

**COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS  
PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA  
RAÇA GUZERÁ USANDO DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE ANÁLISE**

**ITIBERÊ SALDANHA SILVA**

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura  
“Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo,  
para obtenção do título de Doutor em Agronomia,  
Área de Concentração: Ciência Animal e  
Pastagens.

**P I R A C I C A B A**  
Estado de São Paulo - Brasil  
Outubro – 2004

**COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS  
PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA  
RAÇA GUZERÁ USANDO DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE ANÁLISE**

**ITIBERÊ SALDANHA SILVA**

Zootecnista

Orientador: Prof. Dr. **IRINEU UMBERTO PACKER**

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura  
“Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo,  
para obtenção do título de Doutor em Agronomia,  
Área de Concentração: Ciência Animal e  
Pastagens

**P I R A C I C A B A**  
Estado de São Paulo - Brasil  
Outubro – 2004

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)  
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP**

Silva, Itiberê Saldanha

Componentes de (co) variância e parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Guzerá usando diferentes estratégias de análise / Itiberê Saldanha Silva. - - Piracicaba, 2004.  
93 p.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2004.  
Bibliografia.

1. Bovinos de corte 2. Componentes de variância 3. Crescimento animal – Característica 4. Gado Guzerá 5. Melhoramento genético animal 6. Parâmetro genético I. Título

CDD 636.2082

**“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”**

*Dedico este trabalho*

*a minha adorável esposa Sérgio e meus filhos Davi e Tiago,  
pelo amor, carinho, dedicação, incentivo, compreensão, paciência  
e principalmente por tudo o que são e representam para mim*

*Ofereço aos meus pais, Derly Silva (in  
memorian) e Heleida, aos meus irmãos,  
Derly Silva Junior (in memorian),  
Ubiratan, Mircelei e Marilei pelo amor e  
incentivo.*

## **AGRADECIMENTOS**

À Universidade de Brasília, pela minha liberação para realização deste curso.

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, pela oportunidade de realização deste curso.

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

À Embrapa Gado de Corte, à Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), pela disponibilização dos dados.

Ao Professor Dr. Irineu Umberto Packer, pela orientação segura e dedicada, apoio e incentivo, ensinamentos transmitidos e especialmente pela compreensão e amizade.

Ao pesquisador Dr. Luiz Otávio Campos da Silva, pelas valiosas sugestões apresentadas, por ter disponibilizado os dados, e pela amizade.

Ao pesquisador Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Junior, pelas valiosas sugestões apresentadas, pelas importantes contribuições nas análises dos dados e pela amizade.

Ao Professor Dr. Eduardo Shiguero Sakaguti, pelas valiosas sugestões apresentadas, pelas importantes contribuições nas análises dos dados, e pela amizade

Ao Professor Dr. Luiz Lehmann Coutinho, pelas valiosas sugestões e por disponibilizar o computador do Laboratório de Biotecnologia Animal para realização das análises estatísticas dos dados, e pela amizade.

A Professora Dr<sup>a</sup>. Lucia Galvão de Albuquerque pelas valiosas sugestões, pelas importantes contribuições e pela amizade.

A pesquisadora Dr<sup>a</sup>. Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo, pelas valiosas sugestões, pelas importantes contribuições e pela amizade.

A pesquisadora Dr<sup>a</sup>. Karin Meyer, pela viabilização dos programas de análises estatísticas.

Aos Professores dos Departamentos de Zootecnia, Ciências Exatas e Genética, pelos ensinamentos transmitidos.

Ao amigo e colega do Curso de Doutorado em Ciência Animal e Pastagens, Prof. Dr. Cláudio Manoel Rodrigues de Melo, pelas valiosas sugestões apresentadas, pelas importantes e imprescindíveis contribuições nas análises dos dados, pelo apoio e especialmente pela amizade.

Aos amigos e colegas dos cursos de Ciência Animal e Pastagens, Estatística e Experimentação Agropecuária e Genética, em especial à Juliana Giannotti, Sara, Flávio Longo, José Otávio, Aline, Adriana, Maria Eugênia, Claudia, Juliano, Carlos Eduardo, Liliana e Luiz Fernando pelo companheirismo, agradável convivência.

Ao Sr. Walter Gomes de Oliveira e Sr<sup>a</sup> Terezinha Souza Oliveira, pelo apoio, incentivo e especialmente pela amizade.

Aos Funcionários do Departamento de Zootecnia, pela atenção e carinho, em especial à Cláudia Chuahy, Vera Graciano e Henrique.

A todos aqueles que, de uma forma ou de outra, colaboraram na execução deste trabalho.

## SUMÁRIO

	Página
RESUMO .....	ix
SUMMARY .....	xi
1 INTRODUÇÃO .....	1
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1 Componentes de Variância e Herdabilidade.....	5
2.2 Dados Longitudinais.....	9
2.3 Diferentes Aspectos Metodológicos.....	10
3 AVALIAÇÃO DE MODELOS PARA ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA E VALORES GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ .....	15
Resumo.....	15
Summary .....	16
3.1 Introdução .....	17
3.2 Material e Métodos .....	19
3.2.1 Dados .....	19

3.2.2	Modelos.....	19
3.3	Resultados e Discussão .....	22
3.4	Conclusões .....	31
4	ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ USANDO ANÁLISES UNICARACTERÍSTICAS E BICARACTERÍSTICAS .....	32
	Resumo.....	32
	Summary .....	33
4.1	Introdução .....	34
4.2	Material e Métodos .....	36
4.2.1	Dados .....	36
4.2.3	Modelos.....	36
4.3	Resultados e Discussão .....	39
4.4	Conclusões .....	48
5	PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE PESOS DO NASCIMENTO AOS 630 DIAS DE IDADE DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ USANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA..	50
	Resumo.....	50
	Summary .....	51
5.1	Introdução .....	52

5.2	Material e Métodos .....	54
5.2.1	Dados .....	54
5.2.2	Modelos.....	55
5.3	Resultados e Discussão .....	59
5.4	Conclusões .....	78
6	CONCLUSÕES GERAIS .....	79
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	80

# **COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ USANDO DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE ANÁLISE**

Autor: ITIBERÊ SALDANHA SILVA

Orientador: Prof. Dr. IRINEU UMBERTO PACKER

## **RESUMO**

Foram utilizados arquivos com 104.101, 55.063 e 60.782 registros de pesos corporais, do nascimento aos 630 de idades, de bovinos da raça Guzerá, da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), referentes ao período de 1975 a 2001, para estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, de acordo com três abordagens de análise, cada uma com um arquivo, utilizando diferentes modelos estatísticos e a metodologia REML. Nestas abordagens foram obtidos valores das estimativas de variância e parâmetros genéticos de modelos unicaracterísticos; modelos uni e bicaracterísticos e, de modelos de regressão aleatória (MRA), respectivamente. Na primeira, com quatro modelos unicaracterísticos, observou-se que o modelo 1, considerado completo, por incluir os efeitos genéticos direto e materno (GM) e os efeitos de ambiente permanente materno e residual, não diferiu significativamente ( $P < 0,05$ ), pelo teste razão de verossimilhança do modelo 2, que exclui o GM. As herdabilidades diretas ( $h^2$ ) estimadas nos modelos 1 e 2, foram muito semelhantes. Os valores de  $h^2$  cresceram da primeira idade até a segunda idade, mantiveram os valores até o desmame e depois cresceram. As estimativas de variância genética materna foram baixas, principalmente antes da desmama. Na segunda usando diferentes modelos uni e bicaracterísticos, o comportamento das estimativas foi semelhante à primeira abordagem.

Os valores de  $h^2$  das análises uni e bicaracterísticas, para os pesos ajustados às idades padrão de 120(P120), 205(P205), 365(P365) e 550(P550) dias de idades foram 0,15; 0,10; 0,17; 0,14 e 0,14; 0,10; 0,16; 0,15, respectivamente. As correlações genéticas diretas ( $r_a$ ) semelhantes nos modelos 1 e 2 para P120/P205, P120/P365, P120/P550, P205/P365, P205/P550 e P365/P550 foram 0,80; 0,54; 0,54; 0,74; 0,62 e 0,95 e, 0,80; 0,54; 0,53; 0,74; 0,62 e 0,95 respectivamente. Na comparação entre os modelos 1 e 2, das análises uni e bicaracterísticas, o modelo 2, que exclui GM, proporcionou ajuste similar ao modelo 1. Na análise de regressão aleatória foram testados dez modelos com diferentes estruturas de variâncias residuais e combinações de ordens (k) dos efeitos aleatórios. Pelos critérios de informação de Akaike e Bayesiano de Schwarz, os MRA mais adequados foram os modelos Reg666-r10 (Reg $k_A k_C k_Q$ -r10) e Reg653-r10 (Reg $k_A k_C k_Q$ -r10), respectivamente, para os efeitos genético aditivo direto ( $k_A$ ), de ambiente permanente de animal ( $k_C$ ) e de ambiente permanente materno ( $k_Q$ ), com as variâncias residuais divididas em dez (r10) classes. As estimativas de  $h^2$  de peso ao nascer (PN), 205, 365 e 550 dias de idades, foram de 0,13, 0,43, 0,46 e 0,48, para o modelo Reg666-r10; para o modelo mais parcimonioso (Reg653-10), foram de 0,13, 0,46, 0,54 e 0,56, respectivamente. As correlações fenotípicas, genéticas, de ambientes permanentes animal e materno foram todas positivas e similares entre os MRA. No modelo mais parcimonioso, Reg653-10, as  $r_a$  do PN/205, PN/365, PN/550, 205/365, 205/550 e 365/550 foram, 0,40, 0,40, 0,42, 0,68, 0,74 e 0,81, respectivamente. Os modelos com homogeneidade de variância foram inadequados. A variância do resíduo dividido em dez classes distintas de variâncias foi mais adequada para modelar a variação residual. Na comparação das três abordagens de análise foi constatado que o MRA constitui alternativa importante para análise de dados de crescimento de bovinos.

# **(CO)VARIANCE COMPONENTS AND GENETIC PARAMETERS FOR GROWTH TRAITS IN GUZERA BREED BY DIFFERENT ANALYSIS OF STRATEGIES**

Author: ITIBERÊ SALDANHA SILVA  
Adviser: Prof. Dr. IRINEU UMBERTO PACKER

## **SUMMARY**

Three different files containing 104,101, 55,063 and 60,782 body weight records from birth to 630 days of age, collected from 1975 to 2001, from Guzera cattle belonging to the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ) were used in this study. The data were analyzed according to three different approaches, corresponding to one of those files, in order to estimate the (co)variance components and the genetic parameters by different statistical models and the REML methodology: variance estimates and genetic parameters of single-trait models, single and two-trait models, and of random regression models (RRM). Regarding the first analysis, where four single-trait models were used, it was observed that model 1, the complete one which included the direct genetic and maternal (GM) effects, as well as the maternal permanent environmental effect and residual, did not statistically ( $P < 0.05$ ) differ by the likelihood ratio test from model 2, which excluded the GM. Direct heritabilities ( $h^2$ ) estimated by models 1 and 2 were quite similar, and increased from first to second age, remained until weaning, and then increased. Estimates of maternal genetic variance were low, especially before weaning. The second analysis, which used different single and two-trait models, resulted in similar behavior of estimates to the first analysis. The  $h^2$  estimated by single and two-trait analyses, for weight records adjusted to 120(P120), 205(P205), 365(P365) and

550(P550) days of age were 0.15, 0.10, 0.17, 0.14 and, 0.14, 0.10, 0.16, 0.15, respectively. The direct genetic correlations ( $r_a$ ) by models 1 and 2 for P120/P205, P120/P365, P120/P550, P205/P365, P205/P550 and P365/P550 were 0.80, 0.54, 0.54, 0.74, 0.62, 0.95 and, 0.80, 0.54, 0.53, 0.74, 0.62, 0.95, respectively. When comparing models 1 and 2, by the single and two-trait analyses, it was verified that model 2, which excluded the GM, was equivalent to the complete model. In the random regression analysis ten models presenting different residual variance structures and order combinations ( $k$ ) of random effects were evaluated. According to the Akaike Information Criterion and the Schwarz Bayesian Information Criterion, the most suitable RRM were the models Reg666-r10 (Reg $k_A k_C k_Q$ -r10) and Reg653-r10 (Reg $k_A k_C k_Q$ -r10), respectively, for the direct additive effect ( $k_A$ ), the animal permanent environmental effect ( $k_C$ ) and the maternal permanent environmental effect ( $k_Q$ ), with the residue variances divided into ten distinct variance classes (r10). The  $h^2$  estimates for weights at birth (PN), 205, 365 and 550 days of age were 0.13, 0.43, 0.46, 0.48 and 0.13, 0.46, 0.54, 0.56 for the Reg666-r10 model and for the most parsimonious model (Reg653-10), respectively. The phenotypic, genetic, animal permanent environmental and maternal permanent environmental correlations were all positive and similar for all RRM. Considering the most parsimonious model, Reg653-10, the  $r_a$  between PN/205, PN/365, PN/550, 205/365, 205/550 and 365/550 were 0.40, 0.40, 0.42, 0.68, 0.74 and 0.81, respectively. Models with variance homogeneity were inadequate. The residual variance divided into ten distinct variance classes was the most suitable to model the residual variation. In the comparison of the three approaches of analysis it was evidenced that the RRM constitutes important alternative for analysis of growth data of bovines.

## 1 INTRODUÇÃO

A introdução da raça Guzerá no Brasil remonta com a entrada dos primeiros exemplares zebuínos no país trazidos da Índia no final do século XIX, importados por criadores de Recife, Salvador e Rio de Janeiro, sendo explorada para o propósito de carne e leite (Associação Brasileira dos Criadores de Zebu-ABCZ, 2002).

A raça Guzerá chegou a ter uma participação muito expressiva nos negócios de bovinos nacionais até meados de 1925, porém na década de 40 foi prejudicada pela política de cruzamentos para formação do Indubrasil, causando uma drástica diminuição do plantel de animais puros.

Entretanto, devido às suas aptidões para produção de carne, capacidade leiteira de algumas linhagens e o grande interesse de muitos criadores, a partir de 1995 houve uma nova retomada da raça, que passou de 6.405 registros genealógicos de nascimento (RGN), feitos pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), para 10.022 RGN, em 2002, o que representa um crescimento 56,47 % (ABCZ, 2004). Esse aumento considerável na quantidade de animais registrados elevou o Guzerá ao quarto lugar entre as raças zebuínas em número de registros na ABCZ.

A despeito da importância da raça Guzerá para pecuária nacional, o número de trabalhos científicos publicados sobre parâmetros genéticos da raça ainda é bastante pequeno.

Atualmente os programas de avaliação genética no Brasil, para características de crescimento em zebuínos, são realizados considerando os pesos, ou ganhos de peso, em diferentes idades consideradas padrão, mas como os animais não são pesados na mesma idade são necessárias correções dos pesos para as idades padrão.

De acordo com Kirkpatrick et al. (1990) e Meyer (1998a), esse método de seleção é baseado em um modelo de dimensão finita uma vez que uma escala contínua é

arbitrariamente dividida em intervalos e os animais são selecionados dentro daqueles pontos amostrados na curva de crescimento.

A curva de crescimento apresenta natureza contínua no tempo e possui um número infinito de idades e pesos que podem ser considerados para uma melhor descrição do crescimento.

Sakaguti (2003) menciona na sua revisão de literatura que a utilização de técnicas multivariadas em análises conjuntas dos pesos ajustados às idades-padrão fornece informações sobre as relações lineares existentes entre cada par de idades, porém nenhuma inferência pode ser feita a respeito dos pesos nas idades intermediárias

O conhecimento dos componentes de (co)variância, permite determinar estimativas de herdabilidade e das correlações genéticas para as características da população que serão avaliadas geneticamente, importantes para a avaliação dos animais.

As herdabilidades e correlações genéticas podem sofrer variações consideráveis nas suas estimativas devido ao método de estimação dos componentes de (co)variância, ou tipo de transformação dos dados e de análises uni ou multicaracterística (Meyer & Smith, 1996).

As metodologias de estimação de componentes de variância vêm recebendo contribuições para o seu aperfeiçoando desde as primeiras décadas do século passado, sendo o método denominado Máxima Verossimilhança Restrita (REML), mais utilizado nos modelos de dimensão finita, em análises uni ou multicaracterística.

Mais recentemente os modelos de regressão aleatória (MRA) vêm sendo propostos como alternativa para a avaliação genética de animais, quanto a dados longitudinais, como pesos corporais. Os MRA também podem ser chamados de modelos de dimensão infinita, uma vez que é possível um número infinito de idades e pesos por indivíduo.

A obtenção de estimativas de qualidade e a avaliação de modelos mais completos, os quais teoricamente resultam em estimativas mais acuradas do que as conseguidas de modelos mais simples, tem se constituído em um procedimento necessário no sentido de melhorar as avaliações genéticas de animais para os programas de melhoramento animal.

Dessa forma, este estudo teve como objetivo principal obter informações que possam fornecer subsídios para programas de avaliação genética de bovinos de corte,

tendo como base o modelo animal que possibilita aproveitar melhor os registros de pesos corporais dos animais, e obter estimativas mais precisas. dos parâmetros genéticos para os pesos individuais dos animais da raça Guzerá da ABCZ, com modelos que utilizam diferentes estruturas de covariância para ajuste dos efeitos genéticos de animal, genético aditivo materno, de efeito permanente de ambiente materno e efeito permanente de ambiente de animal, bem como testar diferentes estratégias de análise com modelos unicaracterísticos, uni e bicaracterísticos e, de regressão aleatória, para melhor ajuste dos dados, com a finalidade de avaliar e identificar alternativas para avaliação genética de características de crescimento em bovinos da raça Guzerá.

