo contemporâneo, formado pela combinação da semana do ano com o ano do nascimento e o sexo dos animais.

Os componentes de co-variância foram obtidos utilizando-se o Amostrador de Gibbs, por meio do programa

MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampling for Animal Models), descrito por Van Tassell & Van Vleck (1995). O modelo misto utilizado continha efeito fixo de grupo contemporâneo e os seguintes efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto, efeito genético aditivo materno, efeito comum de leitegada e efeito residual.

O modelo animal utilizado na análise foi:

$$y = Xb + Z_1d + Z_2m + Z_3p + e$$

em que: y = vetor de observações; b = vetor de efeitos fixos de grupo contemporâneo; X = matriz de incidência de efeitos fixos de grupo contemporâneo; d = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos; Z_1 = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos diretos; m = vetor de efeitos genéticos aditivos maternos; Z_2 = matriz de incidência de efeitos genéticos aditivos maternos; p = vetor de efeitos comuns de leitegadas; Z_3 = matriz de incidência de efeitos comuns de leitegadas; e e = vetor de efeito residual.

No modelo misto utilizado, o vetor b é considerado de efeito "fixos". No entanto, sob o ponto de vista Bayesiano, é um vetor de efeitos aleatórios no qual os valores da distribuição inicial têm uma *priori* não informativa.

A distribuição condicional de y pode ser assumida como:

$$y | b, d, m, p, \mathbf{S}^2 \sim N[Xb + Z_1d + Z_2m + Z_3p, I_n \mathbf{S}^2]$$

Na análise bicaracterística, o modelo pode ser apresentado como a seguir:

$$E \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 b \\ X_2 b \end{bmatrix}$$

$$Var \begin{bmatrix} d_1 \\ m_1 \\ p_1 \\ e_1 \\ d_2 \\ m_2 \\ p_2 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} AS_{d_1}^2 & AS_{d_1m_1} & 0 & 0 & A_{d_1d_2} & AS_{d_1m_2} & 0 & 0 \\ AS_{d_1m_1} & AS_{m_1}^2 & 0 & 0 & AS_{d_1m_2} & AS_{m_1m_2} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_{e_1} \mathbf{S}_{p_1}^2 & 0 & 0 & 0 & I_N \mathbf{S}_{p_1p_2} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N \mathbf{S}_{e_1}^2 & 0 & 0 & 0 & I_N \mathbf{S}_{e_1e_2} \\ AS_{d_1d_2} & AS_{d_1m_2} & 0 & 0 & AS_{d_2}^2 & AS_{d_2m_2} & 0 & 0 \\ AS_{d_1m_2} & AS_{m_1m_2} & 0 & 0 & AS_{d_2m_2} & AS_{m_2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_N \mathbf{S}_{p_1p_2} & 0 & 0 & 0 & I_{e_2} \mathbf{S}_{p_2}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N \mathbf{S}_{e_1e_2} & 0 & 0 & 0 & I_N \mathbf{S}_{e_2}^2 \end{bmatrix}$$

em que: A = matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco entre os indivíduos, de Wright; $\mathbf{S}_{d_1d_2}$ = co-variância entre os efeitos genéticos aditivos diretos das características i e j ; $\mathbf{S}_{m_1m_2}$ = co-variância entre os efeitos genéticos aditivos maternos das características i e j ; $\mathbf{S}_{p_1p_2}$ = co-variância entre os efeitos comuns de leitegada das características i e j ; $\mathbf{S}_{e_1e_2}$ = co-variância entre os efeitos

residuais das características i e j quando $i = j$, então, esses termos referem-se às variâncias; e S_{am} , são as co-variâncias entre os efeitos genéticos aditivos diretos e os efeitos genéticos aditivos maternos das características i e j .

A distribuição de Wishart invertida foi usada como distribuição *a priori* para estimação dos componentes de co-variância, principalmente em virtude da eficiência computacional, em que uma *priori* não-informativa foi assumida para todos os parâmetros analisados. A densidade de Wishart descreve a distribuição de somas de quadrados e produtos para variáveis aleatórias normalmente distribuídas. Os efeitos aleatórios foram assumidos como de distribuição normal multivariada. Os efeitos residuais foram assumidos como sendo normalmente distribuídos. Usando essas pressuposições, a equação de modelo mistos produz soluções BLUE e BLUP para efeitos fixos e aleatórios, respectivamente, considerando que as variâncias são conhecidas (Gianola & Fernando, 1986; Gianola et al., 1990).

