

UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ  
CAMPUS DOIS VIZINHOS  
CURSO DE BACHARELADO EM ZOOTECNIA

ISABELA LOPES DOS SANTOS

**VARIAÇÃO DO GRAU DE CRENÇA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA  
DE CODORNAS DE POSTURA (*Coturnix coturnix japonica*) SOB  
SELEÇÃO**

TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

DOIS VIZINHOS  
2016

ISABELA LOPES DOS SANTOS

**VARIAÇÃO DO GRAU DE CRENÇA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE  
CODORNAS DE POSTURA (*Coturnix coturnix japonica*) SOB  
SELEÇÃO**

Trabalho de Conclusão de Curso, apresentado ao Curso de Zootecnia da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos, como requisito parcial à obtenção do título de Zootecnista.

Orientadora: Prof. Dra. Fabiana Martins Costa Maia.

Coorientadora: MSc. Tádía Emanuele Stivanin.

DOIS VIZINHOS

2016



Ministério da Educação  
**Universidade Tecnológica Federal do Paraná**  
Campus Dois Vizinhos  
Gerência de Ensino e Pesquisa  
**Curso de Zootecnia**



**TERMO DE APROVAÇÃO**  
**TCC**

**VARIAÇÃO DO GRAU DE CRENÇA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE  
CODORNAS DE POSTURA (*Coturnix coturnix japonica*) SOB  
SELEÇÃO**

Autor: Isabela Lopes dos Santos.

Orientador: Profa. Dra. Fabiana Martins Costa Maia.

Coorientadora: MSc. Tádía Emanuele Stivanin.

TITULAÇÃO: Zootecnista

APROVADA em

---

Prof. Dr Elias Nunes Martins

---

MSc. Fernanda Raulino Domanski

---

Profa. Dra. Fabiana Martins Costa Maia  
(Orientadora)

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por absolutamente tudo.

A minha família, em especial aos meus pais, Leandro Lopes dos Santos e Lucinea da Conceição Santos, pelo exemplo de vida, amor e carinho incondicionais, por todo apoio e incentivo.

A Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR) Campus Dois Vizinhos e aos professores por todo aprendizado que me concederam durante a graduação.

A minha orientadora, Fabiana Martins Costa Maia, pela orientação, ensinamentos, dedicação, motivação e por despertar em mim o interesse pelo Melhoramento Genético Animal.

A minha coorientadora, Tádía Emanuele Stivanin, por todos os ensinamentos, colaboração e contribuições ao trabalho.

Ao professor Elias Nunes Martins, pelos ensinamentos e apoio para a realização do trabalho.

A Vicami Codornas, pela contribuição com os dados para a realização do trabalho.

Ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia e a Iniciação Científica (CNPq – Ministério da Ciência e Tecnologia) pelo incentivo à pesquisa.

A professora Dra. Emilyn Midori Maeda, por ministrar a disciplina de TCC, auxiliar e guiar todos os alunos para realização dos trabalhos.

Ao Grupo de Pesquisa em Melhoramento Genético (GPMG), pela amizade, apoio e contribuições.

Aos meus companheiros Angela Elis Schneider e Mateus Henrique Gorges, pela ajuda, companheirismo e amizade durante toda a graduação.

A todos que de alguma forma contribuíram para a realização desse trabalho.

## RESUMO

SANTOS, Isabela Lopes. Variação do grau de crença na avaliação genética de codornas de postura (*Coturnix coturnix japonica*) sob seleção. 2016. 29 f. Trabalho (Conclusão de Curso) – Programa de Graduação em Bacharelado em Zootecnia, Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Dois Vizinhos, 2016.

O presente trabalho foi realizado com dados de uma população de codornas de postura sob seleção em núcleo, com objetivo de estudar as modificações que ocorrem na estimação de parâmetros genéticos para produção total de ovos quando o grau de crença é alterado no estabelecimento da modelagem para análise por meio do método Bayesiano. Foram utilizados os graus de crença: três, dez, 20, 30, 40, 50, 100, 500, 1000 e 10000. A produção total de ovos em 180 dias apresentou média e desvio padrão de  $115,632 \pm 18,1306$  ovos. Considerando as informações à priori para as estimativas de variância genética aditiva e residual fixados em 25 e 50 ovos<sup>2</sup>, respectivamente, obteve-se modificações em todas as estimativas quando o grau de crença foi alterado. A herdabilidade com o grau de crença menor (3) foi 0,11, com o grau de crença mais elevado (100.000) foi de 0,33. Considerando as informações à priori para as estimativas de variância genética aditiva e residual fixados em 50 e 100 ovos<sup>2</sup>, respectivamente, também ocorreram modificações em todas as estimativas com a alteração do grau de crença. A herdabilidade com o grau de crença menor (3) foi 0,12, com o grau de crença mais elevado (100.000) foi de 0,33. Em ambos os casos, o intervalo de credibilidade e região de alta densidade das estimativas dos componentes de variância e herdabilidade, tornaram-se mais estreitos com o aumento do grau de crença. Portanto, o aumento do grau de crença possibilita estimativas de maiores magnitudes e melhor precisão, aprimorando as estimativas dos parâmetros. No entanto, a utilização desse recurso requer conhecimento prévio sobre a característica em questão.

**Palavras-chave:** Herdabilidade. Produção de ovos em codornas. Inferência Bayesiana. Intervalo de credibilidade.

## ABSTRACT

SANTOS, Isabela Lopes. Belief degree of variation in the genetic evaluation of laying quails (*Coturnix coturnix japonica*) under selection. 2016. 29 f. Work (Conclusion Course) - Graduate Program in Bachelor of Animal Science, Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Dois Vizinhos, 2016.