## **2 REVISÃO DE LITERATURA**

Os programas de melhoramento genético de bovinos de corte buscam identificar e selecionar animais que possuem um maior valor genético para caracteres importantes como desempenho na fase de crescimento, eficiência reprodutiva e características desejáveis da carcaça e da carne.

Existe uma demanda cada vez maior, na cadeia produtiva da pecuária de corte por novas tecnologias que produzam resultados necessários para as mudanças esperadas, o que tem gerado um processo contínuo de transformação nos sistemas de avaliação genética dos animais.

Os pesquisadores têm procurado, através de métodos cada vez mais precisos e sofisticados, obter estimativas dos valores genéticos dos animais com confiabilidade cada vez maior, de tal modo que as comparações entre eles sejam baseadas exclusivamente nas diferenças genéticas.

As análises feitas com o objetivo da remoção das influências não genéticas podem ser realizadas através da adoção de modelos que são, em geral, lineares uni ou multivariados, com efeitos fixos, aleatórios ou fixos e aleatórios.

Nesta busca os pesquisadores passaram pela experiência de trabalhar com o método de avaliação genética baseado nas médias das progênies e comparações contemporâneas (Dickinson et al., 1976), até chegar ao método dos modelos mistos (Henderson, 1984), que possibilita fornecer os melhores preditores não viciados (BLUP) dos valores genéticos.

O aumento da capacidade de armazenamento e processamento dos computadores, o avanço das técnicas computacionais, dos métodos estatísticos e da eficiência de algoritmos, proporcionou uma evolução na utilização dos modelos mistos na avaliação genética (Meyer, 1989a; Boldman & Van Vleck, 1991), permitindo a utilização

do modelo animal, desenvolvido na década 80 por Quaas & Pollack, da Universidade de Cornell.

O modelo animal, além de permitir a realização dos ajustes para os efeitos fixos, considera os dados do próprio animal e de seus parentes possibilitando, em uma única análise, fazer a avaliação do próprio indivíduo e dos indivíduos a ele relacionados. Para isto, requer a inversão da matriz de parentesco. Foram os autores Henderson (1976) e Quaas (1976), que desenvolveram, através dos seus trabalhos, uma simples e fundamental metodologia para calcular a inversa da matriz de parentesco.

Dando continuidade a esse processo de aprimoramento, vários trabalhos têm sido realizados objetivando cada vez mais a evolução dos sistemas de avaliação genética na busca por novas respostas.

## **2.1 Componentes de Variância e Herdabilidade.**

As características de importância econômica para serem melhoradas dependem, em grande parte, do uso efetivo da variação genética. Para tanto, é pertinente o conhecimento das relações genéticas e de ambiente dessas características. Esse relacionamento inclui, principalmente, a herdabilidade dos caracteres, bem como as correlações genéticas e de meio entre elas.

Segundo Falconer & Mackay (1996), a herdabilidade é utilizada para se avaliar a confiança do valor fenotípico como indicador do valor genético. Os autores também relatam a importância de compreender que a herdabilidade é propriedade não somente de um caráter, mas também da população e das circunstâncias. Como a herdabilidade depende da magnitude de vários componentes de variância, a mudança em qualquer um deles afetará o valor da estimativa.

A herdabilidade é, portanto, um parâmetro da população, de fundamental importância para a definição dos métodos de seleção genética mais adequados, para o desenvolvimento de programas de melhoramento animal .

A estimativa dos componentes de variâncias é importante para a construção de índices de seleção, para a análise de modelos mistos com vistas à predição linear do tipo

BLUP, para estimação de parâmetros genéticos, fenotípico e de meio ambiente e para o planejamento de programas de melhoramento (Henderson, 1986).

Um método que foi muito utilizado na estimativa de componentes de variância com dados desbalanceados foi a metodologia dos quadrados mínimos, ou método III de Henderson (Henderson, 1953). Este método é baseado na minimização da soma de quadrados dos resíduos, e os componentes de variância são estimados igualando-se as somas de quadrados às suas respectivas esperanças. A metodologia supõe amostragem aleatória, o que resulta em estimadores viciados devido a seleção pois não corresponde à realidade dos dados.

O desenvolvimento do método de Máxima Verossimilhança (ML) permite corrigir os efeitos de seleção, desde que as informações utilizadas como base para a seleção sejam incluídas na análise. Neste método se estima a probabilidade de que um determinado conjunto de dados tenha sido retirado de uma população com determinados valores para os parâmetros. As estimativas dos valores dos parâmetros obtidas por máxima verossimilhança para os dados são, simplesmente, os valores numéricos dos parâmetros, para os quais a função de probabilidade alcança seu máximo.

Harville (1977) menciona que o problema com ML em modelos misto é devido ao fato dos efeitos fixos serem tratados como se fossem conhecidos, ou seja, a perda de graus de liberdade devido à inclusão desses efeitos é ignorada, comprometendo assim as estimativas, mas este problema é contornado considerando-se apenas a parte da função de verossimilhança independente dos efeitos fixos.

Foram Patterson & Thompson (1971) que propuseram essa solução para ser utilizada em modelos mistos, apresentando o método denominado de máxima verossimilhança restrita (REML).

Vários algoritmos foram desenvolvidos na tentativa de reduzir a demanda de tempo de computação e de memória necessários para utilizar os métodos ML ou REML.

Smith & Graser (1986) e Graser et al. (1987) propuseram o método livre de derivada, cujo procedimento permite estimar as variâncias genéticas aditivas e do erro, sob um modelo animal. O algoritmo apresentado possibilitou um uso mais acentuado do método da máxima verossimilhança restrita (REML).

De acordo com Meyer (1989a e 1991), o método REML tem sido preferido para estimação de componentes de covariância em melhoramento animal ao fazer a partição das covariâncias fenotípicas em covariâncias genéticas e outros componentes. Esta escolha deve-se não apenas às propriedades estatísticas desejáveis que o método apresenta, mas também à grande evolução dos recursos computacionais disponíveis, ao desenvolvimento e adaptação de algoritmos especializados, explorando características específicas da estrutura dos dados ou do modelo de análise, e à utilização de uma variedade de técnicas numéricas (Verneque, 1994).

Na Tabela 1 são apresentadas algumas estimativas de herdabilidades para o peso ao nascer, desmame, 365 e 550 dias de idade em bovinos de corte no Brasil, em diferentes raças zebuínas, estimadas pelo método de Máxima-Verossimilhança Restrita (REML) e incluindo efeito genético materno.

Esses valores permitem ter uma noção sobre o comportamento das estimativas de herdabilidade direta das características de crescimento. A contribuição materna para a variação destas características, é menor para o peso ao nascer, 365 e 550 dias de idade, sendo maior relativamente para o peso a desmama.

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade direta ( $h^2$ ) e materna ( $h^2_m$ ) para o peso ao nascer (PN), peso a desmama (PD), peso aos 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em bovinos de corte, pelo método REML

<i>Características</i> <i>Autor(res)</i>	<i>Grupo genético</i>	$h^2$	$h^2_m$
<b>PN</b>			
Eler (1994)	Nelore	0,22	0,12
Eler (1994)	Nelore	0,29	0,08
Scarpati et al. (1999)	Nelore	0,20	0,11
Mello et al. (2002)	Canchim	0,39	0,03
Pelicioni et al. (2003a)	Guzerá	0,14	-
Cyrillo (2003a)	Nelore	0,37	0,05
Sakaguti et al. (2003)	Tabapuã	0,36	-
<b>PD</b>			
Eler (1994)	Nelore	0,13	0,13
Eler (1994)	Nelore	0,14	0,17
Ferraz Filho et al. (2000)	Tabapuã	0,16	0,10
Pimenta Filho et al. (2001)	Guzerá	0,35	0,39
Souza et al. (2002)	Guzerá	0,27	0,17
Marcondes et al. (2002)	Nelore	0,19	0,10
Cyrillo (2003a)	Nelore	0,09	0,04
Sakaguti et al. (2003)	Tabapuã	0,46	-
<b>P365</b>			
Eler (1994)	Nelore	0,16	0,10
Eler (1994)	Nelore	0,17	0,12
Pimenta Filho et al. (2001)	Guzerá	0,26	0,28
Souza et al. (2002)	Guzerá	0,24	0,12
Garnero et al. (2002)	Nelore	0,29	0,10
Mello et al. (2002)	Canchim	0,63	0,05
Cyrillo (2003a)	Nelore	0,23	0,05
Sakaguti et al. (2003)	Tabapuã	0,36	-
<b>P550</b>			
Pimenta Filho et al. (2001)	Guzerá	0,46	0,30
Ferraz Filho et al. (2002)	Tabapuã	0,13	0,03
Garnero et al. (2002)	Nelore	0,34	0,02
Marcondes et al. (2002)	Nelore	0,43	0,03
Siguiera et al. (2003)	Nelore	0,47	-
Sakaguti et al. (2003)	Tabapuã	0,35	-

## 2.2 Dados Longitudinais

A curva de crescimento dos animais é usualmente representada através dos pesos medidos em diferentes idades, considerada como dados longitudinais ou medidas repetidas da mesma característica no mesmo indivíduo. Diferentes formas de análise, tem sido empregadas para estes tipos de dados.

Atualmente, a avaliação genética para caracteres de crescimento em bovinos de corte, é realizada considerando os pesos, ou ganhos em pesos, em diferentes idades, como características distintas, mas correlacionadas (Meyer & Hill, 1997), utilizando modelos mistos.

Os pesos são tomados em idades consideradas padrão (ao nascer, à desmama, um ano de idade e sobreano), identificadas em cada animal de forma arbitrária. É assumido que todos os animais apresentam uma mesma forma para a curva crescimento, sem considerar as diferenças genéticas importantes entre os animais. Este modelo pode ser entendido como sendo de dimensão finita uma vez que a escala contínua é arbitrariamente dividida em intervalos (Kirkpatrick et al., 1990; Meyer, 1998a).

Uma vez que os animais são pesados, e selecionados, para alguns pontos da curva de crescimento, pode haver alteração significativa na inclinação da curva mas não na sua forma (Albuquerque & Fries, 1998).

Como os pesos em diferentes idades podem ser descritos por funções contínuas, é possível a utilização do conceito de característica de dimensão infinita, quando o propósito é a análise do crescimento em alguns períodos (Kirkpatrick & Heckman, 1989).

Kirkpatrick & Lofsvold (1992) e Kaps et al. (2000), ao considerarem o caráter contínuo do tempo, ressaltaram a existência de número infinito de idades dos bovinos nas quais os pesos poderiam ser utilizados para uma descrição mais compreensiva do crescimento.

Segundo Van der Werf & Schaeffer (1997), características tomadas em função do tempo merecem um tratamento estatístico diferenciado. De acordo com esses autores, para analisar esse tipo de dado é importante modelar esta estrutura de covariância

utilizando modelos estatisticamente mais adequados que possibilitem fazer inferências a partir do conjunto de dados, e gerar as informações de uma característica que se altera com o passar do tempo.

Ptak & Schaeffer (1993), trabalhando com a produção de leite em bovinos leiteiros, em cada controle, descreveram um modelo animal, como "test-day models", utilizando modelo de repetibilidade. O modelo apresentava formas padrão para curva de lactação, porém estabelecia que a correlação entre medidas repetidas era unitária e considerava que os mesmos genes controlam a produção em todos os controles ao longo da lactação, o que é diferente do encontrado por Meyer et al. (1989).

Sakaguti (2000) alerta que, considerar os pesos em bovinos em diferentes idades como medidas repetidas de característica única, como é feito nas análises que empregam os Modelos de Repetibilidade, não é sustentável na maioria dos estudos de crescimento, pois esses modelos admitem que as variâncias genéticas e não-genéticas, são constantes ao longo do tempo.

### **2.3 Diferentes Aspectos Metodológicos**

Os dados longitudinais ou medidas repetidas de um caráter no mesmo indivíduo têm sido analisadas sob diferentes aspectos metodológicos.

As abordagens usuais têm utilizado modelos de repetibilidade e os modelos de dimensão finita, em análises uni ou multicaracterística. Mais recentemente, funções de covariância (FC) e modelos de regressão aleatória (MRA) têm sido propostos como alternativa para modelar características que são consideradas como dados longitudinais ou medidas repetidas (Kirkpatrick et al. 1990 e 1994, Shaeffer e Dekkers, 1994).

As funções de covariância, que são classificadas como funções contínuas, podem representar as (co)variâncias dos pesos em bovinos. As FC podem ser utilizadas no estudo do crescimento em bovinos com a finalidade de obter as estimativas de (co)variâncias em qualquer período do crescimento.

De acordo com Kirkpatrick & Heckman (1989), os modelos de função de covariância (FC), em relação aos modelos multivariados tradicionais, apresentam

algumas vantagens, pois permitem a descrição para todo ponto de uma escala contínua de medidas possibilitando, através de interpolação, obter as (co)variâncias para idades não estimadas; não há necessidade de se fazer pressuposições sobre a curva de crescimento; viabiliza uma predição melhor da resposta à seleção, pois cada FC tem um conjunto de autovalores que fornece informações sobre a direção na qual a média da trajetória pode ser modificada por seleção; além disso, otimiza a utilização dos dados, pois quando se ajusta os polinômios de menor ordem possível evita-se a superparametrização e minimiza-se a variância do erro.

De acordo com Kirkpatrick et al. (1990 e 1994), as FC são equivalentes às matrizes de (co)variâncias que podem ser estimadas em modelos de análise multivariada de dimensão finita.

A função de covariância possibilita modelar, de maneira mais acurada, a estrutura de variância e covariância das características e possibilita maior flexibilidade na utilização de medidas tomadas em qualquer idade, sem a necessidade de trabalhar com idades padrão ou analisar padrões de covariância relacionadas às alterações de características por toda trajetória (Van der Werf & Schaeffer, 1997).

Sakaguti (2000), trabalhando com dados de crescimento de bovinos da raça Tabapuã, constatou a utilidade da estimação das FC na avaliação do crescimento. Além de determinar a covariância entre qualquer par de idades, a análise das autofunções, associadas aos autovalores das matrizes de coeficientes das FC, revelou que a curva de crescimento dos dois primeiros anos de vida pode ser rapidamente alterada pela seleção.

No melhoramento animal a metodologia de modelos de regressão aleatória e funções de covariância são recentes e têm merecido atenção relativamente grande.

Os coeficientes de regressão aleatória foram propostos por Henderson Jr (1982) e Henderson (1984), porém esta metodologia começou a ser empregada no melhoramento animal através dos trabalhos de Schaeffer & Dekkers (1994), que propuseram a utilização dos modelos de regressão aleatória (Random Regression Models) para avaliação genética de características como produção diária de leite.

Sabe-se que os pesos em diferentes idades não são totalmente influenciados, pelos mesmos grupos de genes, embora estes pesos sejam altamente correlacionados.

De acordo com Meyer (1998b), uma melhor opção de análise é deixar que a trajetória da curva de crescimento represente mais de uma característica. Entretanto, a autora ressalta que não se deve tratar cada idade como uma característica diferente, nem formar classes arbitrárias, é necessário levar em consideração as mudanças nas covariâncias com a idade, ajustando uma curva de crescimento para cada animal, a partir de um modelo misto, e ajustando um modelo de regressão aleatória (MRA).

Realizando a regressão dos pesos dos animais, em relação à idade em que estes pesos foram tomados, é possível descrever a curva de crescimento médio da população.

Segundo El Faro et al. (1999), estes modelos permitem ajustar curvas de lactação aleatórias para cada indivíduo como desvios de uma curva média da população, onde as regressões são ajustadas em função do período, utilizando funções lineares e modelando trajetórias para a média populacional (regressões fixas) e para cada animal (regressões aleatórias). A metodologia possibilita considerar uma estrutura de (co)variâncias para efeitos genéticos aditivos, de ambiente permanente e, quando necessário, as variâncias residuais heterogêneas.

Jamrozick & Schaeffer (1997), trabalhando com modelos de regressão aleatória univariados, obtiveram estimativas dos componentes de (co)variância para produção de leite, gordura e proteína. Estas estimativas posteriormente foram utilizados por Jamrozick et al. (1997) para a avaliação genética, com modelo de regressão aleatória que usava funções lineares e quadráticas da duração da lactação no dia do controle individual da produção, para descrever as regressões fixas e aleatórias nestes modelos. Esta análise possibilitou a realização do cálculo do valor genético de cada animal para produção em diferentes períodos da lactação, concretizando-se a seleção para as características.

Varona et al. (1997), trabalhando modelos de regressão aleatória (MRA) em curvas de crescimento em bovinos de corte, verificaram que esta metodologia permite alterar o formato das curvas de produção através de seleção genética. Na prática isto significa a possibilidade de alterar a taxa de maturidade sem alterar o peso adulto.

Meyer (1998b), trabalhando com bovinos, relatou que os modelos de regressão aleatória (MRA) são uma ferramenta valiosa na modelagem de mensurações repetidas em características de produção animal, principalmente se as características medidas mudam

gradualmente. Os modelos de regressão aleatória permitem, através da FC, formular e descrever a covariância genética e ambiental entre mensurações com o passar do tempo. Os autores Van der Werf et al. (1998), Veerkamp & Thompson (1999) e Strabel & Misztal (1999), também apresentaram trabalhos com modelos de regressão aleatória (MRA) para características de produção animal.

O fator limitante para a utilização dessa metodologia MRA é a possibilidade de ocorrer elevado número de medidas repetidas, o que torna as análises computacionalmente lentas e exige muita memória (Olori et al., 1999).

Meyer (2000) concluiu que os modelos de regressão aleatória são adequados para análise de dados de crescimento até mesmo se estes estão sujeitos a variação sazonal que não pode ser separada, e que não existe necessidade de suposições restritas sobre variância e covariância.