Todos os valores iniciais dos componentes de co-variância usados no MTGSAM foram obtidos por Barbosa et al. (2006a) utilizando-se o método REML. O MTGSAM utiliza o método iterativo de Gauss-Seidel nas equações de modelos mistos para obter um valor inicial para os efeitos fixos e aleatórios a serem usados no Amostrador de Gibbs.

O número de iterações inicial foi obtido de forma arbitrária utilizando-se uma única cadeia com 50.000 iterações. O diagnóstico de convergência foi feito pelo método de Raftery & Lewis (1992) usando o algoritmo implementado no *software* R, por meio do pacote BOA (Bayesian Output Analysis) (Smith, 2005).

O diagnóstico proposto por Raftery & Lewis inclui a convergência para uma distribuição estacionária e encontra o tamanho necessário da cadeia para estimar acuradamente os quantis das funções dos parâmetros. O usuário pode especificar o quantil de interesse, o grau de acurácia desejável na estimação desse quantil e a probabilidade de se obter o grau de acurácia indicado.

Resultados e Discussão

O diagnóstico de convergência pelo método de Raftery & Lewis (1992), utilizando o programa BOA informou um período de *burn-in* e intervalo amostral menor que 2.760 e 124 iterações, respectivamente, para todos os parâmetros.

Os métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov têm sido estudados em diversas áreas, mas uma das maiores dificuldades é a verificação empírica da convergência da cadeia (seqüência) à distribuição de equilíbrio.

Tabela 1 - Estrutura dos dados, médias e desvio-padrão para as características dias para atingir 100 kg e espessura de toucinho em suínos da raça Large White

Item	Large White
Número de observações	38.865
Número de animais	39.381
Número de grupos contemporâneos	809
Número de porcas	2.684
Número de varrões	318
Número de leitegadas	5.629
Dias para atingir 100 kg	
Média	143,049
Desvio-padrão	11,2525
Coefficiente de variação	7,8662
Espessura de toucinho (mm)	
Média	10,383
Desvio-padrão	1,8717
Coefficiente de variação	18,0270

A inferência Bayesiana tem ganhado cada vez mais espaço e pode ser utilizada em inúmeros trabalhos, no entanto, os resultados são muitas vezes questionados, pois muitos não utilizam, ou mesmo não abordam com clareza, os critérios implementados para verificação da convergência. Outro questionamento também seria que, em casos de modelos complicados, esta metodologia exige maior esforço computacional, com máquinas bem equipadas para computar os processos iterativos das Cadeias de Markov. Esses esforços podem ser minimizados com a monitoração da convergência e evitam que as iterações aquém e além das necessárias sejam executadas.

O intervalo amostral é um método que permite baixa correlação serial entre as amostras e mais rápida convergência. Entretanto, segundo Van Arendonk et al. (1996), o uso de amostras de Gibbs virtualmente independentes não é estritamente necessário. A ausência de independência entre os dados amostrais é considerada um problema. Na literatura, este problema tem sido tratado de modo informal, como um problema computacional (Raftery & Lewis, 1992). O maior problema de se utilizarem amostras com presença de autocorrelação entre os valores é que a estimativa do erro-padrão da média será viesada, pois a variância da média é viesada. Métodos de cálculo das estimativas para esta variância foram descritos por Carlin & Louis (2000).

Se o número de iterações especificadas é adequado, as médias amostrais *a posteriori* serão estimativas válidas da distribuição *a posteriori* dos parâmetros. A acurácia dessa estimativa pode ser verificada usando o erro de Markov (Sorensen et al., 1994). O erro é atribuído ao número

Tabela 2 - Média, desvio-padrão, erro de Markov, mediana, moda e intervalo de alta densidade dos parâmetros genéticos para a característica idade para atingir 100 kg

Parâmetro ¹	Média	Desvio- padrão	Erro de Markov	Mediana	Moda	Intervalo de alta densidade	
						Limite inferior	Limite superior
S_d^2	26,45	3,057	0,373	26,26	27,59	19,88	31,63
S_e^2	38,96	1,517	0,180	39,02	37,69	36,33	42,13
S_p^2	80,38	2,254	0,244	80,33	79,68	75,98	84,28
S_{dm}	-6,58	1,402	0,176	-6,82	-7,03	-9,67	-4,29
S_m^2	7,42	1,034	0,123	7,37	6,92	5,76	9,64
S_c^2	7,54	0,399	0,024	7,54	7,73	6,90	8,37
h_d^2	0,33	0,031	0,004	0,33	0,33	0,26	0,38
h_m^2	0,09	0,014	0,001	0,09	0,09	0,07	0,11
c^2	0,09	0,006	0,001	0,09	0,09	0,08	0,10

¹ S_d^2 = variância genética aditiva direta, S_e^2 = variância residual, S_p^2 = variância fenotípica, S_{dm} = co-variância genética aditiva direta e materna, S_m^2 = variância genética aditiva materna, S_c^2 = variância do efeito comum de leitegada, h_d^2 = herdabilidade genética aditiva direta, h_m^2 = herdabilidade genética aditiva materna, c^2 = proporção atribuída ao efeito comum de leitegada.