The present work was carried out with data from a population of laying quail under core selection, with the objective of studying the modifications that occur in the estimation of genetic parameters for total egg production when the degree of belief is altered in the establishment of the model for analysis by means of the Bayesian method. The degrees of belief were used: three, ten, 20, 30, 40, 50, 100, 500, 1000 and 10000. The total 180-day egg production of laying quails under selection had mean and standard deviation of  $115.632 \pm 18.1306$  eggs. Considering the a priori information for the estimates of additive and residual genetic variance fixed in 25 and 50 eggs<sup>2</sup>, respectively, changes were obtained in all estimates when the degree of belief was altered. Heritability with the lowest belief level (3) was 0.11, with the highest belief grade (100,000) was 0.33. Considering the a priori information for the estimates of additive and residual genetic variance fixed in 50 and 100 eggs<sup>2</sup>, respectively, also occurred changes in all estimates when the degree of belief was changed. Heritability with the lowest belief level (3) was 0.12, with the highest degree of belief (100,000) was 0.33. In both cases, the credibility interval and high-density region estimates of variance and heritability components became narrower with increasing beliefs. Therefore, the increase of the degree of belief allows for estimates of larger magnitudes and better precision, improving the parameter estimates. However, the use of this feature requires prior knowledge of the feature in question.

**Keywords:** Heritability. Quails egg production. Bayesian Inference. Credibility interval.

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	<b>6</b>
<b>2 OBJETIVOS.....</b>	<b>8</b>
2.1 OBJETIVO GERAL.....	8
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	8
<b>3 REVISÃO DA LITERATURA.....</b>	<b>9</b>
3.1 COTURNICULTURA.....	9
3.2 HERDABILIDADE.....	10
3.3 AVALIAÇÃO GENÉTICA.....	11
3.4 INFERÊNCIA BAYESIANA.....	12
3.5 GRAU DE CRENÇA.....	14
<b>4 MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>15</b>
<b>5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>18</b>
<b>6. CONCLUSÃO.....</b>	<b>23</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>24</b>

## 1 INTRODUÇÃO

O aprimoramento de métodos de estimação de componentes de variância vem apresentando cada vez mais importância no melhoramento genético animal. Considerando que a elevada produção animal é alcançada devido às condições ambientais e à genética, é importante buscar soluções para aperfeiçoar as metodologias utilizadas na avaliação genética dos animais.

Diversos são os métodos utilizados para estimação dos componentes de variância. Eles necessitam ser estimados de modo acurado para que as diferenças entre o valor da predição e o valor verdadeiro sejam os menores possíveis. A Inferência Bayesiana é uma proposta de metodologia para essa estimação, pois ela pode ser aplicada ao Modelo Animal possibilitando análises mais elaboradas e que refletem melhor no uso da pesquisa na produção animal.

A utilização do programa MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampler in Animal Model) (VAN TASSEL e VAN VLECK, 1995) permite a utilização da Inferência Bayesiana na estimação dos componentes de variância. Nele é possível inserir informações quanto às crenças e incertezas do pesquisador, atribuindo um valor de crença acerca dos parâmetros adotados. Desse modo é possível gerar valores de parâmetros mais realistas das características, pois assume-se um determinado conhecimento sobre as mesmas.

O melhoramento genético vem contribuindo para o aumento da produção avícola ao longo do tempo. Assim, a coturnicultura se insere neste cenário, que busca atingir as exigências de um mercado consumidor que preza por produtos de melhor qualidade (WINTER, 2005).

A produção de codornas de postura vem conquistando o mercado devido ao baixo investimento financeiro, rápido retorno econômico, rápido crescimento das aves, precocidade na produção e maturidade sexual (35 a 42 dias), alta produtividade (em média 300 ovos/ano). A crescente demanda de ovos pelo mercado consumidor ao longo dos últimos anos e as incorporações de grandes empresas avícolas no setor impulsionaram a produção, tornando a coturnicultura de postura uma atividade com grande potencial de expansão no mercado brasileiro (PASTORE, OLIVEIRA e MUNIZ, 2012).



Portanto, o aprimoramento dos métodos de estimação dos componentes de variância possibilitará aperfeiçoar a avaliação genética das codornas de postura, conseqüentemente animais geneticamente superiores serão selecionados para produção de ovos, promovendo aumento na produtividade.

## 2 OBJETIVOS

### 2.1 OBJETIVO GERAL

O objetivo desse trabalho foi estudar as modificações que ocorrem na estimação de parâmetro genético quando o grau de crença é alterado na análise Bayesiana de dados de uma população de codornas de postura (*Coturnix coturnix japonica*) sob seleção.

### 2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Estimar herdabilidade e variâncias fenotípica, genética aditiva e residual para produção total de ovos;
- Aplicar diferentes graus de crença três, dez, 20, 30, 40, 50, 100, 500, 1000 e 10000 na análise dos dados verificando o impacto na estimação dos parâmetros e na avaliação genética;
- Comparar por meio de intervalos de credibilidade os efeitos das variações causadas devido à alteração do grau de crença.

### 3 REVISÃO DA LITERATURA

A Inferência Bayesiana é uma ferramenta interessante para aprimorar a avaliação genética animal (GIANOLA e FERNANDO, 1986). Martins (2011 apud ROSSI, 2011) destaca que essa metodologia permite uma explicação biológica que reflete melhor a realidade da pesquisa científica na produção animal.

No melhoramento genético, a utilização da mesma é intensa, e proporciona uma discussão acerca dos dados mais elaborados e consistentes. Basicamente, o procedimento Bayesiano permite associar uma distribuição de probabilidade às incertezas e crenças de um pesquisador na informação da característica.

Pouco se sabe sobre o estudo da variação do grau de crença em populações de codornas sob seleção. Estudos como estes podem auxiliar na melhor utilização da estimação de parâmetros genéticos, permitindo um melhor monitoramento do processo de seleção a campo, proporcionando uma avaliação genética mais eficiente em codornas de postura.

#### 3.1 COTURNICULTURA

A coturnicultura é um ramo da avicultura que vem atraindo interesse no Brasil. Existem muitos estudos com codornas, porém são poucas as pesquisas destinadas ao conhecimento do material genético utilizado.