De acordo com Sakaguti (2000), a utilização de MRA na estimação da FC é teoricamente mais atrativa pois permite melhor definição dos efeitos aleatórios (e.g., separa os efeitos permanentes e temporários de ambiente) e utiliza as informações obtidas diretamente das observações, sem que transformações arbitrárias sejam previamente feitas. O autor também menciona que, na avaliação do crescimento de bovinos de corte a sua aplicação deve ser preferencialmente escolhida sempre que os recursos computacionais disponíveis possibilitarem a aplicação de modelos adequados.

Villalba et al. (2000) trabalharam em um modelo de regressão aleatória com polinômios quadráticos e lineares para, respectivamente, descrever a curva de crescimento pré-desmame média e obter os efeitos genéticos dos animais. Os autores concluíram que o uso de coeficientes de regressão aleatória melhorou o ajuste para característica pré-desmame.

De acordo com Sakaguti (2000), a utilização de MRA pode fornecer informações valiosas sobre o comportamento das curvas de crescimento de cada animal, podendo servir de diretriz para os programas de seleção. Misztal (2000) menciona que os modelos de regressão aleatória apresentam aspectos desejáveis, mas, devido a alguns problemas de ajuste e de metodologia, recomenda que os parâmetros calculados por MRA ainda sejam validados.

Nobre (2001), trabalhando com modelos de regressão aleatória em dados de crescimento bovinos da raça Nelore, observou que os modelos permitem o aproveitamento de todos os registros e que as diferenças esperadas na progênie podem ser calculadas para qualquer idade. Meyer (2001), utilizando modelos de regressão aleatória, estimou funções de covariância genética direta e maternal, para registros do crescimento do nascimento a desmama, em bovinos de corte na Austrália.

Albuquerque & Faro (2003) relatam que diferente dos modelos multi-características, que fornecem predições para determinados pontos ou idades, os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para curva de crescimento como um todo, para qualquer idade desejada e para funções da curva de crescimento.

Cyrillo (2003) trabalhando com análise unicaracterística (AU) e modelos de regressão aleatória (MRA) em dados de crescimento de bovinos da raça Nelore, menciona que a magnitude dos parâmetros ( $h^2$ ) obtidos por MRA foram sensivelmente maiores do que os obtidos por AU, indicando que as propriedades dos MRA contribuíram para decomposição mais adequada dos componentes responsáveis pela variação total.

Comparando com os modelos mais simples, as novas metodologias de modelos mais complexos necessitam de mais estudo e melhoria para obtenção de estimativas confiáveis e mais precisas. Isso deve ser feito antes de sua implementação, em escala de rotina em programas de melhoramento animal.

### **3 AVALIAÇÃO DE MODELOS PARA ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA E VALORES GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ**

#### **Resumo**

Foram utilizados 104.101 registros de pesos de bovinos da raça Guzerá, referentes ao período de 1975 a 2001, divididos em intervalo de 90 dias do nascimento aos 630 dias de idade, obtidos pelo controle de desenvolvimento ponderal da Associação Brasileira dos criadores de Zebu (ABCZ). Quatro modelos foram utilizados para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos usando a metodologia REML: o modelo 1 ajustou para os efeitos genético direto (GA), materno (GM), ambiente permanente materno (AM) e residual; no modelo 2 exclui-se GM e no modelo 3 exclui-se AM; no modelo 4 foram excluídos GM e AM. O teste de razão de verossimilhança (LRT) não detectou diferenças significativas ( $P < 0,05$ ), em quase todas as classes de idades, dos modelos 1 e 2. As herdabilidades diretas estimadas no modelo 1 e 2 foram semelhantes. Os valores de herdabilidade cresceram da primeira idade até a segunda idade, mantiveram os mesmos valores até o desmame, e depois cresceram. As estimativas de herdabilidade direta, nas classes de idade mais próximas dos 205, 365 e 550 dias, para os modelos 1 e 2, foram 0,15; 0,12; 0,14 e; nos modelos 3 e 4, foram 0,15; 0,14; 0,15 e 0,26; 0,19; 0,17, respectivamente. O modelo 3 apresentou valores maiores de herdabilidade materna, devido à exclusão de AM. No modelo 4 houve superestimação da variância genética aditiva, devido à exclusão de GM e AM. A comparação entre modelos mostrou que o modelo sem GM foi equivalente ao modelo completo.

**Palavras Chave:** bovinos de corte, características de crescimento, componentes de variância, parâmetros genéticos, efeitos maternos, raça Guzera

## **EVALUATION OF MODELS FOR THE ESTIMATION OF VARIANCE COMPONENTS AND GENETIC VALUES FOR GROWTH TRAITS IN GUZERA BREED**

### **Summary**

A total of 104,101 body weight records, collected in the period of 1975 to 2001, of the Guzera breed, from birth to 630 days, divided in eight 90 days age intervals, of the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ) and were considered in this study, were used to estimate the variance and covariance components by the REML methodology, according to 4 models: model 1 was the complete one, included four random components, genetic direct (GA), genetic maternal (GM) environmental permanent maternal (AM) and the residual; model 2 excluded the GM term; model 3 excluded AM and model 4 excluded both GM and AM components. Likelihood ratio test did not show significant differences ( $p < 0.05$ ) between models 1 and 2 in almost all classes of ages. Direct heritability estimates by models 1 and 2 were quite similar, and increased from first to second age, remained the same until weaning, and then increased. Direct heritability estimates, in the classes of age closer to 205, 365 and 550 days, by models 1 and 2, were 0.15, 0.12, 0.14 and; by the models 3 and 4, were 0.15, 0.14, 0.15 and 0.26, 0.19, 0.17, respectively. Heritability estimates from model 3 were larger due to the exclusion of the AM term of the analysis. In the model 4 it was observed a super estimation of the additive genetic variance. The comparison between the models indicated that model without GM was equivalent to the complete one.

**Key Words:** beef cattle, growth traits, variance components, genetic parameters, maternal effects, Guzera breed

### 3.1 Introdução

A crescente necessidade de se conduzir um sistema produtivo de carne de maneira eficiente, em curto espaço de tempo, torna imprescindível a produção e a seleção de animais com alta precocidade de crescimento. Nesta busca por maior competitividade, demanda-se a adoção de novas tecnologias, capazes de promover ganhos em eficiência e qualidade, aumentando assim a rentabilidade dos investimentos. O estudo dos componentes de variância e valores genéticos para características de crescimento em bovinos de corte é de grande importância para o desenvolvimento da pecuária de corte nacional, pois possibilita obter maiores avanços genéticos e ganhos de produção, no setor. O desempenho dos bovinos é determinado por um componente genético que mede a variância genética aditiva e não aditiva dos genes, e um outro ambiental afetado pela influência temporária ou permanente de meio ambiente.

As metodologias de estimação dos componentes de variância e dos valores genéticos dos animais vêm se aperfeiçoando desde as primeiras décadas do século passado, mas foi Henderson (1953) quem deu um dos passos mais importantes para o seu desenvolvimento e a aplicação no melhoramento animal. Nos programas de melhoramento as avaliações genéticas têm usando o modelo animal (Henderson & Quaas, 1976 e Quaas & Pollak, 1980).

Um problema verificado no método de Henderson é a pressuposição de que não ocorre mudança na média dos valores genéticos dos animais, o que não corresponde a realidade uma vez que os respectivos dados são provenientes de programa de melhoramento. Desta forma, as estimativas resultantes são freqüentemente viesadas pela seleção. Trabalhando com o Método 3 de Henderson os pesquisadores Sorensen & Kennedy (1986) observaram que, apesar das modificações realizadas no referido método, o mesmo não utiliza toda informação disponível nos dados, não sendo um estimador suficiente.

Segundo Meyer (1989b) e Keele et al. (1991), o método de máxima verossimilhança (ML) sob certas condições, pode corrigir para os efeitos de seleção. Nesse método (ML) os componentes são estimados por processos iterativos, onde são

revisadas repetidamente as estimativas de cada efeito até que não ocorra mais mudança nos valores conseguidos, chegando assim aos resultados.

O problema observado no método ML, quando usado em modelos mistos, é a perda de graus de liberdade devido os efeitos fixos serem trabalhados como se fossem conhecidos. De acordo com Meyer (1989b), se o número de efeitos fixos for grande, as estimativas dos componentes de variância podem ser viesados, principalmente o componente residual.

Patterson & Thompson (1971), através de modificação do método ML criaram o método denominado Máxima Verossimilhança Restrita REML, atualmente usado, onde maximiza apenas parte da função de probabilidade que é independente dos efeitos fixos.

Sorensen & Kennedy (1984), Gianola & Fernando (1986) e Van Der Werf & De Bôer (1990) constataram que quando a análise é feita pelo modelo animal de Henderson & Quaas (1976) e toda matriz de parentesco é utilizada, estimadores, como o REML, condensam as informações de todos os graus de parentescos para poder calcular uma estimativa dos componentes de variância da população, obtendo assim uma estimativa não-viesada, mesmo na presença de seleção.

De acordo com Meyer (1992), atualmente o modelo linear misto que considera o animal como efeito genético direto, tem sido usado para diversos propósitos e sua eficácia tem sido constada na estimação de parâmetros genéticos.

Este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de estudar diferentes modelos animais usando a metodologia de REML; definir aqueles que sejam mais adequados para obter estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos no decorrer da fase de crescimento de bovinos da raça guzerá e, também, decompor de modo mais preciso os efeitos genéticos e ambientais para conseguir informações que possam subsidiar aplicações futuras no melhoramento da raça.

## 3.2 Material e Métodos

### 3.2.1 Dados

Os dados utilizados são relativos aos de pesos corporais de bovinos da raça Guzerá, no período de 1975 a 2001, obtidos pelo controle de desenvolvimento ponderal da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e cedidos pelo Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte -Embrapa, Campo Grande MS.

O grupo de contemporâneo (G) foi definido como rebanho-ano-mês de nascimento e sexo e aplicou-se a restrição de que o tamanho de cada G deve-ser composto de, no mínimo, cinco animais.

Assim, no ajuste dos modelos foram usados os dados de 26.314 animais pertencentes a 46 rebanhos, incluindo as pesagens coletadas do nascimento aos 630 dias de idade, resultando em 104.101 registros de pesos de controles realizados a cada três meses.

Foram incluídas todas as informações de genealogia existentes. O arquivo, com as informações de genealogia dos animais para a implementação da matriz de coeficiente de parentesco, foi caracterizado pela inclusão de registros de 1.131 touros e 14.054 vacas. A matriz de coeficiente de parentesco foi composta de 45.095 animais para ajuste dos modelos animais testados.

### 3.2.2 Modelos

O modelo estatístico completo pode ser simbolizado por:

$$y_{ij} = G_i + \sum_{n=1}^2 b_n x_{ij}^n + b_3 z_{ij} + a_{ij} + m_{ij} + pm_{ij} + e_{ij}$$

onde:

$y_{ij}$  = valor observado no peso do animal j pertencente ao grupo contemporâneo i ;

$G_i$  = efeito do grupo contemporâneo  $i$ , formado pela combinação de rebanho-ano-mês de nascimento e sexo;

$b_1$  e  $b_2$  = são os coeficientes de regressão linear e quadrático, respectivamente, do peso do animal em função da idade da vaca ao parto;

$x_{ij}^n$  = idade da vaca ao parto, em meses;

$b_3$  = coeficiente de regressão linear do peso do animal em função da idade do animal;

$z_{ij}$  = idade do animal, em dias;

$a_{ij}$  = efeito genético aditivo direto do animal  $j$  pertencente ao grupo contemporâneo  $i$ ;

$m_{ij}$  = efeito genético aditivo materno do animal  $j$  no grupo contemporâneo  $i$ ;

$pm_{ij}$  = efeito ambiente permanente materno do animal  $j$  no grupo contemporâneo  $i$ ;

$e_{ij}$  = efeito residual.

Na forma matricial os quatro modelos unicaracterísticos empregados para as análises foram:

$$(1) \mathbf{Y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{W1a} + \mathbf{W2 Ep} + \mathbf{W3 m} + \mathbf{e} ;$$

$$(2) \mathbf{Y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{W1a} + \mathbf{W2 Ep} + \mathbf{e} ;$$

$$(3) \mathbf{Y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{W1a} + \mathbf{W3m} + \mathbf{e} ;$$

$$(4) \mathbf{Y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{W1a} + \mathbf{e} .$$

em que :

$\mathbf{Y}$  = vetor dos pesos corporais dos animais;

$\boldsymbol{\beta}$  = vetor de efeitos fixos;

$\mathbf{a}$  = vetor de efeitos aleatório de valores genéticos aditivos dos animais;

$\mathbf{Ep}$  = vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente da vaca;

$\mathbf{m}$  = vetor de efeitos aleatórios de valores genéticos aditivos maternos;

$\mathbf{e}$  = vetor de efeitos aleatórios residual.

**X**, **W1**, **W2** e **W3** = matrizes de incidência correspondentes às observações, para efeitos fixos, efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos de animal, ambiente permanente materno e genéticos aditivos maternos, respectivamente, para o quais assume-se:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{e} \end{pmatrix} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{V}); \quad \mathbf{V} = \begin{pmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{e} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} & & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{G} \otimes \mathbf{A} & & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{E} \mathbf{p} \otimes \mathbf{I} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R} \otimes \mathbf{I} \end{pmatrix}$$

Onde:

**G** = matriz de covariância de efeitos genéticos aleatórios;

**A** = matriz de coeficiente de parentesco entre os animais;

**EP** = matriz de covariância de efeitos ambientais permanente materno;

**R** = matriz de covariância de efeitos residuais;

**I** = matriz de identidade;

$\otimes$  = operador do produto direto entre matrizes.

Os componentes de variância foram estimados utilizando-se o programa DFUNI (Meyer, 1998c), baseado na metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML), que utiliza um algoritmo livre de derivadas, ajustado para um modelo animal.

Foi empregado o teste de razão de verossimilhança (LRT) para verificar a diferença entre os logaritmos das funções de verossimilhança restrita obtidos nos modelos, tornando possível testar a significância da inclusão dos efeitos aleatórios e, também poder identificar o modelo com o menor número de parâmetros que melhor se ajusta aos dados. A diferença entre os valores de  $-2 \log$  dos modelos fornece informação se os modelos diferem significativamente entre si. O teste é baseado na distribuição de qui-quadrado ( $\chi^2$ ) com  $g$  graus de liberdade e probabilidade de erro de 5%, em que  $g$  é a diferença em números de parâmetros estimados nos modelos comparados (Dobson, 1990).

### 3.3 Resultados e Discussão

As informações sobre o número de observações nas classes de idade, médias de idade e de peso, desvio padrão, coeficiente de variação de pesos e números de animais considerados no estudo são apresentados na Tabela 1.

A diferença entre os números de animais utilizados nas análises dos pesos nas respectivas idades, deve-se às restrições impostas na edição dos dados, particularmente quanto ao número de informações em grupo de contemporâneos.

Tabela 1. Número de observações (N), médias de idades, médias e desvios-padrão (DP) e coeficientes de variação (CV) dos pesos, número de filhos por mãe nas respectivas classes de idade

Classes de Idade	N	Amplitude Dias	Média idade	Média Peso (kg)	DP (kg)	CV (%)	Nº de Filhos/mães
1	19.834	1-90	50	62,50	19,13	30,60	1,69
2	20.741	91-180	133	111,60	29,68	26,59	1,72
3	19.466	181-270	223	161,33	38,60	23,92	1,69
4	14.663	271-360	312	187,25	45,40	24,25	1,55
5	11.574	361- 450	403	211,98	58,11	27,41	1,50
6	9.886	451-540	493	243,41	65,46	26,88	1,45
7	7.937	541-630	583	273,66	72,77	26,59	1,38

Constata-se que houve um aumento nas médias dos pesos entre as classes de idade, sendo mais acentuado esse crescimento entre as classes 1 e 2, e 2 e 3, respectivamente. As médias de pesos variaram de 62,50 kg (classe 1) a 273,66 (583 dias de idade). Quanto aos desvios-padrão, esses apresentaram um aumento com a idade que acompanha o crescimento do peso médio devido ao avanço da idade. Os coeficientes de variação (CV) apresentaram diminuição no período que antecede a pré-desmama, tiveram valores menores nas classes idade 3 e 4 e depois voltaram a aumentar até o final.

Tabela 2. Número de fêmeas, porcentagem (%) de fêmeas em relação ao número de partos nas respectivas classes de idade

Classes de Idade	Nº de Fêmeas	% de fêmeas				
		1 Parto	2 Partos	3 Partos	4 Partos	≥5 Partos
1	11719	57,50	25,72	10,24	4,17	2,38
2	12037	56,31	25,61	10,98	4,68	2,42
3	11474	56,91	26,11	10,39	4,43	2,15
4	9442	63,00	24,39	8,56	2,85	1,20
5	7725	66,19	22,54	7,75	2,60	0,92
6	6835	69,28	20,91	6,60	2,46	0,76
7	5733	72,09	19,88	5,95	1,74	0,33

Conforme apresentado na Tabela 2, a porcentagem de fêmeas com apenas um parto aumentou da classe de idade um para classe sete, quando chegou ao valor de 72,09%.

Informação sobre os valores de  $-2 \log$ , de acordo com o modelo empregado na análise e o resultado do teste de LRT, para as respectivas classes de idade, são apresentados na Tabela 3.

O teste da razão de verossimilhança indica diferenças significativas ( $P < 0,05$ ) para quase todas classes de idade quando os modelos 1 e 2 foram comparados ao modelo 4, menos na idade 7 em que os modelos 2 e 4 não diferiram significativamente. Foi observado que os modelos 1 e 2 não diferiram significativamente em quase todas classes de idade, com exceção da classe de idade 7, onde apresenta o menor número de observações, o menor número de filhos por mãe e também possui 72 % das mães com somente um parto de acordo com as Tabelas 1 e 2. Diante disso, foi observado que a decomposição do componente materno em genético e de ambiente permanente não resultou em melhoria de ajuste para esse conjunto de dados. Cyrillo (2003a), trabalhando com pesos de bovinos da raça Nelore em idades subseqüentes, também não encontrou diferenças significativas ( $P < 0,05$ ), para os valores de  $-2 \log L$  quando os modelos 1 e 2

foram comparados entre si , com exceção do conjunto de peso aos três meses de idade, que apresentou o menor número de dados e também a menor proporção filhos/mãe.