Tabela 3 - Média, desvio-padrão, erro de Markov, mediana, moda e intervalo de alta densidade dos parâmetros genéticos para a característica espessura de toucinho

Parâmetro ¹	Média	Desvio- padrão	Erro de Markov	Mediana	Moda	Intervalo de alta densidade	
						Limite inferior	Limite superior
S_d^2	1,24	0,095	0,010	1,23	1,23	1,08	1,44
S_e^2	1,23	0,049	0,005	1,23	1,24	1,14	1,32
S_p^2	2,76	0,069	0,007	2,76	2,71	2,62	2,89
S_{dm}	-0,35	0,047	0,006	-0,34	-0,33	-0,44	-0,26
S_m^2	0,23	0,031	0,004	0,23	0,23	0,18	0,29
S_c^2	0,06	0,009	0,001	0,06	0,06	0,04	0,07
h_d^2	0,44	0,025	0,002	0,44	0,45	0,40	0,49
h_m^2	0,08	0,010	0,001	0,08	0,08	0,07	0,10
c^2	0,02	0,005	0,001	0,02	0,02	0,01	0,03

¹ Conforme a Tabela 2.

de iterações usadas na cadeia de Gibbs, portanto, é inversamente proporcional ao comprimento da cadeia. Neste estudo, o comprimento da cadeia foi de 50.000 iterações e com baixo erro de Markov (Tabelas 2 e 3), demonstrando relativa acurácia nas estimativas *a posteriori* dos parâmetros.

Adicionalmente, a densidade *a posteriori* permite construir intervalos de confiança e/ou de alta densidade (Wang et al., 1993; Jensen et al., 1994; Sorensen et al., 1994; Van Tassell & Van Vleck, 1995; Van Tassell & Van Vleck,

1996). As médias, medianas e modas das estimativas dos parâmetros genéticos foram similares, conforme o esperado para uma densidade marginal *a posteriori* que segue distribuição normal (Carlin & Louis, 2000).

Neste estudo, a estimativa de correlação genética aditiva direta entre ET e IDA foi de -0,015, o que sugere associação muito baixa entre essas duas características. Isso significa que seleção para uma dessas características não irá inibir o progresso da outra e que a seleção simultânea para ambas as características pode ser realizada. Bryner et al. (1992)

Tabela 4 - Média, desvio-padrão, erro de Markov, mediana, moda e intervalo de alta densidade dos componentes de co-variâncias na análise bicaracterística

Parâmetro ¹	Média	Desvio- padrão	Erro de Markov	Mediana	Moda	Intervalo de alta densidade	
						Limite inferior	Limite superior
S_{d,d_2}	-0,09	0,359	0,010	-0,08	-0,04	-0,81	0,55
S_{m,m_2}	0,62	0,125	0,015	0,63	0,71	0,39	0,85
S_{p_1,p_2}	0,24	0,041	0,003	0,24	0,25	0,16	0,31
S_{e,e_2}	0,94	0,186	0,020	0,94	0,91	0,58	1,26

¹ S_{d,d_2} = co-variância entre os efeitos genéticos aditivos diretos das características 1 e 2; S_{m,m_2} = co-variância entre os efeitos genéticos aditivos maternos das características 1 e 2; S_{p_1,p_2} = co-variância entre os efeitos permanente de ambiente das características 1 e 2; S_{e,e_2} = co-variância entre os efeitos residual das características 1 e 2.

também observaram baixa associação entre as características espessura de toucinho e ganho de peso diário (-0,05) em análise via REML.

As estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho corrigida para 100 kg de peso vivo (ET) foram maiores que as estimativas para dias para atingir 100 kg de peso vivo (IDA), o que significa maior variação genética aditiva direta em relação à variação total para ET e indica a possibilidade de se obterem maiores ganhos genéticos por meio de seleção dessa característica nesta população. Costa et al. (2001) também observaram maiores estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho quando comparadas a características de crescimento em análise via REML.