De acordo com Teixeira et al. (2012), são necessários programas de melhoramento genético bem estruturados, que acompanhem o desenvolvimento e a evolução das características de importância econômica. Segundo Teixeira et al. (2013), existem poucos estudos que visam viabilizar as informações sobre os grupos genéticos com potencial produtivo. Dessa forma, torna-se importante a avaliação e o conhecimento da estrutura das populações obtida por meio da estimação dos parâmetros genéticos.

### 3.2 HERDABILIDADE

O conhecimento dos parâmetros genéticos é fundamental para a avaliação genética e para a estruturação dos programas de melhoramento em diversas espécies. Um dos parâmetros de maior importância é a herdabilidade, que estima o quanto das diferenças entre os indivíduos é devido à diferença genética.

O conhecimento da herdabilidade é importante para definição do método mais adequado de melhoramento genético a ser utilizado. A herdabilidade fornece a informação de confiabilidade do valor fenotípico como guia para a avaliação do valor genético em uma população.

O desempenho produtivo de um animal é atribuído a uma combinação do potencial genético e meio ambiente. A herdabilidade representa a porção da variância fenotípica causada pela variação dos valores genéticos aditivos (RODRIGUES, 2007). Portanto, o conhecimento da herdabilidade é de fundamental importância para a definição do método de melhoramento genético mais adequado.

A herdabilidade é um parâmetro da população estudada e seus valores podem variar de zero a um. Quando a estimativa apresenta valores baixos (0,0 a 0,20) significa que grande parte da variação da característica é devido às diferenças ambientais entre os indivíduos. Quando os valores são altos (acima de 0,40), sua correlação entre o valor genético e o valor fenotípico do animal também é alto, ou seja, o valor fenotípico do animal pode ser um indicativo de seu valor genético (LOPES, TORRES e PIRES, 2000).

Contudo, essa estimativa possui limitantes. Como é uma razão de variâncias, não fornece a magnitude de cada componente. Por ser uma estimativa de características válidas apenas para a população em estudo, a utilização das informações para outras populações devem apresentar condições de meio semelhantes (PEREIRA, 2008).

### 3.3 AVALIAÇÃO GENÉTICA

A avaliação genética permite calcular o valor genético, fator que determina, junto aos efeitos de ambiente, o fenótipo dos animais. Ao avaliar os animais é possível identificar na população os indivíduos desejáveis e que serão mantidos para serem acasalados e contribuir com genes para a próxima geração, esse processo é uma estratégia de seleção dentro do melhoramento. Segundo Pereira (2008) a seleção tem como objetivo aumentar a frequência de alelos desejáveis e reduzir a frequência de alelos menos desejáveis, desse modo é possível aumentar ou reduzir a expressão de características que são foco em um programa de melhoramento genético.

Atualmente, a avaliação genética de animais é baseada na metodologia das equações dos modelos mistos, desenvolvida por Henderson em 1949 e apresentada formalmente em 1973 (HENDERSON, 1973). Segundo Faria et al. (2007) a avaliação genética permite a seleção de animais com base na estimação, com alta acurácia, de seus valores genéticos, uma vez que as diferenças entre o valor verdadeiro e o valor estimado aumentam o erro de predição dos efeitos aleatórios, como, por exemplo, os valores genéticos.

Os modelos mistos levam em conta associações genéticas existentes entre os animais, sendo esses considerados como efeitos aleatórios e, os efeitos não genéticos que podem influenciar na avaliação genética são considerados como efeitos fixos. Essas predições são denominadas BLUP, (Best Linear Unbiased Prediction) e a terminologia modelos mistos vem do fato de se reunir efeitos fixos e aleatórios em um único modelo (NOGUEIRA et al., 2003).

A utilização da metodologia dos modelos mistos exige o conhecimento prévio dos componentes de variâncias e covariâncias. Como normalmente esses componentes são desconhecidos, torna-se necessário estimá-los. O uso da metodologia Bayesiana permite o conhecimento desses componentes (YOKOO et al., 2013).

### 3.4 INFERÊNCIA BAYESIANA

A teoria Bayesiana foi fundamentada por Thomas Bayes no ano de 1761, porém somente em 1763 suas pesquisas foram publicadas (GIANOLA e FERNANDO, 1986).

A escola Bayesiana foi reconhecida entre 1774 a 1812 por Laplace, por meio de trabalhos publicados nesse período. No entanto, foi durante o século XIX que a metodologia foi melhor reconhecida no meio científico (STIGLER, 1986 apud FARIA, 2007). Na década de 1990, Daniel Gianola introduziu o método Bayesiano no melhoramento genético animal em várias espécies (FARIA et al., 2007). A partir disso, começou a ser utilizada na obtenção de estimativas dos componentes de variância e valores genéticos dos animais.

Segundo Gianola e Fernando (1986), a Inferência Bayesiana considera a incerteza sobre os parâmetros desconhecidos associados a uma distribuição de probabilidade. De acordo com Nogueira et al. (2003), a metodologia Bayesiana consiste em uma abordagem estatística que trata os parâmetros populacionais como variáveis aleatórias, permitindo obter intervalos de credibilidade e associação de probabilidade a qualquer grau de crença ou incerteza sobre um evento ou hipótese.

Nessa abordagem é possível incorporar informações passadas *à priori*, para gerar resultados, juntamente com suas estimativas *à posteriori* (NOGUEIRA et al., 2003). Se existe informação *à priori*, a Inferência Bayesiana pode determinar intervalos de credibilidade mais estreitos, quanto menor for o tamanho do intervalo mais concentrada é a distribuição do parâmetro. Dessa forma o processo torna-se mais “rico”, devido à inserção de informações existentes.

Conforme Faria (2007), o método Bayesiano descreve todos os erros existentes em torno de um parâmetro e tem como medida do erro a probabilidade do parâmetro tomar determinados valores.