Também Pelicioni et al. (2003a), ao estudarem os pesos nas idades obtidas do nascimento aos 450 dias de idade, com animais da raça Guzerá, não encontraram diferença significativa entre os modelos que consideram os efeitos maternos em conjunto, ou decomposto (genético e de ambiente). Os mesmos autores mencionaram a dificuldade de separar efeitos genético direto e materno e de ambiente materno nos dados estudados.

Tabela 3. Valores de -2 Log, de acordo com os modelos, é teste de LRT, para as respectivas classes de idade

<b>Classes de Idade</b>	<b>*Modelo 1</b>	<b>*Modelo 2</b>	<b>*Modelo 4</b>
1	-50241,57 <sup>A</sup>	-50243,48 <sup>A</sup>	-50280,22 <sup>B</sup>
2	-61963,78 <sup>A</sup>	-61964,21 <sup>A</sup>	-62013,99 <sup>B</sup>
3	-63652,89 <sup>A</sup>	-63653,46 <sup>A</sup>	-63718,72 <sup>B</sup>
4	-50853,71 <sup>A</sup>	-50856,38 <sup>A</sup>	-50878,49 <sup>B</sup>
5	-42083,34 <sup>A</sup>	-42083,96 <sup>A</sup>	-42099,86 <sup>B</sup>
6	-36657,82 <sup>A</sup>	-36658,96 <sup>A</sup>	-36664,66 <sup>B</sup>
7	-29922,92 <sup>A</sup>	-29929,06 <sup>B</sup>	-29931,63 <sup>B</sup>
<b>Classes de Idade</b>	<b>*Modelo 1</b>	<b>*Modelo 3</b>	<b>*Modelo 4</b>
1	-50241,57 <sup>A</sup>	-50256,58 <sup>B</sup>	-50280,22 <sup>C</sup>
2	-61963,78 <sup>A</sup>	-61985,35 <sup>B</sup>	-62013,99 <sup>C</sup>
3	-63652,89 <sup>A</sup>	-63681,72 <sup>B</sup>	-63718,72 <sup>C</sup>
4	-50853,71 <sup>A</sup>	-50857,86 <sup>B</sup>	-50878,49 <sup>C</sup>
5	-42083,34 <sup>A</sup>	-42088,21 <sup>B</sup>	-42099,86 <sup>C</sup>
6	-36657,82 <sup>A</sup>	-36658,63 <sup>A</sup>	-36664,66 <sup>B</sup>
7	-29922,92 <sup>A</sup>	-29922,92 <sup>A</sup>	-29931,63 <sup>B</sup>

\*Valores de -2 Log L seguidos de letras iguais, na mesma linha, não diferem ( $P > 0,05$ ) pelo teste LRT.

Na Tabela 3, os modelos 1 e 3 diferiram significativamente ( $P < 0,05$ ) em todas classes de idade, com exceção das classes 6 e 7 onde foram apresentados os menores números de observações de acordo com a Tabela 1. Os modelos 3 e 4 diferiram significativamente ( $P < 0,05$ ) em todas as classes de idade de acordo com a Tabela 3.

Os resultados apresentados nas Tabela 3, demonstraram que, para a maioria das classes de idade estudadas do conjunto de dados, o modelo 2, em cujos efeitos maternos foi considerado somente a parte do efeito de ambiente materno, conseguiu se ajustar tão bem aos dados como o modelo completo. Nas análises realizadas por Cyrillo (2003a) também foram encontrados resultados similares, em que, para a maioria dos conjuntos de dados estudados, o modelo intermediário 2, apresentou a mesma eficácia de ajuste do modelo completo 1. De acordo com Meyer (1992), no estudo de modelo para análise, colocar um dos efeitos maternos (genético e de ambiente permanente materno) pode ser suficiente para ajustar a variação causada pelos referidos efeitos.

As informações sobre as estimativas das variâncias genética direta e materna, de ambiente permanente materno, e variância fenotípica e residual de acordo com os modelos nas diferentes classes de idade, são apresentadas nas Figuras 1, 2, 3 e 4. As informações das herdabilidades direta e materna e a variância de ambiente permanente materno, como proporção da variância fenotípica de acordo com os modelos nas diferentes classes de idade, são apresentada na Tabela 4.

As variâncias fenotípicas nos diferentes modelos se apresentaram com valores menores na primeira classe de idade, ao redor de 97,6 kg<sup>2</sup>, depois houve um aumento crescente com o avanço da idade, chegando a valores maiores, em torno de 1700,0 kg<sup>2</sup> na última pesagem, que corresponde à idade média de 19 meses. O modelo 4 quando comparado com os modelos 1, 2 e 3, apresentou estimativas de  $\sigma_p^2$  que foram um pouco maiores que as obtidas pelos demais modelos, com valores de variância fenotípica variando de 99,4 kg<sup>2</sup>, da classe de idade 1, a 1708,03 kg<sup>2</sup> aos 19 meses (Figuras 1 e 2).

Todos os modelos apresentaram valores de variância residual ( $\sigma_e^2$ ) altos em relação a variação total. Os modelos 1 e 2 apresentaram valores de  $\sigma_e^2$ , no decorrer das diferentes classes de idade, muito semelhantes. O modelo 3 apresentou valores de  $\sigma_e^2$

maiores em praticamente todas classes de idade, quando comparado aos modelos 1 e 2, exceto na oitava idade onde obteve um valor muito próximo do modelo 1. Já o modelo 4 mostrou valores de  $\sigma_e^2$  maiores em todas classes de idade quando comparado aos modelos 1 e 2.

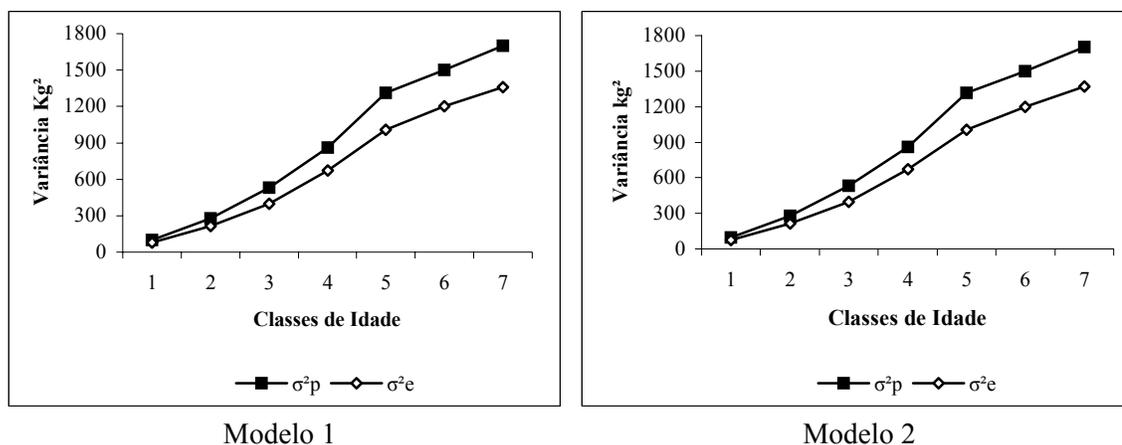


Figura 1- Estimativas de variância fenotípicas ( $\sigma_p^2$ ), e residuais ( $\sigma_e^2$ ), para os modelos um (1) e dois (2), nas respectivas classes de idade

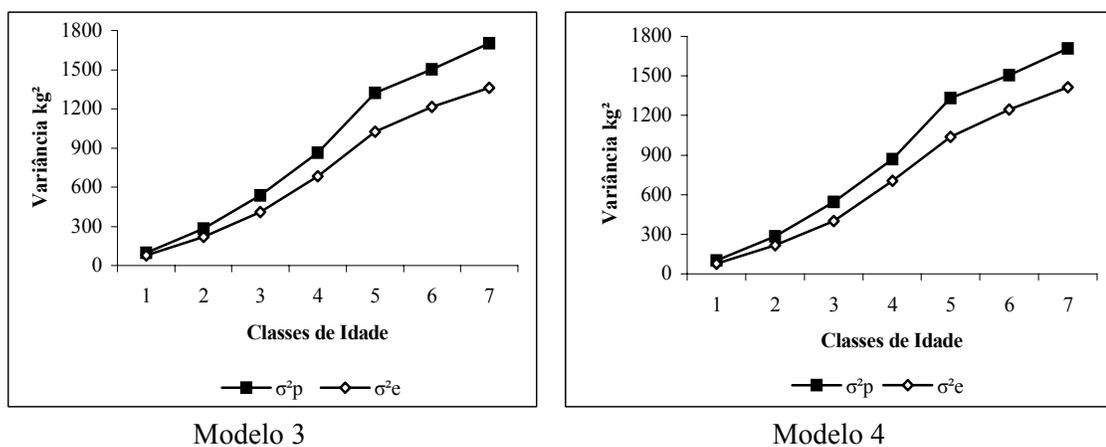


Figura 2- Estimativas de variância fenotípicas ( $\sigma_p^2$ ), e residuais ( $\sigma_e^2$ ), para os modelos três (3) e quatro (4), nas respectivas classes de idade

Como o modelo 4 não considerou efeitos maternos, e foi observada a importância desses efeitos no decorrer das classes de idade, parte da variação oriunda dos efeitos maternos migrou para variação residual, ocasionado maiores valores de  $\sigma_e^2$ .

As estimativas de variâncias genéticas aditivas direta,  $\sigma_a^2$ , para as diferentes classes de idade de pesagens aumentaram da primeira idade até a última idade em todos modelos, sendo que no modelo 4 observou-se um aumento bem mais acentuado de  $\sigma_a^2$  desde da primeira idade, de acordo com as Figuras 3 e 4.

Esse resultado observado no modelo 4 demonstra que a não inclusão dos efeitos maternos aleatórios (genéticos e de ambiente) causa uma superestimação da variância genética aditiva direta, uma vez que esse componente procura explicar toda variação encontrada, com exceção do resíduo Marques et al. (1999).

Os valores das estimativas de variâncias genéticas aditivas diretas observadas nos modelos 1 e 2 foram muito semelhantes.

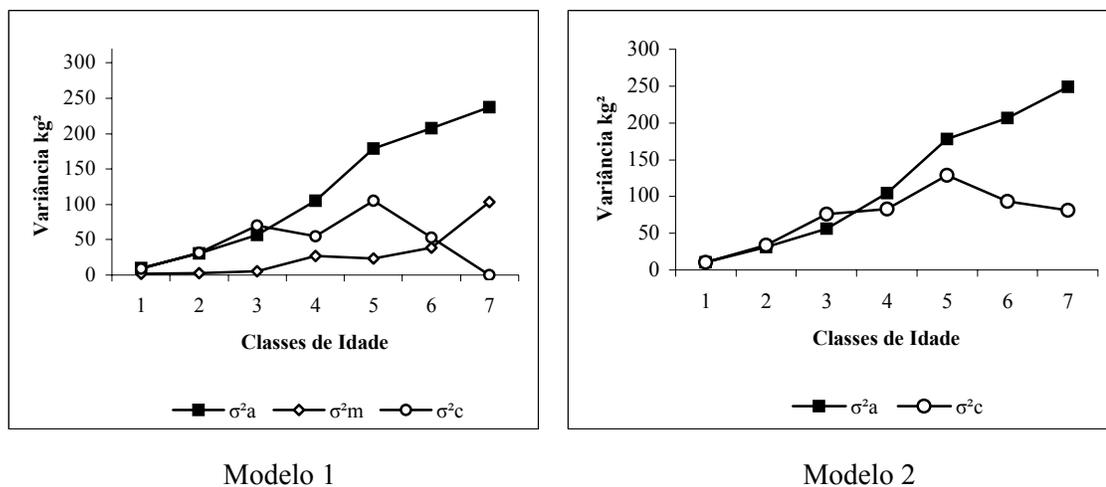


Figura 3- Estimativas de variâncias genéticas aditivas direta ( $\sigma_a^2$ ), e materna ( $\sigma_m^2$ ), de ambiente permanente materno ( $\sigma_c^2$ ), para os modelos um (1) e dois (2), nas respectivas classes de idade

As estimativas de variância genética materna  $\sigma_m^2$ , obtidas no modelo 1, se apresentaram de forma crescente no decorrer das idades, partindo de 1,65 na primeira

idade, chegando a 103,55 na classe de idade 7 (19 meses), sendo que na maioria das classes de idade os valores das  $\sigma_m^2$  foram de baixa magnitude. Resultados semelhantes foram encontrados por Cyrillo (2003a), que ao trabalhar com modelo 1 também obteve estimativas de  $\sigma_m^2$  com valores baixos e que se apresentaram de forma crescente com o avanço das idades. Na comparação dos modelos 1 e 3 constatou-se que houve um incremento nos valores da variância aditiva materna quando o efeito permanente materno era excluído do modelo de análise, e, conseqüentemente, as estimativas de herdabilidade materna tiveram um aumento bastante grande na sua magnitude.

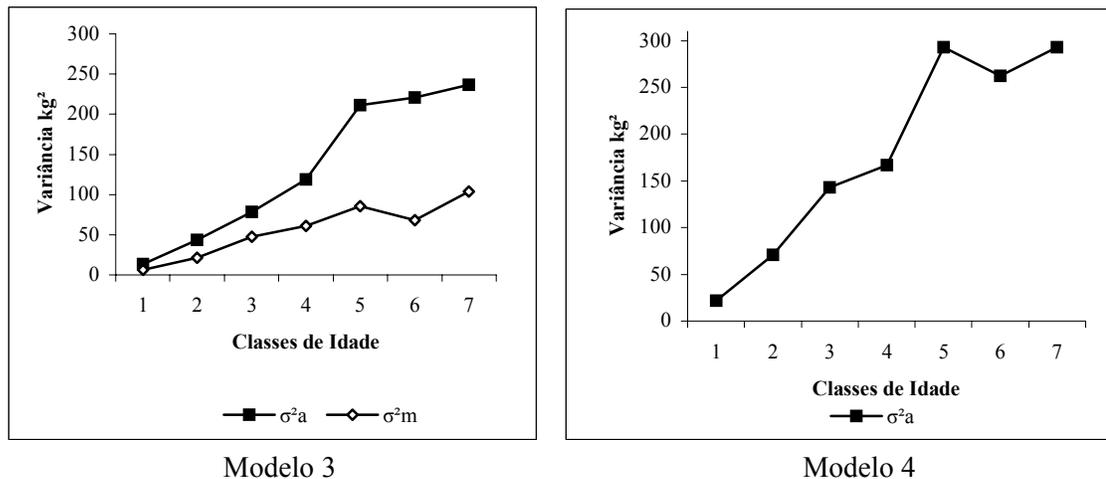


Figura 4 - Estimativas de variância genéticas aditivas direta ( $\sigma_a^2$ ), e materna ( $\sigma_m^2$ ), para os modelos três (3) e quatro (4), nas respectivas classes de idade

Os valores das estimativas de variância de ambiente permanente materno,  $\sigma_c^2$ , nos modelos 1 e 2, tiveram magnitudes consideráveis, mas durante quase todo o período de crescimento se apresentaram com valores menores que os valores das estimativas de  $\sigma_a^2$ , com exceção das classes de idade 2 e 1 em que as estimativas de  $\sigma_c^2$  e  $\sigma_a^2$  foram muito próximas, e na idade 3, cujos valores de  $\sigma_c^2$  foram maiores que a  $\sigma_a^2$  nos dois modelos. Esses resultados são parecidos com os observados por Albuquerque & Meyer (2001), que encontraram efeitos de ambiente permanente maternos com magnitudes consideráveis,

mas que foram inferiores aos valores das  $\sigma_a^2$  em quase todo o período de crescimento, com exceção dos pesos aos 150 e aos 250 dias de idade, que foram semelhantes.

As estimativas de variância de ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica,  $c^2$ , nos modelos 1 e 2, foram crescentes até a classe de idade 3 (7,6 meses idade), demonstrando assim a importância da contribuição de  $c^2$  para variância fenotípica total até a desmama. Após a desmama, os valores  $c^2$  foram diminuindo aos poucos até a classe de idade 7, Tabela 4. Esse comportamento das estimativas de  $c^2$  e semelhante ao encontrado por Albuquerque & Meyer (2001), que constaram que valores de  $c^2$  aumentaram do nascimento até os 150 dias, permanecendo constante até 240 dias e decrescendo após essa idade. Cyrillo (2003a), também observou que as estimativas  $c^2$  foram crescentes até a desmame (7-8 meses), logo após essa idade  $c^2$  foi diminuindo, porém continuou mantendo a importância do ambiente permanente materno.

Tabela 4. Estimativas de herdabilidade direta ( $h^2$ ) e materna ( $h^2m$ ), erro-padrão (EP) e porção da variância fenotípica devida ao ambiente permanente materno ( $c^2$ )

<i>Classes de Idade</i>	<i>1</i>	<i>2</i>	<i>3</i>	<i>4</i>	<i>5</i>	<i>6</i>	<i>7</i>
<b><math>h^2</math></b>							
Modelo 1	0,10	0,11	0,11	0,12	0,13	0,14	0,14
Modelo 2	0,10	0,11	0,11	0,12	0,13	0,14	0,15
Modelo 3	0,14	0,15	0,15	0,14	0,16	0,15	0,14
Modelo 4	0,22	0,24	0,26	0,19	0,22	0,17	0,17
<b>EP</b>							
Modelo 1	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,00
Modelo 2	0,01	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02
Modelo 3	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02
Modelo 4	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,03
<b><math>c^2</math></b>							
Modelo 1	0,09	0,11	0,13	0,06	0,08	0,03	0,00001
Modelo 2	0,11	0,12	0,14	0,10	0,10	0,06	0,05
<b><math>h^2m</math></b>							
Modelo 1	0,02	0,01	0,01	0,03	0,02	0,02	0,06
Modelo 3	0,06	0,07	0,09	0,07	0,06	0,04	0,06

Os modelos 1 e 2 apresentaram estimativas de herdabilidades aditivas diretas  $h^2$  idênticos em todas classes, com exceção da classe de idade 7, que apresentou um valor de  $h^2$  levemente maior no modelo 2, de acordo com a Tabela 4. Pode ser observado que as pequenas diferenças existente nos modelos 1 e 2, demonstraram que o efeito ambiente

materno conseguiu incorporar harmoniosamente os efeitos genéticos maternos, sem ocasionar uma superestimação da variância genética aditiva direta. Tais resultados são parecidos aos encontrados pelo estudo realizado por Cyrillo (2003a).