Os resultados obtidos neste estudo foram similares aos descritos por Chen et al. (2002) em pesquisa com análise unicaracterística, via REML, enquanto Kennedy et al. (1985), ao trabalharem com diferentes raças, via REML, obtiveram estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho aos 90 kg semelhantes, as quais variaram de 0,40 a 0,44. Entretanto, as estimativas de herdabilidade aditiva direta e aditiva materna obtidas neste estudo usando o Amostrador de Gibbs foram superiores às encontradas por Barbosa et al. (2006b) utilizando avaliação REML para o mesmo banco de dados.

Bryner et al. (1992), trabalhando com dados de Yorkshire da estação de teste norte-americana, observaram estimativa REML de herdabilidade para espessura de toucinho, superiores às do presente trabalho (0,56), entretanto, esses autores utilizaram um modelo que não incluía efeito comum de leitegada. Lo et al. (1992) também encontraram estimativa REML para espessura de toucinho superior (0,54) utilizando um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno em análise unicaracterística.

Johnson et al. (1999), no entanto, trabalhando com um modelo que não incluía efeito genético aditivo materno, observaram estimativas REML de 0,36 para espessura de toucinho. Todavia, Ferraz & Johnson (1993), utilizando quatro modelos animais para as raças Landrace e Large White, observaram estimativas bastante variáveis (0,39 a 0,50).

Neste estudo, as médias das estimativas de herdabilidade para espessura de toucinho (Tabela 3) foram superiores às encontradas por Janss et al. (1997) e Gonçalves et al. (2005), que observaram estimativa de herdabilidade em torno de 0,24 quando utilizaram o Amostrador de Gibbs em um modelo poligênico que incluía somente efeito genético aditivo direto. Os dados obtidos neste trabalho foram superiores aos encontrados por Lutaaya et al. (2001), que também observaram estimativas de herdabilidade de 0,35 para espessura de toucinho em suínos Large White ao utilizarem um modelo que incluía efeito comum de leitegada, além do efeito genético aditivo direto utilizando Amostrador de Gibbs.

A estimativa de variância genética atribuída ao efeito comum de leitegada encontrada neste estudo (Tabela 3), para a característica espessura de toucinho, foi semelhante à encontrada por Lutaaya et al. (2001), que observaram valores em torno de 0,07 para a raça Large White em um modelo que não incluía efeito materno. Já as estimativas de variância genética aditiva direta, residual e fenotípica, obtidas neste trabalho, foram superiores às encontradas por Lutaaya et al. (2001).

Fernández et al. (2002), trabalhando com um modelo que não incluía efeito materno na característica peso aos 120 dias de idade, observaram estimativas de herdabilidade semelhantes às encontradas neste trabalho para a característica idade para atingir 100 kg de peso vivo. No entanto, os intervalos de alta densidade obtidos por esses autores foram

maiores (0,128:0,547) que os encontrados no presente trabalho (0,26:0,38), possivelmente em razão do pequeno número de observações (1.615 vs 38.685 deste trabalho).

A razão entre a variância do efeito comum de leitegada e a variância total (c^2) para a característica IDA corrobora o resultado encontrado por Fernández et al. (2002), que observaram valor igual a 0,084 utilizando modelo que não incluía efeito materno. No entanto, o intervalo de alta densidade (0,006:0,163) obtido por esses autores foi maior (0,08:0,10).

As co-variâncias entre o efeito genético aditivo direto e o aditivo materno foram negativas para as características avaliadas e de maior magnitude para espessura de toucinho, o que indica que, se em um programa de seleção forem considerados somente os efeitos genéticos aditivos diretos, a habilidade materna de seus animais poderá ser reduzida nos indivíduos da população.

Conclusões

As herdabilidades obtidas para as características de desempenho avaliadas indicam que ganhos genéticos satisfatórios podem ser obtidos no melhoramento de suínos da raça Large White para essas características. As estimativas obtidas via amostrador de Gibbs possibilitaram estimativas acuradas dos parâmetros genéticos e permitiram a construção de intervalos de alta densidade. A correlação genética aditiva direta entre idade para atingir 100 kg de peso vivo e a espessura de toucinho sugere que a seleção para uma dessas características não inibirá o progresso da outra e que a seleção simultânea para ambas as características pode ser realizada.