Segundo Yokoo et al. (2013), essa abordagem leva à definição de probabilidades *à priori* e *à posteriori*. A primeira sabe-se sobre o tal evento antes que o mesmo se verifique, ou seja, é proveniente das informações que cada indivíduo traz consigo de experiências passadas. A segunda fornece informações

que podem ser obtidas na sequência, ou seja, à medida que experimentos são realizados novos dados coletados.

Para a implementação da Inferência Bayesiana, é utilizado o método de Monte Carlo baseado em cadeias Markov (Markov Chain Monte Carlo – MCMC), constituindo processos iterativos para aproximar a geração de amostras. A amostragem de Gibbs é um desses métodos (FARIA et al, 2007).

A amostragem de Gibbs é um procedimento de integração numérica, utilizada na estimação das distribuições conjunta e marginal dos parâmetros do modelo, por meio da reamostragem de todas as distribuições condicionais da cadeia de Markov (BLASCO, 2001). No contexto Bayesiano, qualquer uma dessas distribuições condicionais é obtida da distribuição *à posteriori* conjunta dos parâmetros. É aplicado para gerar um valor para cada parâmetro desconhecido e os resultados permitem uma Inferência Bayesiana que gera distribuições posteriores marginais completas, a partir das quais são obtidas as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (COSTA, SANCHEZ E MUNARI, 2009).

Para a implementação do algoritmo de Gibbs, são necessários cuidados especiais com a definição das análises como a distribuição inicial, critério de convergência, período de descarte amostral, intervalo amostral e tamanho de cadeia amostral, conforme descrito por Magnabosco (1997 apud FARIA et al., 2007).

O MTGSAM (VAN TASSEL e VAN VLECK, 1995) é um conjunto de programas, em FORTRAN, que utiliza a metodologia Bayesiana para fazer a estimação de parâmetros de interesse. Utiliza o processo de amostragem de Gibbs (*Gibbs Sampling*), que é um método iterativo de geração de dados de distribuições multidimensionais, com os quais é possível se fazer inferências sobre densidades marginais ou conjuntas, mesmo quando essas densidades não podem ser avaliadas diretamente (COSTA, SANCHEZ e MUNARI, 2009; VAN TASSEL e VAN VLECK, 1996)

### 3.5 GRAU DE CRENÇA

Na utilização do programa MTGSAM (VAN TASSEL e VAN VLECK, 1995), quando o pesquisador possui crenças pessoais ou informações contidas em dados obtidos por meios científicos é adotado um grau de crença (*degree of belief*) elevado. Essa medida pode levar a estimação de parâmetros genéticos mais precisos e reais das características. Contudo, segundo Cardoso (2005), quando não há conhecimento prévio sobre o estudo, a densidade *à priori* é denominada de não informativa ou plana (*flat*).

Para Sigelmann (1975), quando o pesquisador assume que possui um certo conhecimento de um parâmetro qualquer ou hipótese, sugere-se a interpretação da probabilidade como sendo uma medida do grau de crença, ou então que a probabilidade é subjetiva. A probabilidade subjetiva mede a confiança que o pesquisador possui sobre os seus dados, ou seja, é baseada no julgamento pessoal.

Diante do exposto e da falta de conhecimento sobre a confiança na utilização de diferentes graus de crença na estimação de parâmetros genéticos e da influência do mesmo na avaliação genética, o objetivo do presente trabalho foi estudar as modificações que ocorrem na estimação de parâmetros genéticos quando o grau de crença é alterado na avaliação genética de codornas de postura.



## 4 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados analisados são provenientes de um programa de melhoramento genético da empresa Vicami Codornas, em parceria com a Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Dois Vizinhos. O banco de dados utilizado possui informações referente a produção total de ovos de codornas de postura (*Coturnix coturnix japônica*) da linhagem amarela, sob seleção em núcleo.

As aves foram alojadas em gaiolas individuais localizadas no galpão de coturnicultura, equipado com comedouros e bebedouros. A ração foi fornecida à vontade e o programa de iluminação utilizado foi iluminação natural e artificial, totalizando 17 horas por dia.

O plantel de reprodução foi formado por 200 fêmeas e 100 machos, para cobertura a relação utilizada foi 1:2 (um macho para duas fêmeas). O acasalamento foi realizado de forma controlada com início três dias antes do período de coleta de ovos. Os ovos foram coletados em dois períodos de 10 dias, identificados de acordo com sua genealogia.

A incubação foi realizada em dois períodos de 17 dias, resultando em duas eclosões. Após a eclosão dos ovos os pintinhos foram identificados com anilhas numeradas e coloridas de acordo com a informação de sua genealogia. Foram criados até os 35 dias em galpão e após este período transferidos para gaiolas individuais. A postura iniciou aos 45 dias de idade e os dados sobre produção total de ovos foram coletados no período de 180 dias.

De posse das informações de produção total de ovos foram realizadas análises unicaráter para a estimação de parâmetros genéticos por meio do programa computacional MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampler in Animal Model) (VAN TASSEL e VAN VLECK, 1995), que permite a Inferência Bayesiana, usando amostragem de Gibbs. Para os efeitos aleatórios foi assumida distribuição normal.

O modelo admitido foi:

$$y = X\beta + Za + e$$

Em que:

$y$  é o vetor de observações;

$X$  é a matriz de incidência dos efeitos fixos, contida no vetor  $\beta$ ;

$\beta$  é vetor dos efeitos fixos;

$Z$  é a matriz de incidência dos efeitos genéticos aditivos;

$a$  é o vetor de efeitos genéticos aditivos;

$e$  é o vetor dos erros aleatórios associados a cada observação.