As estimativas de  $h^2$  encontradas nos modelos 1 e 2 apresentaram valores que partiram de 0,10 (idade 1), 0,11 (idade 2 e 3), e aumentaram até chegar ao valor máximo de 0,15 (idade 7) no modelo 2, Tabela 4.

Na classe de idade 3, que é a pesagem mais próxima dos 205 dias, os modelos estudados apresentaram valores de herdabilidade que variaram de 0,11 a 0,26. Estes valores estão dentro do intervalo mencionado por Mercadante et al. (1995), de 0,05 a 0,58 para peso aos 205 dias, em um trabalho de revisão para as características de crescimento na espécie zebuína.

A classe de idade 4, que representa a pesagem mais próxima dos 365 dias de idade teve um valor de herdabilidade direta de 0,12, nos modelos 1 e 2, e 0,14 e 0,19 nos modelos 3 e 4, respectivamente. As estimativas de  $h^2$  obtidas estão no intervalo dos valores relatados por Ferreira (1985) e Mercadante et al. (1995), que variaram de 0,12 a 0,93.

Foi encontrado, para a classe de idade 6, que está relativamente perto dos 550 dias de idade, valores de  $h^2$  de 0,14, para os modelos 1 e 2 e 0,15 e 0,17 nos modelos 3 e 4, respectivamente. Estes valores de  $h^2$  estão coerentes com os citados na literatura (Pádua & Silva 1994; Eler et al., 1995; Reyes et al., 1997; Garnero et al., 2001), que variaram de 0,13 a 0,31. Os maiores valores de herdabilidades aditivas diretas em todas classes de idade foram encontrados no modelo 4, indicando uma superestimação da variância genética aditiva, Tabela 4.

Os valores de herdabilidade materna no modelo 1 em quase todas classes de idade foram relativamente baixos, saindo de 0,02 para classe de idade 1, e chegando ao valor máximo de 0,06 na idade 7. Como no modelo 3 houve um incremento das  $\sigma_m^2$ , devido exclusão dos efeitos de ambiente materno, conseqüentemente as estimativas de  $h^2m$  apresentaram valores maiores que no modelo 1, Tabela 4. Essa diferença de valores de estimativas, de  $h^2m$ , que também foi observada nos trabalhos de Meyer (1992 e 1994) e Robinson (1996), poderia ser explicada pelo fato do método não diferenciar

apropriadamente a influência de cada um dos componentes maternais que têm origem na mesma fonte de variação.

### **3.4 Conclusões**

As estimativas de herdabilidade direta nos modelos 1 e 2 cresceram da primeira classe de idade até a segunda, mantiveram os mesmos valores até o desmame e, depois, cresceram.

As estimativas de variância genética materna foram muito baixas no período antes da desmama, porém foram maiores as variâncias causadas pelos efeitos de ambiente permanente materno. Os maiores valores de herdabilidade materna observada no modelo 3, sem efeito de ambiente permanente materno, foi causado pela exclusão deste efeito, demonstrando que não houve discriminação correta dos dois componentes maternos. Os maiores valores de herdabilidades aditivas diretas em todas as classes de idade foram encontrados no modelo 4, indicando uma superestimação da variância genética aditiva.

O modelo onde, dos efeitos maternos considerado-se apenas a parte do efeito de ambiente permanente, foi equivalente ao modelo o modelo completo.

#### **4 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ USANDO ANÁLISES UNICARACTERÍSTICAS E BICARACTERÍSTICAS**

##### **Resumo**

Foram utilizados os pesos ajustados às idades padrão de 120 (P120), 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idades, resultando em 55.063 registros de pesos, realizados em 22.949 animais pertencentes a 46 rebanhos de bovinos da raça Guzerá, referentes ao período de 1975 a 2001, obtidos pelo controle de desenvolvimento ponderal da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). Nas análises unicaracterísticas e bicaracterísticas dois modelos foram utilizados para obter estimativas de parâmetros genéticos usando a metodologia REML: o modelo 1, que incluiu os efeitos genético direto e materno e os efeitos de ambiente permanente materno e residual; o modelo 2 inclui o efeito genético direto e os efeitos de ambiente permanente materno e residual. As estimativas, e o comportamento das variâncias, nos modelos 1 e 2, nas análises uni e bicaracterísticas, foram parecidas. No modelo 1 as estimativas de variância genética materna foram baixas, principalmente no período antes da desmama. As herdabilidades diretas nos modelos 1 e 2, nas análises uni e bicaracterísticas, foram semelhantes. As estimativas das herdabilidades direta das análises uni e bicaracterísticas, para P120, P205, P365 e P550 foram 0,15; 0,10; 0,17 e 0,14 e, 0,14; 0,10; 0,16 e 0,15, respectivamente. As estimativas de herdabilidade materna foram baixas para todas as idades. As correlações genéticas foram semelhantes nos modelos 1 e 2. As correlações genéticas direta nos modelos 1 e 2 para P120/P205, P120/P365, P120/P550, P205/P365, P205/P550 e P365/P550 foram 0,80; 0,54; 0,54; 0,74; 0,62 e 0,95 e, 0,80; 0,54; 0,53;

0,74; 0,62 e 0,95 respectivamente. A comparação entre modelos mostrou que o modelo 2 proporcionou ajuste similar ao modelo 1.

**Palavras Chave:** componentes de variância, correlações, parâmetros genéticos, efeitos maternos, características de crescimento, bovinos de corte, raça Guzera, análise multi-caráter

## **ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR GROWTH TRAITS IN GUZERA BREED USING SINGLE-TRAIT AND TWO-TRAIT ANALYSES**

### **Summary**

A total of 55,063 body weight records adjusted to 120 (W120), 205 (W205), 365 (W365) and 550 (W550) days of age, from 22,949 animals belonging to 46 Guzera herds, referring to the period from 1975 to 2001 under the weight development control program of the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ) were considered in this study. Two models were used in the single and two-trait analyses to estimate the genetic parameters by the REML: model 1 is complete, included direct and maternal genetic effects, as well as maternal permanent environmental and residual effects; model 2 included the direct genetic effect and the maternal permanent environmental and residual effects. Estimates and behavior of variances for models 1 and 2 by the single-trait and two-trait analyses were similar. In model 1 the estimates maternal genetic variance were low, mainly before the weaning. Direct heritabilities estimated by models 1 and 2 in the single-trait and two-trait analyses were similar. Direct heritability estimates by single-trait and two-trait analyses for W120, W205, W365 and W550 were 0.15, 0.10, 0.17, 0.14 and, 0.14, 0.10, 0.16, 0.15, respectively. Estimates of maternal heritability were low for all considered ages. The genetic correlations were similar for models 1 and 2. The direct genetic correlations by models 1 and 2 for W120/W205, W120/W365, W120/W550, W205/W365, W205/W550 and W365/W550 were 0.80, 0.54, 0.54, 0.74,

0.62, 0.95 and, 0.80, 0.54, 0.53, 0.74, 0.62, 0.95, respectively. The comparison between the models indicated that the reduced model was equivalent to the complete model.

**Key Words:** beef cattle, growth traits, variance components, genetic parameters, maternal effects, Guzera breed

#### 4.1 Introdução

A produção animal reside, basicamente na qualidade do rebanho. Desse modo, procura-se selecionar animais que possuam maior desempenho, eficiente conversão dos alimentos em carne, com alta precocidade de crescimento e, pertencentes aos tipos e padrões que transmitam aos seus descendentes as qualidades desejáveis.

Para a realização da seleção é preciso ter conhecimento dos valores dos componentes de (co) variância, para que sejam determinados os parâmetros genéticos das características a serem melhoradas. As estimativas dos parâmetros genéticos fornecem informações importantes sobre o quanto das diferenças observadas em cada característica de interesse econômico, se deve a fatores genéticos, que sejam transmissíveis às próximas gerações. Essa variabilidade observada entre as características dos indivíduos esta relacionada ao desenvolvimento ponderal dos animais e influenciado por um componente genético que quantifica a variância genética aditiva e não aditiva dos genes, e a um componente ambiental que sofre influência temporária ou permanente de ambiente.

Importante destacar que o sucesso da seleção passa pela eficiência das avaliações genéticas, que depende da acurácia das estimativas dos componentes de variância que por sua vez depende da metodologia e do modelo mais adequado. Os métodos de análise, utilizados na estimação dos componentes de variância, vêm evoluindo muito ao longo dos últimos anos.

Baseando-se em um conjunto amplo de metodologias para estimação de componentes de covariâncias, Meyer (1988, 1989a, 1991, 1993 e 1998d) desenvolveu um programa chamado DFREML, para estimação de componentes de (co) variância, de parâmetros

genéticos, para análise uni ou multivariada. O sistema DFREML permite um aumento no tamanho e na complexidade dos problemas analisáveis, utilizando o método da “Máxima-Verossimilhança Restrita” (REML) (Verneque, 1994).

Grande parte das avaliações genéticas de características de crescimento em bovinos de corte tem como base as informações de pesos obtidos após ao nascimento, a desmama, ao ano e ao sobreano, que são utilizados como critérios de seleção. Os pesos a desmama permitem obter informações sobre a habilidade materna das vacas e o potencial de crescimento dos bezerros. Já os pesos ao ano e ao sobreano vão fornecer informações a respeito da real capacidade de crescimento desses indivíduos após a desmama (Pereira, 2003).

Como estratégia dentro do melhoramento animal, é importante que se tenha um breve conhecimento sobre algumas estimativas de parâmetros das características de crescimento.

Os autores Eler et al. (1995), Lôbo et al. (1997), Reyes et al. (1997), Garnero et al. (2001) e Siqueira et al. (2003) obtiveram valores de estimativas de herdabilidade de peso aos 120 dias de idade variando de 0,19 a 0,29.

Em um trabalho de revisão para características de crescimento nas raças zebuínas, Mercadante et al. (1995), encontraram as seguintes variações de valores de herdabilidade, 0,05 a 0,58 para peso aos 205 dias, 0,12 a 0,93 para peso aos 365 dias de idade e 0,09 a 0,79 para peso aos 550 dias, refletindo expressiva variabilidade genética direta das características existentes em todas as populações estudadas.

As correlações existentes entre essas características de crescimento são positivas, demonstrando que a seleção direta, para uma determinada característica, provoca mudanças em outra característica, na mesma direção (Oliveira et al., 1982 e Mascioli et al., 1996).

O objetivo deste trabalho foi estimar componentes de variância e covariância e parâmetros genéticos, comparando diferentes modelos unicaracterístico e bicaracterístico, para características de pesos ajustados às idades-padrão de 120 (P120), 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de um conjunto de dados de bovinos da raça Guzerá.

## 4.2 Material e Métodos

### 4.2.1 Dados

Os dados utilizados são relativos aos registros de pesos corporais de bovinos da raça Guzerá, no período de 1975 a 2001, coletados pelo controle de desenvolvimento ponderal da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e disponibilizados pelo Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte -Embrapa, Campo Grande (MS).

Para o ajuste dos modelos foram utilizados os pesos ajustados às idades padrão de 120 (P120), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, resultando em 55.063 registros de pesos, realizados em 22.949 animais, pertencentes a 46 rebanhos. O grupo contemporâneo (G) foi definido como rebanho-ano-mês de nascimento e sexo e com a restrição de que o tamanho de cada G deve-ser composto de, no mínimo, cinco animais.

O arquivo com as informações de genealogia dos animais, para a implementação da matriz de coeficiente de parentesco (**A**), foi caracterizado pela inclusão de registros de 940 touros e 9.645 vacas. A matriz **A** foi composta de 45.095 animais.

### 4.2.2 Modelos

O modelo estatístico completo utilizado para análises unicaraterísticas e bicaraterísticas foi:

$$y_{ij} = G_i + \sum_{n=1}^2 b_n x_{ij}^n + a_{ij} + m_{ij} + pm_{ij} + e_{ij}$$

onde:

$y_{ij}$  = valor observado no peso do animal j pertencente ao grupo contemporâneo i ;

$G_i$  = efeito do grupo contemporâneo i, formado pela combinação de rebanho-ano-mês de nascimento e sexo;

$b_1$  e  $b_2$  = coeficientes de regressão linear e quadrático, respectivamente, do peso do animal em função da idade da vaca ao parto;

$x_{ij}^n$  = idade da vaca ao parto, em meses;

$a_{ij}$  = efeito genético aditivo direto do animal j pertencente ao grupo contemporâneo i;

$m_{ij}$  = efeito genético aditivo materno do animal j pertencente ao grupo contemporâneo i;

$pm_{ij}$  = efeito ambiente permanente materno do animal j pertencente ao grupo contemporâneo i;

$e_{ij}$  = efeito residual.

Na forma matricial, os modelos empregados para as análises, foram:

$$(1) \mathbf{Y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{W1}\mathbf{a} + \mathbf{W2}\mathbf{Ep} + \mathbf{W3}\mathbf{m} + \mathbf{e} ;$$

$$(2) \mathbf{Y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{W1}\mathbf{a} + \mathbf{W2}\mathbf{Ep} + \mathbf{e} .$$

onde:

$\mathbf{Y}$  = vetor dos pesos corporais dos animais;

$\boldsymbol{\beta}$  = vetor de efeitos fixos;

$\mathbf{a}$  = vetor de efeitos aleatórios de valores genéticos aditivos dos animais;

$\mathbf{Ep}$  = vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente da vaca;

$\mathbf{m}$  = vetor de efeitos aleatórios de valores genéticos aditivos maternos;

$\mathbf{e}$  = vetor de efeitos aleatórios residuais.

$\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{W1}$ ,  $\mathbf{W2}$  e  $\mathbf{W3}$  = matrizes de incidência correspondentes às observações, para efeitos fixos, efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos de animal, ambiente permanente materno e genéticos aditivos maternos, respectivamente, para o quais assume-se:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{e} \end{pmatrix} \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{V}); \quad \mathbf{V} = \begin{pmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{e} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} & & & & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ & & & & \mathbf{G} \otimes \mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ & & & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{E}_p \otimes \mathbf{I} & \mathbf{0} \\ & & & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R} \otimes \mathbf{I} \end{pmatrix}$$

Onde:

**G** = matriz de covariância de efeitos genéticos aleatórios;

**A** = matriz de coeficientes de parentesco entre os animais;

**EP** = matriz de covariância de efeitos ambientais permanente materno;

**R** = matriz de covariância de efeitos residuais;

**I** = matriz de identidade;

$\otimes$  = operador do produto direto entre matrizes.

Os componentes de (co) variância foram estimados utilizando-se os programas DFUNI e DXMUX (Meyer, 1998d), baseado na metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML), para análise dos modelos unicaracterístico e bicaracterístico, respectivamente.

Foi empregado o teste da razão de verossimilhança (LRT) para verificar a diferença entre os logaritmos das funções de verossimilhança restrita obtidos nos modelos, tornando possível testar a significância da inclusão dos efeitos aleatórios e, também, permitindo identificar o modelo que melhor se ajusta aos dados com o menor número de parâmetros. A diferença entre os valores de  $-2 \log L$  dos modelos informa se os modelos diferem significativamente entre si. O teste é baseado na distribuição de qui-quadrado ( $\chi^2$ ) com  $g$  graus de liberdade e probabilidade de erro de 5%, em que  $g$  é a diferença em números de parâmetros estimados nos modelos comparados (Dobson, 1990).

### 4.3 Resultados e Discussão

As informações sobre o número de observações nas idades, média de peso, desvio padrão de pesos, grupos contemporâneos, animais considerados no estudo são apresentados na Tabela 1.

Observa-se que as idades estudadas tiveram aumento nas médias dos pesos entre as classes de idades, sendo mais acentuado esse crescimento entre as idades P365 e P550. Constata-se que as médias de peso nas respectivas idades variaram de 103,66 kg (P120) a 262,66 (P550). Os desvios-padrão apresentaram um aumento com a idade, acompanhando o aumento do peso médio.

Tabela 1. Número de observações (N), médias (MP) e desvios-padrão (DP) dos pesos, grupos contemporâneos (GP), número de touros, mães e filhos por mães considerados nos dados de pesos ajustados às idades-padrão de 120 (P120), 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias

Idades	N	MP (kg)	DP (kg)	Nº de GP	Nº de touros	Nº de mães	Nº de filhos/mães
P120	17.495	103,66	24,12	2043	857	8.282	2,11
P205	18.140	153,51	34,78	2056	848	8.402	2,16
P365	11.423	200,13	40,16	1354	696	6.170	1,85
P550	8.005	262,66	69,32	925	581	4686	1,71

Informações sobre os valores de  $-2 \text{ Log } L$ , de acordo com o modelo empregado nas análises unicaracterísticas e o resultado do teste de LRT, para as respectivas características, são apresentados na Tabela 2. Utilizando o teste de razão de verossimilhança, os modelos 1 e 2 não diferiram significativamente ( $P < 0,05$ ) em todas características estudadas, de acordo com Tabela 2. A decomposição do componente

materno em genético e de ambiente permanente não resultou em melhoria de ajuste nas características para as idades estudadas.