Literatura Citada

- BARBOSA, L.; LOPES, P.S.; CARNEIRO, P.C.S. et al. Avaliação de modelos para estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho em suínos. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 43., 2006, João Pessoa. **Anais...** João Pessoa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2006a. (CD-ROM).
- BARBOSA, L.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J. et al. Estimation of genetic parameters for performance traits in pigs by gibbs sampling and restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: 2006b. (CD-ROM).
- BRYNER, S.M.; MABRY, J.W.; BERTRAND, J.K. et al. Estimation of direct and maternal heritability and genetic correlation for backfat and growth rate in swine using data from centrally tested Yorkshire boars. **Journal of Animal Science**, v.70, p.1755-1759, 1992.
- CARLIN, B.P.; LOUIS, T.A. **Bayes and empirical bayes methods for data analysis**. 2.ed. London: Chapman and Hall, 2000. 419p.
- CHEN, P.; BASS, T.J.; MABRY, J.W. et al. Genetic parameters and trends for lean growth rate and its components in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2062-2070, 2002.
- COSTA, A.R.C.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al. Estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho de suínos das raças Large White, Landrace e Duroc. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.49-55, 2001.
- FERNÁNDEZ, A.; RODRIGÁÑEZ, J.; TORO, M.A. et al. Inbreeding effects on the parameters of the growth function in three strains of Iberian pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2267-2275, 2002.
- FERRAZ, J.B.S.; JOHNSON, R.K. Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth and backfat in closed seedstock populations of Large White and Landrace swine. **Journal of Animal Science**, v.71, p.850-858, 1993.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theories. **Journal of Animal Science**, v.63, p.217-244, 1986.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L.; FOULLEY, J.L. Mixed models methodology and the Box-Cox theory of transformations: a Bayesian approach. In: GIANOLA, D.; HAMMOND, K. (Eds.) **Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock**. Springer-Verlag: 1990. p.15-40.
- GONÇALVES, T.M.; OLIVEIRA, H.N.; BOVENHUIS, H. et al. Comparação de diferentes estratégias para a análise de características de crescimento e de carcaça de suínos cruzados: modelos finito e infinitesimal poligênico. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.1531-1539, 2005.
- JANSS, L.L.G.; Van ARENDONK J.A.M.; BRASCAMP, E.W. Bayesian statistical analyses for presence of single genes affecting meat quality traits in a crossed pig population. **Genetics**, v.145, p.395-408, 1997.
- JENSEN, J.; WANG, C.S.; SORENSEN, D.A. et al. Bayesian inference on variance and covariance for traits influenced by maternal and direct effects, using the Gibbs sampler. **Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Sciences**, v.44, p.193-201, 1994.
- JOHNSON, Z.B.; CHEWNING, J.J.; NUGENT, R.A. Genetic parameters for production traits and measures of residual feed intake in Large White swine. **Journal of Animal Science**, v.77, p.1679-1685, 1999.
- KENNEDY, B.W.; JOHANSSON, K.; HUDSON, G.F.S. Heritabilities and genetic correlations for backfat and age at 90 kg in performance-tested pigs. **Journal of Animal Science**, v.61, p.78-82, 1985.
- LO, L.L.; McLAREN, D.G.; McKEITH, F.K. et al. Genetic analyses of growth, real-time ultrasound, carcass, and pork quality traits in Duroc and Landrace pigs. II. Heritabilities and correlations. **Journal of Animal Science**, v.70, p.2387-2396, 1992.
- LUTAAAYA, E.; MISZTAL, I.; MABRY, J.W. et al. Genetic parameter estimates from joint evaluation of purebreds and crossbreds in swine using the crossbred model. **Journal of Animal Science**, v.79, p.3002-3007, 2001.
- RAFTERY, A.E.; LEWIS S. How many iterations in the Gibbs sampler? In: BERNARDO J.M.; BERGER J.O.; DAWID A.P. et al. (Eds.) **Bayesian statistics 4**. Oxford: Oxford University Press, 1992. p.763-773.
- SHOEMAKER, J.S.; PAINTER, I.S.; WEIR, B.S. Bayesian statistics in genetics. **Bayesian Statistical Methods**, v.15, p.354-358, 1999.
- SMITH, B.J. [2005]. **Bayesian output analysis program (BOA) for MCMC**. Disponível em: <<http://www.public-health.uiowa.edu/boa/boa>>. Acesso em: 17/9/2007.
- SORENSEN, D.A.; WANG, C.S.; JENSEN, J. et al. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. **Genetics Selects Evolution**, v.26, p.333-360, 1994.
- Van ARENDONK, J.A.M.; Van ROSMEULEN, C.; JANSS, L.L.G. et al. Estimation of direct and maternal genetic (co) variances for

- survival within litters of piglets. **Livestock Production Science**, v.46, p.163- 171, 1996.
- Van TASSELL, C.P.; Van VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance components estimation (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 86p.
- Van TASSELL, C.P.; Van VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.
- WANG, C.S.; RUTLEDGE, J.J.; GIANOLA, D. Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using Gibbs sampling. **Genetics Select Evolution**, v.25 p.41-62, 1993.