Foram assumidas pressuposições de que os efeitos fixos tem distribuição uniforme e os componentes de variância genética aditiva e residual, distribuição Gama Invertida, da forma:

$$f(\sigma_a^2 | g_0, v_g) \propto (\sigma_a^2)^{-\frac{1}{2}(v_g+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(g_0\sigma_a^{-2})}$$

$$f(\sigma_e^2 | s_0, v_e) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2}(v_e+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(s_0\sigma_e^{-2})}$$

Em que:

$v_g$  e  $v_e$  são os graus de liberdade das distribuições, que equivalem ao grau de crença dos parâmetros  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$ , respectivamente;

$g_0$  e  $s_0$  são os parâmetros escala das distribuições  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$ , respectivamente.

As informações *à priori* para as estimativas de variância genética aditiva e residual foram fixados em 25 e 50 ovos<sup>2</sup>, respectivamente. Posteriormente, foram consideradas as mesmas metodologias, apenas com alterações nas informações *à priori* para as estimativas de variância genética aditiva e residual, que foram fixados em 50 e 100 ovos<sup>2</sup>, respectivamente.

Para gerar amostras dos componentes de variância, foram atribuídos nas análises os graus de crença três, dez, 20, 30, 40, 50, 100, 500, 1000, 10000 e 100000. O efeito fixo determinado foi a época de nascimento. Em cada análise foi gerada uma cadeia de Gibbs de 550.000 ciclos, em que os 50.000 ciclos iniciais foram descartados e as amostras foram retiradas a cada 1.000 ciclos.

Por meio das amostras dos componentes de variância, foi realizado o cálculo da herdabilidade para produção total de ovos pela respectiva equação:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2}$$

Em que:

$h^2$  é a estimativa de herdabilidade;

$\sigma_a^2$  é a variância genética aditiva;

$\sigma_y^2$  é a variância fenotípica.

Em seguida, foram construídos os intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade para todos os componentes de variância e herdabilidade estimadas ao nível de 90% de credibilidade. A monitoração da convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs foi feita por meio da utilização dos testes de diagnóstico de Geweke e de Heidelberger & Welch, disponíveis no CODA (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*), implementada no programa R (2010). Para a comparar as estimativas entre os diferentes graus de crença foi utilizado os desvios padrão e coeficiente de variação.

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na tabela 1 são apresentadas as estimativas de variação genética aditiva, residual, fenotípica e herdabilidade para produção total de ovos, sob os diferentes graus de crença, considerando a informação *à priori* para as estimativas de variância genética aditiva e residual foram fixados em 25 e 50 ovos<sup>2</sup>, respectivamente. Todas as estimativas da análise convergiram e as distribuições dos parâmetros estudados foram precisos e simétricos. A produção total de ovos em 180 dias apresentou média e desvio padrão de 115,632 ± 18,1306 ovos, respectivamente.

Tabela 1. Estimativas de componentes de variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ), fenotípica ( $\sigma_y^2$ ) e herdabilidade ( $h^2$ ), com respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, em análise unicaráter para produção de ovos em codornas, considerando as informações *à priori* de variância genética aditiva e residual fixadas em 25 e 50 ovos<sup>2</sup> respectivamente.

Grau de crença	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_y^2$	$h^2$
3	36,32	289,96	326,28	0,11
	(9,17 – 70,74)*	(252,54 – 325,97)	(300,80 – 354,24)	(0,03 – 0,21)
	(6,74 – 65,60)**	(254,23 – 326,41)	(299,90 – 353,60)	(0,02 – 0,20)
10	34,81	287,87	322,68	0,11
	(16,34 – 61,23)	(255,45 – 318,32)	(297,57 – 349,17)	(0,05 – 0,18)
	(12,64 – 55,22)	(253,70 – 316,40)	(297,91 – 349,56)	(0,04 – 0,17)
20	32,24	285,82	318,05	0,10
	(18,18 – 52,29)	(256,34 – 314,02)	(293,26 – 343,30)	(0,05 – 0,16)
	(15,44 – 48,04)	(256,21 – 314,00)	(293,03 – 343,27)	(0,05 – 0,15)
30	30,76	283,12	313,89	0,10
	(19,13 – 47,43)	(255,11 – 311,12)	(289,27 – 339,25)	(0,06 – 0,15)
	(17,45 – 44,40)	(256,91 – 312,75)	(290,23 – 340,30)	(0,05 – 0,14)
40	29,88	280,11	309,99	0,10
	(19,61 – 44,04)	(252,48 – 307,02)	(285,78 – 335,23)	(0,06 – 0,14)
	(17,13 – 40,27)	(249,22 – 303,14)	(285,82 – 335,30)	(0,06 – 0,13)
50	29,31	276,95	306,27	0,09
	(19,94 – 41,65)	(250,32 – 303,63)	(282,48 – 330,90)	(0,06 – 0,13)
	(19,07 – 39,26)	(246,39 – 297,95)	(283,85 – 332,40)	(0,06 – 0,12)
100	28,16	261,26	289,43	0,09
	(21,29 – 35,31)	(238,79 – 285,17)	(267,02 – 311,54)	(0,07 – 0,12)
	(21,80 – 35,53)	(238,52 – 284,39)	(266,81 – 311,50)	(0,07 – 0,12)
	27,72	180,07	207,79	0,13

500	(24,71 – 31,11) (24,59 – 30,97)	(167,18 – 193,59) (164,81 – 191,15)	(194,84 – 220,04) (195,45 – 220,46)	(0,11 – 0,15) (0,11 – 0,15)
	27,94	134,33	162,27	0,17
1000	(25,78 – 30,32) (25,78 – 30,33)	(126,12 – 142,57) (126,07 – 142,56)	(153,84 – 170,19) (154,45 – 170,45)	(0,15 – 0,19) (0,15 – 0,19)
	26,29	59,61	85,91	0,30
10000	(25,68 – 26,98) (25,65 – 26,90)	(58,29 – 60,95) (58,29 – 60,95)	(84,43 – 87,32) (84,24 – 87,06)	(0,29 – 0,31) (0,29 -0,31)
	25,16	50,94	76,10	0,33
100000	(24,98 – 25,36) (24,96 – 25,33)	(50,57 – 51,31) (50,56 – 51,28)	(75,70 – 76,48) (75,69 – 76,47)	(0,32 – 0,33) (0,32 – 0,33)

\* Intervalo de credibilidade ao nível de 90 %

\*\* Região de alta densidade ao nível de 90 %

Todas as estimativas sofreram modificações conforme o aumento do grau de crença. A variância genética aditiva, variância residual e variância fenotípica diminuíram com as alterações do grau de crença.