Pelicioni et al.(2003a), que trabalharam com análises unicaracterísticas para características de crescimento de bovinos da raça Guzerá, não encontraram diferenças significativas ( $P < 0,05$ ), entre os modelos 1 e 2, para pesos mensais até 450 dias de idades. Marques et al. (1999), ao estudarem características de crescimento em bovinos, não encontraram diferenças significativas entre os modelos 1 e 2, para o peso aos 100 e 365 dias. Por outro lado Bittencourt et al. (2002), que trabalharam com estimação de componentes de variância para características de crescimento pós-desmama de bovinos da raça Nelore, usando diferentes modelos, encontraram diferenças significativas entre os modelos 1 e 2, para o peso aos 365 dias.

Tabela 2. Valores do -2 log, de acordo com os modelos 1,2, e o resultado teste de LRT, para as respectivas características, em análises unicaracterísticas

Características	*Modelo 1	*Modelo 2
P120	-52420,81 <sup>A</sup>	-52422,89 <sup>A</sup>
P205	-59724,42 <sup>A</sup>	-59725,37 <sup>A</sup>
P365	-41611,08 <sup>A</sup>	-41611,64 <sup>A</sup>
P550	-30626,56 <sup>A</sup>	-30629,97 <sup>A</sup>

\*Valores de -2 Log seguidos de letras iguais, na mesma linha, não diferem ( $P > 0,05$ ) pelo teste LRT

Informações sobre os valores de -2 log, de acordo com o modelo empregado nas análises bicaracterísticas e o resultado do teste de LRT, para as respectivas características, são apresentados nas Tabelas 3.

Nas análises bicaracterísticas, os modelos 1 e 2 não diferiram significativamente ( $P < 0,05$ ) nas características estudadas, exceto nas características de P120P550.

Na Tabela 3, os resultados do teste de LRT, demonstraram que, para maioria dos pesos estudados o modelo 2, que considerou somente parte do ambiente permanente dos efeitos maternos, apresentou a mesma eficácia de ajuste em relação ao modelo 1, considerado como completo.

No estudo de modelo para análise, colocar um dos efeitos maternos (genético e de ambiente permanente materno) pode ser suficiente para ajustar a variação causada pelos referidos efeitos, (Meyer, 1992).

Tabela 3. Valores de  $-2 \log L$ , de acordo com os modelos 1 e 2, e o resultado do teste de LRT, para as respectivas características, em análises bicaracterísticas

Características	*Modelo 1	*Modelo 2
P120P205	-216265,3204 <sup>A</sup>	-216272,0395 <sup>A</sup>
P120P635	-185739,7080 <sup>A</sup>	-185746,1256 <sup>A</sup>
P120P550	-164999,5972 <sup>A</sup>	-165007,8972 <sup>B</sup>
P205P365	-198034,7078 <sup>A</sup>	-198038,3612 <sup>A</sup>
P205P550	-178643,6352 <sup>A</sup>	-178649,5814 <sup>A</sup>
P365P550	-139926,8942 <sup>A</sup>	-139933,2093 <sup>A</sup>

\*Valores de  $-2 \log$  seguidos de letras iguais, na mesma linha, não diferem ( $P > 0,05$ ) pelo teste LRT

Na Tabela 4 são apresentadas as informações sobre as estimativas das variâncias genética direta e materna, e de ambiente permanente materno e residual, bem como a herdabilidade direta e materna e a variância de ambiente permanente materno, como proporção da variância fenotípica de acordo com o modelo empregado nas análises unicaráter, para as respectivas características.

Nas análises unicaracterísticas, os modelos 1 e 2 apresentaram valores de variância residual, nos P120, P205, P365 e P550, muito semelhantes, mas apresentaram valores altos em relação variância total (Tabela 4 e Figura 1).

Os valores das estimativas de variância genéticas aditivas, das análises unicaracterísticas observados nos modelos 1 e 2, foram semelhantes, conforme Figura 1. O modelo 2, que considerou somente parte do efeito ambiente permanente dos efeitos maternos, apresentou valores de estimativas de variância genéticas aditivas muito próximas do modelo 1.

No modelo 1, as estimativas de variância genética materna se apresentaram de forma crescente com o avanço na idade de pesagem, sendo que a maioria dos valores encontrados foram baixos.

Tabela 4. Estimativas das variâncias genéticas direta ( $\sigma_a^2$ ) e materna ( $\sigma_m^2$ ), de ambiente permanente materno ( $\sigma_c^2$ ) e residual ( $\sigma_e^2$ ) expressa em Kg<sup>2</sup>, e herdabilidade direta ( $h^2$ ) e materna ( $h^2_m$ ) e porção da variância fenotípica devida ao ambiente permanente materno ( $c^2$ ), em análises unicaracterísticas com diferentes modelos

	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_c^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	$h^2_m$	$c^2$
Modelo 1								
P120	38,62	5,14	26,54	186,71	257,03	0,15	0,02	0,10
P205	46,69	7,07	66,14	368,09	488,00	0,10	0,01	0,13
P365	196,56	18,09	75,42	831,46	1121,53	0,17	0,02	0,07
P550	239,58	100,19	0,002	1305,87	1645,64	0,14	0,06	0,00001
Modelo 2								
P120	38,31	—	31,92	186,75	256,99	0,15	—	0,12
P205	46,69	—	72,83	368,38	487,91	0,10	—	0,14
P365	196,60	—	93,69	831,21	1121,51	0,17	—	0,08
P550	242,99	—	93,73	1308,45	1645,18	0,14	—	0,05

Nas análises unicaracterísticas, realizadas nos modelos 1 e 2, os valores das estimativas de variância de ambiente permanente materno, tiveram magnitudes consideráveis mas, quase todos os pesos estudados se apresentaram com valores menores que das estimativas de variâncias genéticas aditivas direta, com exceção do peso aos 205 dias de idade.

Os valores das estimativas de variância de ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica,  $c^2$ , nos modelos 1 e 2, foram crescentes até o peso padronizado de 205 dias (desmama) e depois as estimativas de  $c^2$  foram diminuindo até o peso aos 550 dias de idade, mostrando a importância da contribuição de  $c^2$  para variância total até a desmama, (Tabela 4 e Figura 2).

Resultados semelhantes foram obtidos por Cyrillo (2003a) que, trabalhando com pesos padronizados, observou que as estimativas de variância de ambiente permanente

materno como proporção da variância fenotípica nos modelos 1 e 2, apresentaram valores que foram crescentes até o peso de 210 dias (desmame) e depois foram diminuindo até o peso de 378 dias de idade.

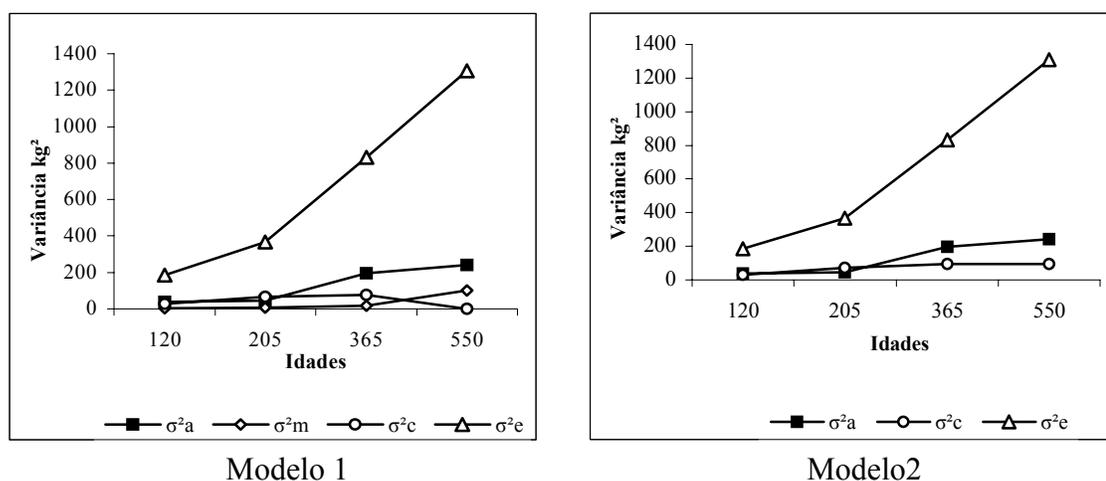


Figura 1- Estimativas de variâncias genéticas aditivas direta ( $\sigma_a^2$ ), e materna ( $\sigma_m^2$ ), de ambiente permanente materno ( $\sigma_c^2$ ) e residuais ( $\sigma_e^2$ ), em análises unicaracterísticas com diferentes modelos, nas respectivas idades

Nas análises unicaracterísticas, os modelos 1 e 2 apresentaram estimativas de herdabilidades aditivas diretas idênticas para P120, P205 é, P365 e P550, ( Tabela 4 e Figura 2). A estimativa de herdabilidade aditiva direta do P120 foi 0,15, valor este coerente com os resultados encontrados pelos autores Eler et al. (1995), Lôbo et al. (1997), Reyes et al. (1997), Garnero et al. (2001) , Siqueira et al. (2003) e Cyrillo (2003a), que obtiveram estimativas de herdabilidade de peso ao 120 dias de idade variando de 0,05 a 0,29.

Para o peso aos 205 dias de idade, a estimativa herdabilidade aditiva direta foi de 0,10, dentro do intervalo citado por Mercadante et al. (1995), de 0,05 a 0,58 para o P205.

A estimativa de herdabilidade aditiva direta para o P365 foi de 0,17, resultado coerente com o intervalo dos valores relatados por Nájera Ayala et al. (1991), Pimenta Filho et al. (2001) e Bittencourt et al. (2002), que variaram de 0,16 a 0,27.

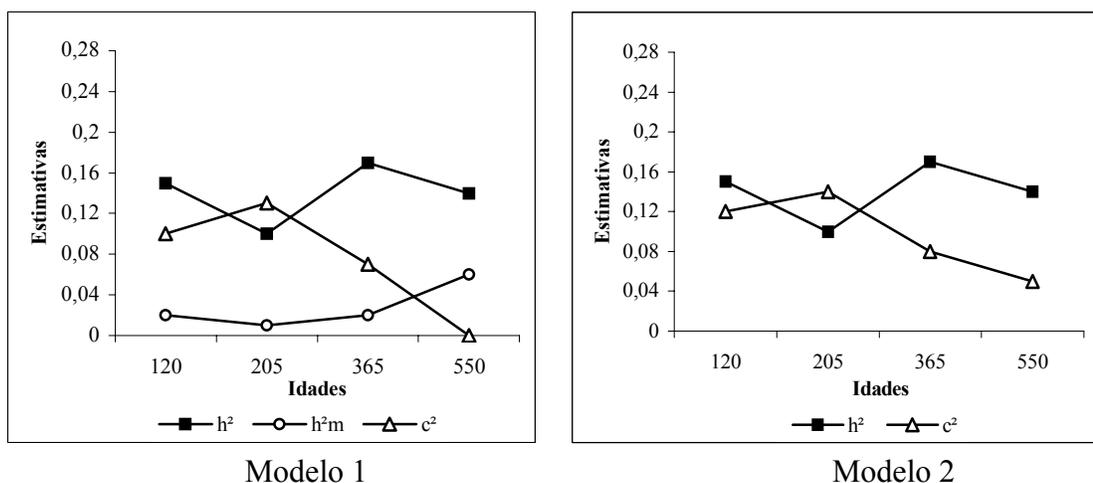


Figura 2- Estimativas de herdabilidades direta ( $h^2$ ) materna ( $h^2m$ ) e do efeito de ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica total ( $c^2$ ), em análises unicaracterísticas com diferentes modelos, nas respectivas idades

A estimativa de herdabilidade direta para o peso aos 550 dias foi de 0,14, estando de acordo com os valores encontrados por Pádua e Silva (1994), Eler et al. (1995), Reyes et al. (1997), Garnero et al. (2001) e Souza et al. (2002), que encontraram valores variando de 0,13 a 0,40. As estimativas de herdabilidade materna obtida na análise unicaracterística no modelo 1, para o P120, P205, P365 e P550 foram 0,02; 0,01; 0,02 e 0,06, respectivamente, esses valores são considerados baixos.

Na Tabela 5 são apresentadas as informações sobre as estimativas das variâncias, bem como a herdabilidade direta e materna e a variância de ambiente permanente materno, como proporção da variância fenotípica, de acordo com o modelo empregado, para os pesos ajustados aos 120, 205, 365 e 550 dias de idade, obtidas em análises bicaracterísticas.

Nas análises bicaracterísticas, os modelos 1 e 2 apresentaram valores de variância e herdabilidade, P120, P205, P365 e P550, muito semelhantes e o comportamento das estimativas nos respectivos modelos foi parecido com, o observado nas estimativas das análises unicaracterísticas (Tabela 4 e 5, Figura 3).

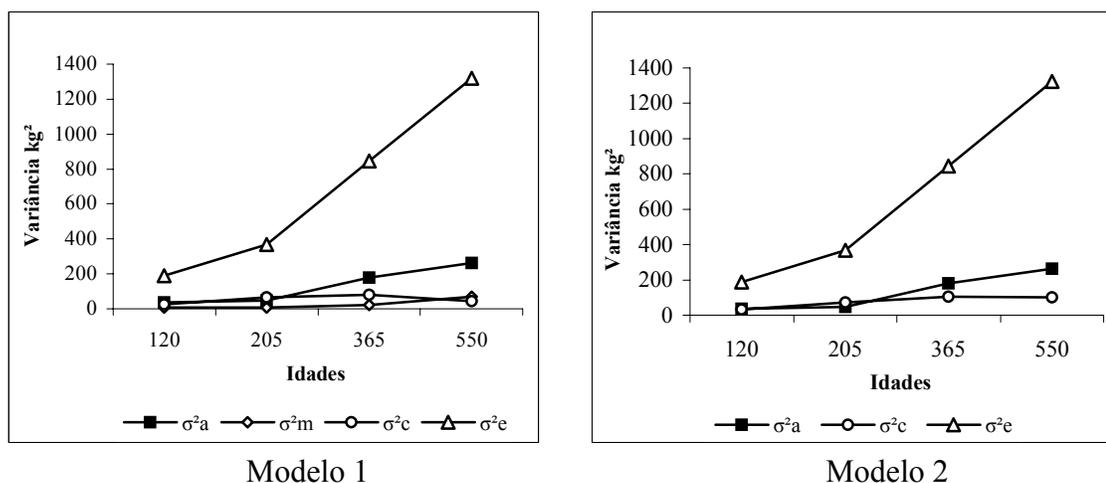


Figura 3- Médias das estimativas de variâncias genéticas aditivas direta ( $\sigma_a^2$ ), e materna ( $\sigma_m^2$ ), de ambiente permanente materno ( $\sigma_c^2$ ) e residuais ( $\sigma_e^2$ ), em análises bicaracterísticas com diferentes modelos, nas respectivas idades

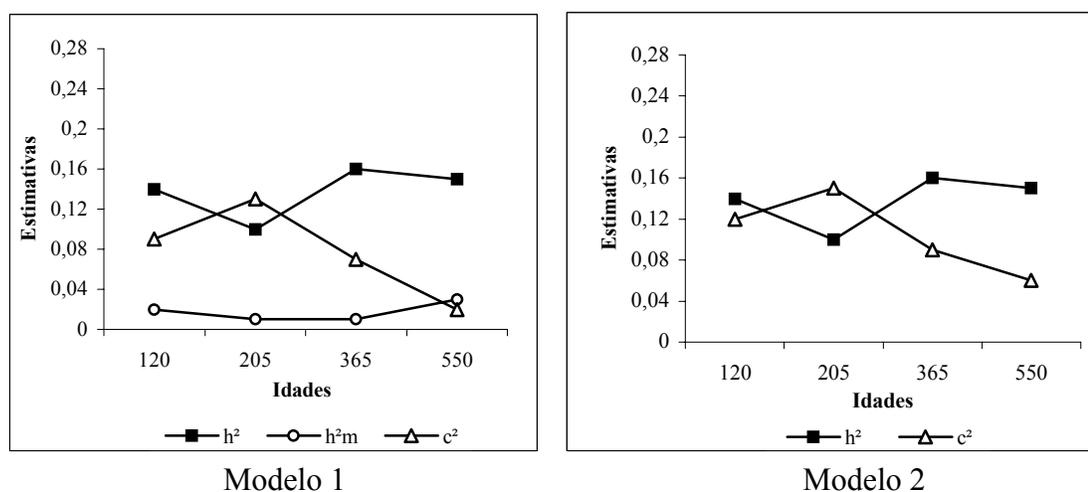


Figura 4 - Médias estimativas de herdabilidades direta ( $h^2$ ) materna ( $h^2_m$ ) e do efeito de ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica total ( $c^2$ ), em análises bicaracterísticas com diferentes modelos, nas respectivas idades

Tabela 5. Estimativas das variâncias genéticas direta ( $\sigma_a^2$ ) e materna ( $\sigma_m^2$ ), de ambiente permanente materno ( $\sigma_c^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_p^2$ ) expressa em Kg<sup>2</sup>, e herdabilidade direta ( $h^2$ ) e materna ( $h^2_m$ ) e porção da variância fenotípica devida ao ambiente permanente materno ( $c^2$ ), em análises bicaracterísticas com diferentes modelos

	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_c^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	$h^2_m$	$c^2$
Modelo 1								
<i>Características<sup>1</sup></i>								
<b>P120/P205</b>	38,75	5,23	24,37	189,12	257,48	0,15	0,02	0,09
<b>P120/P365</b>	37,28	6,03	24,89	189,65	257,86	0,14	0,02	0,09
<b>P120 /P550</b>	37,40	5,41	26,75	187,50	257,07	0,14	0,02	0,10
<b>P205/P120</b>	52,41	9,32	59,25	370,21	491,21	0,10	0,01	0,12
<b>P205/P365</b>	45,15	7,93	66,96	367,96	488,00	0,10	0,01	0,13
<b>P205/P550</b>	45,02	8,23	66,13	367,97	487,36	0,10	0,01	0,13
<b>P365/P120</b>	191,02	19,78	83,41	843,85	1138,10	0,16	0,01	0,07
<b>P365/P205</b>	168,81	15,85	94,23	857,14	1136,00	0,15	0,01	0,08
<b>P365/P550</b>	176,79	31,64	65,82	830,90	1105,20	0,16	0,02	0,06
<b>P550/P120</b>	261,69	60,51	43,78	1306,40	1672,40	0,15	0,03	0,02
<b>P550/P205</b>	247,67	48,65	64,78	1318,10	1679,20	0,14	0,02	0,04
<b>P550/P365</b>	277,07	95,82	18,37	1335,90	1727,20	0,16	0,05	0,01
Modelo 2								
<b>P120/P205</b>	38,34	-	30,40	189,30	258,05	0,15	-	0,11
<b>P120/P365</b>	36,88	-	31,34	189,71	257,93	0,14	-	0,12
<b>P120/P550</b>	37,01	-	32,37	187,62	257,00	0,14	-	0,12
<b>P205/P120</b>	52,39	-	69,16	370,63	492,20	0,10	-	0,14
<b>P205/P365</b>	44,96	-	74,76	368,25	487,97	0,10	-	0,15
<b>P205 /P550</b>	44,77	-	74,29	368,16	487,23	0,10	-	0,15
<b>P365/P120</b>	191,52	-	102,55	844,58	1138,70	0,16	-	0,09
<b>P365/P205</b>	169,11	-	109,02	858,10	1136,20	0,15	-	0,09
<b>P365/P550</b>	175,85	-	97,62	831,60	1105,10	0,16	-	0,08
<b>P550/P120</b>	264,80	-	92,46	1315,30	1672,60	0,15	-	0,05
<b>P550/P205</b>	253,60	-	98,21	1327,80	1679,60	0,15	-	0,06
<b>P550/P365</b>	274,74	-	117,71	1334,00	1726,40	0,16	-	0,06

<sup>1</sup>Características das análises conjuntas, sendo que as estimativas correspondem à característica em negrito.