Quando se admite o grau de crença três, assume-se que há pouco conhecimento sobre os dados da população, sendo assim, o programa gera estimativas com intervalos mais amplos. Quando a modificação no grau de crença foi equidistante (10, 20, 30, 40 e 50) ocorreram poucas mudanças nas estimativas, o mesmo fato foi observado no grau de crença 100. Nos graus de crença 500, 1000, 10000 e 100000, nota-se maior diferença nas estimativas de herdabilidade.

Santos et al.(2003) registraram herdabilidade para produção total de ovos em 150 dias de 0,16. Em matrizes de codornas de corte Teixeira et al. (2012) encontraram herdabilidade para produção total de ovos em 140 dias, de 0,09 para a linhagem UVF1 e 0,07 para linhagem UFV2. Teixeira et al. (2013), encontraram herdabilidade baixa para produção de ovos em 140 dias, de 0,1 e 0,03 para as linhagens UFV1 e UFV2, respectivamente. Em codornas de postura (STIVANIN et al, 2015) encontrou estimativas de herdabilidade para produção de ovos em 180 dias de postura de 0,11 para a linhagem amarela e 0,18 para linhagem preta. STIVANIN (2016), observou herdabilidade para produção total de ovos em 150 dias de postura de 0,05 para linhagem amarela e 0,15 para linhagem preta. No presente estudo foi possível encontrar herdabilidade de 0,33, em que essa diferença deve-se a aplicação do grau de crença elevado.

Nas estimativas dos componentes de variância e de herdabilidade, o intervalo de credibilidade e região de alta densidade tornaram-se mais estreitos,

conforme o aumento do grau de crença. Portanto, isso sugere que as estimativas são mais confiáveis, desse modo, pode ser mais preciso.

Tabela 2. Desvios padrão das estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma_a$ ), residual ( $\sigma_e$ ), fenotípica ( $\sigma_y$ ) e coeficiente de variação (%) referente à variância genética aditiva (CV  $\sigma_a^2$ ), variância residual (CV  $\sigma_e^2$ ) e variância fenotípica ( $\sigma_y^2$ ) em análise unicarater para produção de ovos, considerando as informações à priori de variância genética aditiva e residual fixadas em 25 e 50 ovos<sup>2</sup> respectivamente.

Grau de crença	Parâmetros			CV (%)		
	$\sigma_a$	$\sigma_e$	$\sigma_y$	CV $\sigma_a^2$	CV $\sigma_e^2$	CV $\sigma_y^2$
3	19,64	22,17	16,76	54,06	7,65	5,14
10	14,50	19,51	16,29	41,67	6,78	5,05
20	10,82	17,87	15,84	33,55	6,25	4,98
30	8,75	16,95	15,50	28,43	5,99	4,94
40	7,44	16,33	15,19	24,90	5,83	4,90
50	6,55	15,84	14,90	22,33	5,72	4,86
100	4,43	14,16	13,59	15,74	5,42	4,70
500	1,99	8,06	7,76	7,19	4,48	3,74
1000	1,45	5,13	4,92	5,20	3,82	3,03
10000	0,40	0,83	0,86	1,54	1,39	1,01
100000	0,11	0,22	0,24	0,45	0,43	0,31

Na tabela 2 são apresentados os desvios padrão e coeficiente de variação das estimativas de variância genética aditiva, residual e fenotípica de acordo com as modificações no grau de crença. O desvio padrão é uma medida de dispersão que indica a variação que existe em relação à estimativa e o coeficiente de variação representa o desvio padrão expresso como porcentagem da média, de modo a avaliar a variabilidade dos dados.

Com o aumento do grau de crença o desvio padrão e coeficiente de variação foram reduzindo gradativamente. O grau de crença 100000 apresentou a menor variação, indicando que os dados tendem a estarem mais próximos da estimativa gerada, portanto, é mais confiável.

Tabela 3. Estimativas de componentes de variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ), fenotípica ( $\sigma_y^2$ ) e herdabilidade ( $h^2$ ), com respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, em análise unicaráter para produção de ovos em codornas, considerando as informações à priori de variância genética aditiva e residual fixadas em 50 e 100 ovos<sup>2</sup> respectivamente.

Grau de crença	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_y^2$	$h^2$
3	40,77	286,36	327,13	0,12
	(14,29 - 73,76)*	(249,89 - 320,26)	(301,91 - 354,99)	(0,04 - 0,22)
	(11,20 - 69,04)**	(249,07 - 319,66)	(301,18 - 354,41)	(0,03 - 0,21)
10	48,80	277,59	326,40	0,15
	(26,35 - 77,70)	(245,01 - 308,72)	(300,94 - 354,37)	(0,08 - 0,23)
	(24,38 - 72,85)	(245,64 - 309,37)	(302,13 - 354,62)	(0,08 - 0,22)
20	51,63	272,21	323,84	0,16
	(31,99 - 78,15)	(241,19 - 302,16)	(298,49 - 352,07)	(0,10 - 0,23)
	(30,56 - 73,53)	(241,87 - 302,81)	(296,07 - 348,68)	(0,09 - 0,22)
30	52,76	268,25	321,01	0,16
	(34,61 - 76,39)	(237,98 - 296,66)	(295,68 - 348,34)	(0,11 - 0,23)
	(33,03 - 71,84)	(238,92 - 297,03)	(294,04 - 345,35)	(0,10 - 0,22)
40	53,36	264,79	318,15	0,17
	(36,55 - 73,65)	(235,19 - 292,35)	(293,19 - 344,56)	(0,11 - 0,23)
	(34,72 - 70,68)	(235,44 - 292,48)	(291,27 - 342,19)	(0,11 - 0,22)
50	53,73	261,61	315,34	0,17
	(37,76 - 71,94)	(232,88 - 288,67)	(290,70 - 341,63)	(0,12 - 0,22)
	(36,27 - 69,80)	(233,79 - 288,87)	(289,77 - 339,19)	(0,11 - 0,22)
100	54,49	247,78	302,27	0,18
	(42,07 - 67,82)	(222,13 - 271,67)	(279,45 - 324,61)	(0,14 - 0,22)
	(42,81 - 68,47)	(220,37 - 268,96)	(279,24 - 324,57)	(0,14 - 0,22)
500	55,03	185,67	240,71	0,23
	(48,95 - 61,81)	(171,14 - 199,94)	(226,73 - 254,66)	(0,20 - 0,25)
	(49,35 - 62,10)	(171,59 - 199,96)	(225,57 - 253,74)	(0,20 - 0,25)
1000	54,52	154,47	208,99	0,26
	(50,43 - 59,01)	(145,01 - 163,77)	(199,00 - 218,47)	(0,24 - 0,28)
	(50,51 - 59,09)	(145,02 - 163,82)	(199,01 - 218,53)	(0,23 - 0,28)
10000	51,02	106,76	157,79	0,32
	(49,87 - 52,33)	(104,46 - 109,18)	(155,13 - 160,39)	(0,31 - 0,33)
	(49,68 - 52,07)	(104,12 - 108,75)	(154,91 - 159,97)	(0,31 - 0,33)
100000	50,12	100,68	150,80	0,33
	(49,76 - 50,52)	(99,94 - 101,39)	(150,99 - 151,54)	(0,33 - 0,33)
	(49,74 - 50,47)	(99,91 - 101,34)	(150,00 - 151,54)	(0,33 - 0,33)

\* Intervalo de credibilidade ao nível de 90 %

\*\* Região de alta densidade ao nível de 90 %

Na tabela 3, ao fixar as informações à priori para as estimativas de variância genética aditiva e residual em 50 e 100 ovos<sup>2</sup>, respectivamente,

percebe-se que todas as estimativas de variância genética aditiva, residual, fenotípica e herdabilidade comportaram-se de modo semelhante aos dados apresentados na tabela 1. Os intervalos de credibilidade e região de alta densidade também foram estreitos.

Contudo, ao comparar a tabela 1 e 3, pode-se observar que com o aumento do grau de crença as estimativas de variância aditiva e residual, foram se assemelhando as informações *à priori* fixadas no programa. Portanto, deve-se ter cautela com os graus de crença muito elevados.

Tabela 4. Desvios padrão das estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma_a$ ), residual ( $\sigma_e$ ), fenotípica ( $\sigma_y$ ) e coeficiente de variação (%) referente à variância genética aditiva ( $CV \sigma_a^2$ ), variância residual ( $CV \sigma_e^2$ ) e variância fenotípica ( $\sigma_y^2$ ) em análise unicarater para produção de ovos, considerando as informações *à priori* de variância genética aditiva e residual fixadas em 50 e 100 ovos<sup>2</sup> respectivamente.

Grau de crença	Parâmetros			CV (%)		
	$\sigma_a$	$\sigma_e$	$\sigma_y$	$CV \sigma_a^2$	$CV \sigma_e^2$	$CV \sigma_y^2$
3	19,34	21,69	16,84	47,44	7,57	5,14
10	16,13	19,63	16,51	33,06	7,07	5,05
20	14,08	18,49	16,10	27,28	6,79	4,97
30	12,67	17,71	15,73	24,01	6,60	4,90
40	11,59	17,11	15,40	21,72	6,46	4,84
50	10,74	16,61	15,09	19,99	6,35	4,78
100	8,20	14,81	13,77	15,05	5,97	4,55
500	3,91	8,75	8,38	7,12	4,71	3,48
1000	2,75	5,93	5,83	5,04	3,84	2,78
10000	0,76	1,44	1,56	1,50	1,35	0,98
100000	0,22	0,43	0,47	0,45	0,43	0,31

Na tabela 4 são consideradas informações *à priori* para as estimativas de variância genética aditiva e residual fixados em 50 e 100 ovos<sup>2</sup>, respectivamente. Também foi possível identificar que com o aumento do grau de crença, o desvio padrão e coeficiente de variação reduziram, indicando que os dados tendem a ser semelhantes ou próximos da estimativa gerada, ou seja, há pouca variação na distribuição da estimativa.



## 6. CONCLUSÃO

O aumento do grau de crença possibilita estimativas de maiores magnitudes e melhor precisão, que podem aprimorar as estimações dos parâmetros. No entanto a utilização desse recurso requer conhecimento prévio sobre a característica em questão. Além disso, é necessário cautela ao utilizar elevados graus de crença, pois pode gerar estimativas tendenciosas.

## REFERÊNCIAS

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v.79. 2001. Disponível em <<https://www.animalsciencepublications.org/publications/jas/pdfs/79/8/2023>>. Acesso em: 15 mar. 2016.

CARDOSO, Adriana M. de C. **Interação genótipo x ambiente para a produção de leite na espécie bubalina utilizando Inferência Bayesiana por meio de amostradores de gibbs**. 2005. 63 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade Federal do Pará, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Amazônia Oriental, Universidade Federal Rural da Amazônia, Belém, 2005. Disponível em: <[http://www.cienciaanimal.ufpa.br/pdfs/CA\\_Ciencia\\_Animal/CA\\_ADRIANA\\_MACIEL\\_DE\\_CASTRO\\_CARDOSO.pdf](http://www.cienciaanimal.ufpa.br/pdfs/CA_Ciencia_Animal/CA_ADRIANA_MACIEL_DE_CASTRO_CARDOSO.pdf)>. Acesso em: 15 abr. 2016.