As estimativas de herdabilidade dos modelos 1 e 2, resultantes das análises bicaracterísticas, foram semelhantes às estimativas obtidas nas análises unicaracterísticas e foram coerente com os intervalos de herdabilidade encontrado na literatura (Tabela 5 e Figura 4).

Na Tabela 6 são apresentadas as informações sobre as estimativas das covariâncias e correlações de acordo com o modelo empregado, para os pesos ajustados aos 120, 205, 365 e 550 dias de idade, obtidas em análises bicaracterísticas. Os modelos 1 e 2 apresentaram estimativas de correlações residual e fenotípica idênticas e as correlações genéticas e de ambiente permanente foram semelhantes. As correlações residuais foram menores que as demais.

Tabela 6. Estimativas das covariâncias genéticas direta ( $\sigma_a$ ) e materna ( $\sigma_m$ ), de ambiente permanente materno ( $\sigma_c$ ), residual ( $\sigma_e$ ) e fenotípica ( $\sigma_p$ ), e correlações genéticas direta ( $r_a$ ) e materna ( $r_m$ ), ambiente permanente ( $r_c$ ), residual ( $r_e$ ) e fenotípica ( $r_p$ ), em análises bicaracterísticas com diferentes modelos

	$\sigma_a$	$\sigma_m$	$\sigma_c$	$\sigma_e$	$\sigma_p$	$r_a$	$r_m$	$r_c$	$r_e$	$r_p$
Modelo 1										
P120/P205	36,41	6,96	38,00	165,63	247,01	0,80	0,99	1,00	0,62	0,69
P120 /P365	45,96	10,07	45,57	178,05	279,66	0,54	0,92	1,00	0,44	0,51
P120 /P550	53,45	12,93	34,22	187,12	287,74	0,54	0,71	1,00	0,37	0,43
P205/ P365	64,94	11,21	79,43	321,22	476,81	0,74	1,00	1,00	0,57	0,64
P205/P550	66,38	20,01	65,44	336,85	488,70	0,62	0,99	0,99	0,48	0,54
P365 /P550	212,09	54,82	34,79	733,86	1034,60	0,95	0,99	1,00	0,69	0,74
Modelo 2										
P120/P205	36,14	-	45,86	165,81	247,82	0,80	-	1,00	0,62	0,69
P120 /P365	45,23	-	56,69	177,97	279,90	0,54	-	1,00	0,44	0,51
P120 /P550	52,17	-	48,47	186,89	287,54	0,53	-	0,89	0,37	0,43
P205/ P365	64,76	-	90,28	321,76	476,80	0,74	-	1,00	0,57	0,64
P205/P550	66,18	-	85,42	336,98	488,58	0,62	-	1,00	0,48	0,54
P365 /P550	210,72	-	90,36	734,44	1034,50	0,95	-	0,84	0,69	0,74

As estimativas de correlação genética direta, entre os P120, P205, P365 e P550, foram todas positivas, sendo que os menores valores foram encontrados nas correlações dos P120/P365 e P120/P550. A correlação genética direta do P120/P205 foi 0,80, considerado um valor alto, já as correlações do P120 com P365 e P550, foram ambas 0,54, um valor relativamente baixo.

Sakaguti et al. (2003) trabalhando com análise bicaracterísticas também encontraram valor alto na correlação genética aditiva do P120 com o P205, que foi de 0,96.

O valor da estimativa de correlação genética direta do P205 com P365 foi 0,74, valor relativamente alto, indicando que a seleção baseada no P205 , provocará uma resposta correlacionada positiva para o P365. A correlação genética do P205 e P550 foi de 0,62, um valor de magnitude considerável, e intermediário aos valores encontrado por Pádua e Silva (1994) e Sakaguti et al. (2003), que foi de 0,33 e 0,86, respectivamente.

Os P365 e P550 apresentaram uma correlação genética direta de 0,95, valor considerado alto, e maior que os valores encontrados por Pádua e Silva (1994) e Sakaguti et al. (2003), que foram 0,58 e 0,86, respectivamente.

No modelo 1 as correlações genéticas materna (habilidade materna) para as características trabalhadas, tiveram valores altos em quase todos os pesos, com exceção da correlação do P120 e P550 que foi considerado relativamente alto.

Nas estimativas de correlações fenotípicas observou-se que os valores aumentaram com o avanço da idade. As correlações de ambiente permanente apresentaram valores considerados altos.

#### **4.4 Conclusões**

As estimativas e o comportamento das variâncias nos modelos 1 e 2, nas análises unicaracterísticas e bicaracterísticas, foram semelhantes.

No modelo completo as estimativas de variância genética materna foram muito baixas, principalmente no período antes da desmama. As estimativas de herdabilidade materna foram baixas para todas as idades estudadas.

Os valores de herdabilidade direta diminuíram do P120 ao peso na desmama, e passaram a crescer no período após o desmame. As correlações genéticas encontradas indicam que a seleção para qualquer um dos pesos padrão promoverá resposta correlacionada positiva na mesma direção dos outros pesos.

Ao comparar o modelo 1 e 2, nas análises unicaracterísticas e bicaracterísticas, foi constatado que o modelo de análise que considerou somente a parte do efeito de ambiente permanente dos efeitos maternos (modelo 2), proporcionou ajuste similar ao modelo completo.

## 5 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE PESOS DO NASCIMENTO AOS 630 DIAS DE IDADE DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ USANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

### Resumo

Foram utilizados 60.782 registros de pesos corporais, do nascimento aos 630 dias de idade, de bovinos da raça Guzerá, referentes ao período de 1975 a 2001, obtidos pelo controle de desenvolvimento ponderal da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos utilizando os modelos de regressão aleatória (MRA) e a metodologia REML. Foram testados dez modelos, contendo efeito fixo de grupo contemporâneo e a covariável idade da vaca ao parto, com diferentes combinações de ordens ( $k$ ) para os efeitos aleatórios genéticos aditivos direto ( $k_A$ ), de ambiente permanente de animal ( $k_C$ ), de ambiente permanente materno ( $k_Q$ ), além do residual, com estruturas de variâncias homogêneas ( $r_1$ ) e heterogêneas, com cinco ( $r_5$ ) ou dez ( $r_{10}$ ) classes de variâncias residuais. Os modelos foram comparados utilizando o teste da razão de verossimilhança, o critério de informação de Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC). As estimativas das variâncias nas análises de regressão dos modelos foram relativamente similares. Os valores de critério de AIC indicam que o ajuste do modelo Reg666-r10 (Reg $k_A k_C k_Q$ -r10) é superior aos demais modelos estudados, enquanto pelo BIC o modelo mais parcimonioso Reg653-r10 (Reg $k_A k_C k_Q$ -r10) foi indicado como sendo superior aos demais e, também, apresentou menor tempo de processamento dos modelos com dez classes de variâncias residuais. As estimativas de herdabilidade dos pesos ao nascimento (PN), aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idades, foram de 0,13, 0,46, 0,54, 56, para modelo Reg653-10 e, 0,13, 0,43, 0,46 e 0,48, para modelo Reg666-r10,

respectivamente. As correlações fenotípicas, genéticas, ambiente permanente do animal e ambiente permanente materno foram todas positivas e similares entre os modelos. No modelo mais parcimonioso Reg653-10 as correlações genéticas do PN/P205, PN/365, PN/P550, P205/P365, P205/P550 e P365/P550 foram, 0,40, 0,40, 0,42, 0,68, 0,74 e 0,81, respectivamente. Os modelos com homogeneidade de variância foram inadequados. Constatou-se que a variância do resíduo dividido em dez classes distintas de variâncias foi mais adequada para modelar a variação dos pesos estudados.

**Palavras Chave:** componentes de variância, correlações, parâmetros genéticos, efeitos maternos, características de crescimento, bovinos de corte, raça Guzera, modelos de regressão aleatória

## **GENETIC PARAMETERS FOR WEIGHT TRAITS FROM BIRTH TO 630 DAYS OF AGE IN GUZERA BREED BY RANDOM REGRESSION MODELS**

### **Summary**

A total of 60,782 body weight, from birth to 630 days of age, of animals belonging to Guzera breed, collected between 1975 and 2001 in the record of performance program of the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ) were used to estimate the variance components and the genetic parameters by random regression models (RRM) and the REML methodology. Ten random regression models were evaluated, with fixed effect of contemporary group and age of cow at birth as covariate with different order combinations (k) of direct additive genetic random ( $k_A$ ), animal permanent environmental ( $k_C$ ), maternal permanent environmental ( $k_Q$ ) and residual effects, considered as homogeneous (r1) and heterogeneous variance structures with five (r5) or ten (r10) residual variance classes. Models were compared by the Likelihood Ratio Test, the Akaike Information Criterion (AIC) and the Schwarz's Bayesian Information Criterion (BIC). The variance estimates in all analyses by the regression models were relatively similar. AIC values showed that the adjustment of the Reg666-r10

(RegkAk<sub>CkQ</sub>-r10) model is superior to other models studied, while BIC values showed that the most parsimonious model Reg653-r10 (RegkAk<sub>CkQ</sub>-r10) was better and had the shortest processing time among the models with ten residual variance classes. The heritability estimates for weights at birth (PN), 205 (P205), 365 (P365) and 550 (P550) days of age were 0.13, 0.46, 0.54, 0.56 and 0.13, 0.43, 0.46, 0.48 for the Reg653-10 and Reg666-r10 models, respectively. The phenotypic, genetic, animal permanent environmental and maternal permanent environmental correlations were all positive and similar for all models. Considering the most parsimonious model, Reg653-10, the genetic correlations between PN/P205, PN/P365, PN/P550, P205/P365, P205/P550 and P365/P550 were 0.40, 0.40, 0.42, 0.68, 0.74 and 0.81, respectively. Models with homogeneous variance were inadequate. It was observed that when the residual variance were divided into ten distinct variance classes the most suitable to model the variation of the weights studied.

**Key Words:** variance components, correlations, genetic parameters, maternal effects, growth traits, beef cattle, Guzera breed, random regression models

## 5.1 Introdução

Tendo como pressuposto que o Brasil é considerado um grande produtor no âmbito da bovinocultura, torna-se imprescindível que este setor busque padrões crescentes de eficiência e competitividade, sempre atento às preferências dos mercados interno e externo. A necessidade de se conduzir um eficiente sistema produtivo na bovinocultura, em curto espaço de tempo, torna crucial a produção e a seleção de animais com alto rendimento.

A seleção para ganho de peso tem sido muito importante para pecuária de corte, entretanto, convém mencionar que esse tipo de seleção a longo prazo pode ocasionar, através de resposta correlacionada, em maior peso adulto, tendo como consequência maiores exigências de manutenção e comprometendo a eficiência dos sistemas de produção existentes. Atualmente as avaliações genéticas em bovinos são geralmente realizadas em

nível nacional, e abrangem registros de produção obtidos em rebanhos que apresentam distintos sistemas de manejo, e diferenças genéticas e variações geográficas.

O crescimento dos bovinos de corte tem sido medido através de pesos tomados em diferentes idades no decorrer do desenvolvimento dos animais. Esse tipo de dado é conhecido como dado longitudinal, e tem sido analisado sob diferentes aspectos metodológicos. Geralmente as abordagens usuais utilizam os modelos de dimensão finita, em análises uni ou multi-características.

Sakaguti (2000) alerta que considerar os pesos em bovinos em diferentes idades como medidas repetidas de "característica única", como é feito nas análises que empregam os "Modelos de Repetibilidade", não é sustentável na maioria dos estudos de crescimento. Isto ocorre devido ao fato de que esses modelos admitem que as variâncias, genéticas e não-genéticas, são constantes ao longo do tempo.

Como os pesos em diferentes idades podem ser descritos por funções contínuas, o conceito de característica de dimensão infinita pode ser empregado aos pesos, quando o propósito é a análise do crescimento em alguns períodos (Kirkpatrick & Heckman, 1989).

É importante lembrar que os pesos em diferentes idades não são totalmente influenciados pelos mesmos grupos de genes, embora estes pesos sejam altamente correlacionados.

É recente o fato dos modelos de regressão aleatória serem reconhecidos como uma alternativa mais apropriada para análise de dados longitudinais na área de melhoramento genético animal (Schaeffer & Dekkers, 1994; Mercadante, 2001).

Os modelos de regressão aleatória podem ser chamados também de modelos de dimensão infinita, uma vez que existem medidas infinitas por indivíduos, e tais medidas são tanto mais correlacionadas quanto mais próximas estiverem entre si (El Faro & Albuquerque, 2003).

De acordo com Meyer (2000), os modelos de regressão aleatória acomodam registros repetidos para caracteres que mudam gradualmente através do tempo, não requerendo pressuposições quanto à constância das variâncias e correlações. Os modelos

de regressão aleatória permitem ajustar uma trajetória para cada indivíduo como um desvio da curva de crescimento média da população.

Ao comparar com os modelos multi-características, que fornecem predições para determinados pontos ou idades, os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para a curva de crescimento como um todo, para qualquer idade desejada e para funções da curva de crescimento (Albuquerque & El Faro, 2003).

Trabalhando com modelos de regressão aleatória em bovinos de corte Varona et al. (1997), mencionaram que esse procedimento permitiria alterar o formato das curvas de produção através da seleção genética. Na prática isto significa possibilidade de alterar a taxa de maturidade sem alterar o peso adulto.

O objetivo deste estudo foi comparar diferentes modelos de regressão aleatória, e obter funções de covariância, de orden adequada, para estimar componentes de variância e covariância e parâmetros genéticos, das características de peso do nascimento aos 630 dias de idade, de um conjunto de dados de bovinos da raça Guzerá.

## **5.2 Material e Métodos**

### **5.2.1 Dados**

Os registros de pesos corporais de bovinos da raça Guzerá foram coletados pelo controle de desenvolvimento ponderal da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e disponibilizados pelo Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte - Embrapa, Campo Grande (MS).

Para o ajuste dos modelos foram utilizadas as pesagens coletadas do nascimento aos 630 dias de idade, no período de 1975 a 2001, resultando em 60.782 registros de pesos de controles, realizados a cada três meses. O arquivo original foi considerado em classes de quatro dias de controle de pesagens, totalizando 159 classes, incluindo o peso ao nascer.

O grupo contemporâneo (G) foi definido como rebanho-ano-mês de nascimento e sexo e aplicou-se a restrição de que o tamanho de cada grupo deve ser composto de, no mínimo, cinco animais.

Foram incluídas todas as informações de genealogia existentes, com intuito de minimizar os problemas decorrentes de seleção e aumentar a acurácia das estimativas, através da conexão entre as devidas informações.

O arquivo, com as informações de genealogia dos animais para a implementação da matriz de coeficiente de parentesco ( $A$ ), foi caracterizado pela inclusão de registros de 390 touros e 3.464 vacas. Assim a matriz  $A$  foi composta por 17.140 animais.

### **5.2.2 Modelos**

Foram testados 10 modelos, com diferentes combinações de ordens de efeitos aleatórios, variando de  $k=3$  a  $k=6$  e, também, quanto à maneira de ajustar as estruturas de variâncias residuais, considerando-as como classes contendo 1, 5 ou 10 variâncias. As variâncias residuais foram agrupadas de acordo com o comportamento das mesmas no decorrer dos pesos do nascimento aos 630 dias de idade, tendo como base um modelo com 17 diferentes classes.

Para o modelo Reg-r5, as cinco classes foram agrupadas da seguinte maneira: peso ao nascer, 4-152, 156-288, 292-448, 452-630, dias de idade. Para o modelo Reg-r10, as 10 classes foram agrupadas da seguinte maneira: peso ao nascer, 4-84, 88-152, 156-220, 224-288, 292-356, 360-420, 424-488, 492-556, 560-630, dias de idade.