COSTA, Maria T. G. P.; SANCHEZ, Adhemar; MUNARI, Danísio P. Estimación Bayesiana de parâmetros genéticos de pesos corporais em um rebanho da raça guzerá. **Nucleus Animalium**, v. 1, n. 1, mai. 2009. Disponível em: <<https://dialnet.unirioja.es/descarga/articulo/4027978.pdf>>. Acesso em: 26 mai. 2016.

FARIA, Carina U. et al. Inferência Bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, v. 8, n. 1, jan./mar. 2007. Disponível em: <<https://revistas.ufg.emnuvens.com.br/vet/article/viewFile/1161/1251>>. Acesso em: 15 mar. 2016.

GIANOLA, Daniel; FERNANDO, Roham L. Bayesian methods in animal breeding theory 1'2. **Journal of Animal Science**, v. 63, n. 1, 1986. Disponível em: <<http://digitalcommons.unl.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1278&context=animalscifacpub>>. Acesso em: 25 mai. 2016.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETIC SYMPOSIUM IN HONOR OF DR. JAY L. LUSH, 1., Champaign, IL, EUA, 1973. Disponível em: <<https://www.animalsciencepublications.org/publications/search?volume=1973&issue=Symposium&first-page=10&num-results=10&sort=relevance&journal%5bjas%5d=jas>>. Acesso em: 25 abr. 2016.

LOPES, Paulo S.; TORRES, Robledo de A.; PIRES, Aldrin V. **Teoria do melhoramento animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ-Editora, 2000.

MARTINS, Elias, N. Prefácio. In: ROSSI, Robson M. **Introdução aos métodos Bayesianos na análise de dados zootécnicos com o uso do WinBUGS e R**. Maringá: Eduem, 2011.

NOGUEIRA, Denismar A. Análises clássica e Bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, Edição Especial, dez. 2003. Disponível em: <<http://www.editora.ufla.br/index.php/component/phocadownload/category/6-numero-e?download=22:v27ne>>. Acesso em: 28 abr. 2016.

PASTORE, Silvana M.; OLIVEIRA, Will P.; MUNIZ, Jorge C. L. Panorama da coturnicultura no Brasil. **Revista eletrônica Nutritime**, v. 9, n. 6, nov/dez 2012. Disponível em: <[http://www.nutritime.com.br/arquivos\\_internos/artigos/180%20-Panorama%20da%20coturnicultura\\_.pdf](http://www.nutritime.com.br/arquivos_internos/artigos/180%20-Panorama%20da%20coturnicultura_.pdf)> . Acesso em: 26 mai. 2016.

PEREIRA, Jonas C. C. **Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2008.

RODRIGUES, Alessandra E. **Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas em búfalos (*Bubalus bubalis*) na Amazônia Oriental**. 2007. 67 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Pará, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Amazônia Oriental, Universidade Federal Rural da Amazônia, Belém, 2007. Disponível em: <[http://www.cienciaanimal.ufpa.br/pdfs/CA\\_Ciencia\\_Animal/CA\\_Alessandra\\_Epifanio\\_Rodrigues.pdf](http://www.cienciaanimal.ufpa.br/pdfs/CA_Ciencia_Animal/CA_Alessandra_Epifanio_Rodrigues.pdf)>. Acesso em: 15 abr. 2016.

SANTOS, Alexandra I. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para produção de ovos em codornas japonesas. In: 40ª REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia. v.1. p.1-5. 2003

SIGELMANN, Élida. Um método estatístico: Inferência Bayesiana. **Arquivos Brasileiros de Psicologia Aplicada**. Rio de Janeiro, v. 27, n. 3, jul./set. 1975. Disponível em: <<http://bibliotecadigital.fgv.br/ojs/index.php/abpa/article/view/17528/16273>>. Acesso em: 18 abr. 2016.

STIVANIN, Tácia E. et al. **Estimativas de parâmetros genéticos em linhagens de codornas de postura**. XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. Santa Maria. 2015

STIVANIN, Tácia E. **Avaliação de critérios de seleção em codornas de postura (*Coturnix coturnix japonica*)**. 2016. 51 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, 2016.

TEIXEIRA, Bruno B. et al. Herdabilidade de características de produção e postura em matrizes de codornas de corte. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 43 n. 2, feb. 2013. Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0103-84782013000200028](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782013000200028)>. Acesso: 8 abr. 2016.

TEIXEIRA, Bruno B. et al. Estimação dos componentes de variância para as características de produção e de qualidade de ovos em matrizes de codorna de corte. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 4, apr. 2012. Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0103-84782012000400023&lng=en](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782012000400023&lng=en)>. Acesso em: 8 abr. 2016.

VAN TASSEL, 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 of Animal Science**, Champaign, v. 74, 1996. Disponível em: <<http://digitalcommons.unl.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1278&context=animalscifacpub>>. Acesso em: 26 mai. 2016.

VAN TASSEL, 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 Component Estimation**. Department of Agriculture/Agricultural Research Service, 1995. 86p.

WINTER, Eliane M. W. **Estimação de parâmetros genéticos de características de desempenho, carcaça e composição corporal de codornas para corte (*Coturnix sp.*)**. 2005. 91 f. Dissertação (Mestrado em Genética) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2005. Disponível em: <<http://acervodigital.ufpr.br/handle/1884/1649>>. Acesso em: 26 mai. 2016.

YOKOO, Marcos, J. et al. O uso da estatística Bayesiana no melhoramento genético animal: uma breve explicação. **Scientia Agraria Paranaensis**, Marechal Cândido Rondon, v. 12, n. 4, out./dez. 2013. Disponível em:

<<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/974791/1/YokooSAP.pdf>  
>. Acesso em: 2 mai. 2016.