O modelo de análise é representado por:

$$y_{ij} = F_{ij} + \sum_{n=0}^3 \beta_n p_n(a_{ij}) + \sum_{n=0}^{kA-1} \alpha_{in} p_n(a_{ij}) + \sum_{n=0}^{kC-1} \gamma_{in} p_n(a_{ij}) + \sum_{n=0}^{kQ-1} \delta_{in} p_n(a_{ij}) + e_{ij}$$

em que:

$y_{ij}$  é o j-ésimo peso do i-ésimo animal;  $a_{ij}$  é a idade na data da pesagem padronizada (-1 a +1);  $p_m(a_{ij})$  é o m-ésimo polinômio de Legendre da idade;  $F_{ij}$  representa o conjunto de efeitos fixos do modelo, incluindo o grupo contemporâneo (rebanho-ano-mês de nascimento e sexo do animal) e a idade da vaca ao parto como covariável, com termos linear e quadrático;  $\beta_m$  são os coeficientes de regressão fixa para modelar a curva média da população;  $\alpha_{im}$ ,  $\gamma_{im}$  e  $\delta_{im}$  são, respectivamente, os coeficientes de regressão aleatória para modelar os efeitos genético aditivo direto, de ambiente permanente do animal e de ambiente permanente materno;  $kA$ ,  $kC$  e  $kQ$  são as ordens dos polinômios correspondentes, e  $e_{ij}$  é o resíduo aleatório associado ao j-ésimo peso do i-ésimo animal.

Na forma matricial, este modelo pode ser escrito como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z1}\boldsymbol{\alpha} + \mathbf{W1}\boldsymbol{\gamma} + \mathbf{W2}\boldsymbol{\delta} + \mathbf{e};$$

em que:

$\mathbf{y}$  = vetor de observações;

$\mathbf{b}$  = vetor dos efeitos fixos;

$\boldsymbol{\alpha}$  = vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito genético aditivo direto animal;

$\gamma$  = vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito ambiente permanente do animal;

$\delta$  = vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito ambiente permanente de materno;

$e$  = vetor de efeito aleatório residual;

$\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z1}$ ,  $\mathbf{W1}$  e  $\mathbf{W2}$  = matrizes de incidência correspondentes às observações, para efeitos fixos, efeitos aleatórios genético aditivo direto de animal, ambiente permanente do animal e ambiente permanente materno, respectivamente, para os quais assume-se:

$$\begin{pmatrix} \alpha \\ \gamma \\ \delta \\ e \end{pmatrix} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{V}); \quad \mathbf{V} = \begin{pmatrix} \mathbf{G}_A \otimes \mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{P}_C \otimes \mathbf{I} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{P}_Q \otimes \mathbf{I} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{pmatrix}$$

em que:

$\mathbf{G}_A$ ,  $\mathbf{P}_C$  e  $\mathbf{P}_Q$  são, respectivamente, as matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genético aditivo direto animal, de ambiente permanente do animal e de ambiente permanente materno;  $\mathbf{A}$  é a matriz de parentesco entre os animais;  $\mathbf{I}$  é uma matriz de identidade;  $\otimes$  é o operador de produto direto entre matrizes;  $\mathbf{R}$  é uma matriz diagonal, contendo as variâncias residuais  $\{\sigma_{ei}^2\}$ .

Os componentes de (co)variância foram estimados utilizando-se o programa DXMRR (Meyer, 1998e), baseado na metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML). As funções de covariâncias para os efeitos aleatórios foram obtidas utilizando-se polinômios de Legendre, de ordens definidas como: ordem do polinômio referente ao efeito genético aditivo animal ( $k_A$ ), ordem do polinômio referente ao efeito de ambiente permanente do animal ( $k_C$ ) e ordem do polinômio referente ao efeito de ambiente permanente materno ( $k_Q$ ).

A comparação entre os modelos aninhados foi feita por intermédio do teste de razão de verossimilhança (LRT), que compara as diferenças entre as funções de máxima verossimilhança linearizadas de cada modelo, com o valor obtido de uma distribuição de qui-quadrado com o número de graus de liberdade igual à diferença no número de parâmetros entre os modelos.

Na avaliação dos diferentes modelos também foram usados como referências, o Critério de Informação de Akaike (AIC) e o Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC). Ambos os testes penalizam modelos com maior número de parâmetros, sendo que para BIC essa penalidade é mais rigorosa, tendendo a favorecer modelos mais parcimoniosos (Nunez-Antón & Zimmerman, 2000). Para Akaike o valor para comparação é dado por  $(AIC = -2 \log L + 2 p)$  e de Schwarz's ( $BIC = (-2 \log L + p \log (N - r(x)))$ ) em que,  $p$  é o número de parâmetros estimados,  $N$  é o tamanho da amostra,  $r(x)$  é o posto da matriz de coeficientes de efeitos fixos no modelo de análise (Kass & Raftery, 1995). Menores valores para AIC e BIC indicam melhor ajuste entre os modelos.

### 5.3 Resultados e Discussão

As informações sobre o número de observações, animais, grupos contemporâneos, média e desvio padrão do peso nos controles individuais estão apresentadas na Tabela 1. Observa-se que o número médio de pesagens por animal foi seis e que 80,91 % dos animais tinham cinco ou mais controles, enquanto apenas 7,52% apresentavam três pesagens.

Tabela 1. Estrutura dos dados, média observada e desvio-padrão das observações de pesos do nascimento aos 630 dias de idade

Número (Nº) de observações no total:	60.782
Nº de animais na análise <sup>1</sup>	17.140
Nº de animais com observações	10.916
com 3 observações	1.523
com 4 observações	1.758
com 5 observações	1.785
com 6 observações	2.251
com 7 observações	2.042
com 8 observações	1.557
Nº de touros <sup>2</sup>	390
Nº de mães <sup>2</sup>	3.464
Nº de grupos contemporâneos	2.101
Média de peso (kg)	135,27
Desvio-padrão (kg)	88,27

<sup>1</sup>Incluindo parentes sem observações; <sup>2</sup> Com progênie no arquivo de dados.

As informações sobre distribuição do número de observações nas idades, média de peso, desvio padrão, coeficiente de variação de pesos e números de animais considerados no estudo estão apresentadas na Tabela 2.

Tabela 2. Amplitude em dias (AMD), número de observações (N<sup>0</sup>), médias e desvios-padrão (DP) e coeficientes de variação (CV) das observações (OBS) de pesos do nascimento aos 630 dias de idade

OBS:	AMD	N <sup>0</sup>	Média Peso(Kg)	DP (Kg)	CV (%)
1	0	10.916	29,10	2,78	9,56
2	1-90	9.015	60,53	18,26	30,17
3	91-180	9.511	109,47	28,53	26,06
4	181-270	9.123	157,55	38,11	24,19
5	271-360	7.403	185,98	46,61	25,06
6	361- 450	6.079	211,79	60,43	28,54
7	451-540	4.795	237,30	70,95	29,90
8	541-630	3.940	271,12	83,03	30,62

A diferença entre o número de animais utilizados nas análises dos pesos, nas respectivas idades, deve-se às restrições impostas na edição dos dados, particularmente quanto ao número de informações em grupo de contemporâneos.

Constata-se na Tabela 2 o aumento nas médias dos pesos entre as idades, sendo este crescimento mais acentuado entre as observações (2 e 3) e (3 e 4). Observa-se que as médias de pesos nas respectivas idades variaram de 29,10 kg (observação 1 ou peso ao nascer) a 271,12 kg (observação 8). Os desvios-padrão, também apresentaram aumento com a idade. Os coeficientes de variação (CV) apresentaram aumento na observação 2, que antecede a pré-desmama, depois apresentaram valores menores nas observações 3 e 4, voltando a aumentar entre as observações 5 e 8.

Informações sobre as diferentes estruturas de variância residuais e ordens de ajuste para os efeitos genético aditivo direto, de ambiente permanente do animal, de ambiente permanente materno, número de parâmetros estimados, valor do logaritmo do máximo da função de verossimilhança, teste da razão de verossimilhança (LRT) e valores das

estatísticas AIC e BIC calculados para os diferentes modelos de regressão aleatória, estão apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3. Ordem das funções de covariâncias para efeito genético aditivo ( $k_A$ ), efeito de ambiente permanente do animal ( $k_C$ ), efeito de ambiente materno ( $k_Q$ ), número de parâmetros (NP), o logaritmo da função de verossimilhança ( $\log \lambda$ ), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano (BIC), teste da razão de verossimilhança (LRT) para os diferentes modelos ajustados

Modelos	$k_A$	$k_C$	$k_Q$	NP	$\log \lambda$	AIC	BIC	LRT
1) Reg444-r1	4	4	4	31	-445864,11	413870,31	414150,08	(2-1) -6554,69 <sup>ns</sup>
2) Reg666-r1	6	6	6	64	-452418,80	404463,57	405040,53	
3) Reg653-r5	6	5	3	47	-432973,12	384983,88	385407,59	(4-3) 1,34 <sup>ns</sup>
4) Reg654-r5	6	5	4	51	-432971,78	384990,54	385450,31	(5-4) 132,45 <sup>**</sup>
5) Reg664-r5	6	6	4	57	-432839,33	<b>384870,09</b>	<b>385383,95</b>	(6-5) 0,77 <sup>ns</sup>
6) Reg666-r5	6	6	6	68	-432838,56	384891,33	385504,35	
7) Reg653-r10	6	5	3	52	-432726,11	384746,87	<b>385215,66</b>	(8-7) -1,91 <sup>ns</sup>
8) Reg654-r10	6	5	4	56	-432728,02	384756,79	385261,63	(9-8) -426,11 <sup>ns</sup>
9) Reg664-r10	6	6	4	62	-433154,13	385194,90	385753,84	(10-9) 542,47 <sup>**</sup>
10) Reg666-r10	6	6	6	73	-432611,66	<b>384674,43</b>	385332,53	

**r1** Corresponde ao número de variâncias residuais no modelo ajustado; \*\* significativo (  $P < 0,05$ ); ns: não significativo

Dentre os modelos contendo classes de variância residuais (Reg-r1, Reg-r5 e Reg-r10), observou-se que os modelos que consideraram homogeneidade de variâncias residuais (Reg-r1) mostraram-se inadequados. Apenas modelos aninhados foram comparados através do LRT. Foram observadas diferenças significativas ( $P < 0,01$ ) na função, quando houve aumento no número de parâmetros dos modelos, quando se compararam os modelos Reg664-r5 e Reg654-r5; Reg666-r10 e Reg664-r10. Nos modelos Reg-r5, os quais foram aplicadas estruturas heterogêneas de variância do

resíduo, divididas em cinco classes, os critérios de informação AIC e BIC indicaram como melhor ajuste o modelo Reg664-r5. Para os modelos Reg-10, com 10 classes de variâncias do resíduo, os critérios de AIC e BIC indicaram como melhor ajuste os modelos Reg666-r10 e Reg653-r10, respectivamente.

Entre todos os modelos estudados, os valores de  $\log \lambda$  e AIC indicam que o ajuste do modelo Reg666-r10 é superior aos demais, enquanto pelo BIC o modelo mais parcimonioso (Reg653-r10) foi indicado como sendo superior aos outros.

Os valores obtidos para  $\log \lambda$  e AIC tendem a favorecer modelos com maior número de parâmetros enquanto o BIC, que penaliza mais o maior número de parâmetros, tende a selecionar modelos mais parcimoniosos.

Pelicioni et al. (2003b), estudando modelos de regressão aleatória para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzerá, verificaram que, usando LRT, os modelos com 10 e 53 classes de variâncias residuais não diferiram significativamente, porém, os critérios AIC e BIC apontaram modelo com 10 classes de variâncias residuais com sendo o mais adequado.

Resultados parecidos foram encontrados por Cyrillo (2003a), que trabalhando com diferentes modelos de regressão aleatória em pesos do nascimento ao 378 dias de idade, em bovinos da raça Nelore, constatou que os critérios de AIC e BIC indicaram como melhor ajuste os modelos Reg664-r8 e Reg653-r5, respectivamente. Cyrillo (2003b), também observou que os modelos com heterogeneidade de variância foram mais adequados para dados de crescimento dos bovinos estudados.

As estimativas de (co)variâncias e correlações entre os coeficientes de regressão aleatória, os autovalores ( $\lambda$ ) e sua proporção em porcentagem (%), para efeitos genético aditivo direto (GAD), de ambiente permanente do animal (APA) e de ambiente permanente materno (APM), encontrados nos modelos que apresentaram melhor ajuste, são apresentados nas Tabelas 4 e 5.

Nos três melhores modelos (Reg653-r10, Reg666-r10 e Reg664-r5), a matriz dos coeficientes mostrou estimativas de (co)variância e correlações com comportamentos relativamente próximos.

Tabela 4. Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória, os autovalores( $\lambda$ ) e sua proporções em porcentagem (%), para efeitos genético aditivo direto (GAD), de ambiente permanente do animal (APA) e de ambiente permanente materno (APM), encontrado nos diferentes modelos ajustados

Reg653 - r10								
GAD	0	1	2	3	4	5	$\lambda$	%
0	<b>1489,59</b>	0,92	-0,12	-0,08	0,12	0,05	2036,73	87,08
1	881,03	<b>609,67</b>	0,06	-0,18	0,10	0,02	0,02	0,00
2	37,62	12,90	<b>66,54</b>	0,47	0,31	0,41	96,39	4,12
3	-31,27	-44,25	36,83	<b>93,13</b>	0,15	-0,50	129,62	5,54
4	31,15	17,22	-17,55	9,89	<b>48,20</b>	0,62	58,41	2,50
5	10,03	3,34	-18,88	-27,14	24,07	<b>31,68</b>	17,64	0,75
APA								
0	<b>986,74</b>	0,88	-0,21	-0,58	-0,31	-	1327,94	90,42
1	551,83	<b>402,07</b>	0,21	-0,85	-0,48	-	123,20	8,39
2	49,12	31,16	<b>53,55</b>	0,42	0,68	-	14,02	0,95
3	-71,96	-67,25	-11,94	<b>15,37</b>	0,58	-	3,51	0,24
4	-31,99	-32,17	-16,56	7,54	<b>10,94</b>	-	0,00	0,00
APM								
0	<b>51,01</b>	0,85	-0,92	-	-	-	56,79	97,14
1	12,89	<b>4,53</b>	-0,58	-	-	-	1,67	2,86
2	11,29	2,12	<b>2,92</b>	-	-	-	0,00	0,00
Reg666 - r10								
GAD	0	1	2	3	4	5	$\lambda$	%
0	<b>1288,36</b>	0,90	-0,17	-0,04	0,13	0,01	1726,02	86,55
1	729,35	<b>503,64</b>	0,06	-0,14	0,06	-0,10	0,02	0,00
2	52,33	10,48	<b>70,62</b>	0,45	0,22	0,34	118,69	5,95
3	-14,12	-28,54	34,73	<b>84,48</b>	0,41	-0,39	99,31	4,98
4	25,95	8,18	-10,62	21,44	<b>31,81</b>	0,35	34,22	1,72
5	0,94	-8,78	-11,27	-14,30	7,80	<b>15,41</b>	16,05	0,80
APA								
0	<b>1134,32</b>	0,89	-0,15	-0,52	-0,11	0,08	1556,98	89,33
1	663,92	<b>483,83</b>	0,24	-0,71	-0,14	0,17	122,66	7,04
2	-37,45	38,95	<b>54,37</b>	-0,26	-0,55	-0,26	0,00	0,00
3	-82,80	-74,36	-9,28	<b>22,35</b>	-0,11	-0,66	0,01	0,00
4	-21,74	-17,28	-23,08	-3,00	<b>31,38</b>	0,78	54,37	3,12
5	11,29	15,12	-7,94	-12,79	17,90	<b>16,66</b>	8,88	0,51
APM								
0	<b>47,78</b>	0,86	-0,95	0,94	-0,80	0,01	51,98	97,82
1	12,13	<b>4,12</b>	-0,67	0,65	-0,99	-0,49	1,16	2,18
2	-6,88	-1,43	<b>1,09</b>	-0,99	0,59	-0,30	0,00	0,00
3	1,72	0,35	-0,27	<b>0,07</b>	-0,56	0,32	0,00	0,00
4	-1,10	-0,40	0,12	-0,29	<b>0,04</b>	0,59	0,00	0,00
5	0,01	-0,21	-0,07	0,02	0,03	<b>0,05</b>	0,001	0,00

Tabela 5. Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória, os autovalores( $\lambda$ ) e suas proporções em porcentagem (%), para efeitos genético aditivo direto (GAD), de ambiente permanente do animal (APA) e de ambiente permanente materno (APM), encontrado em análise regressão aleatória com modelo Reg664-r5

Reg664 - r5								
GAD	0	1	2	3	4	5	$\lambda$	%
0	<b>1228,23</b>	0,89	-0,21	-0,01	0,13	0,00	1622,61	85,90
1	674,85	<b>459,03</b>	0,04	-0,11	0,09	-0,09	118,95	6,30
2	-59,97	6,47	<b>66,76</b>	0,43	-0,24	-0,44	0,02	0,00
3	-4,94	-21,57	33,23	<b>87,93</b>	0,43	-0,49	98,76	5,23
4	27,16	11,16	-11,35	23,34	<b>33,42</b>	0,28	36,77	1,95
5	0,01	-7,34	-13,41	-17,14	6,11	<b>13,69</b>	11,95	0,63
<b>APA</b>								
0	<b>1162,71</b>	0,94	-0,08	-0,57	-0,14	0,08	1635,24	90,07
1	710,56	<b>531,87</b>	0,28	-0,75	-0,12	0,21	117,44	6,47
2	-21,41	46,58	<b>52,64</b>	-0,22	-0,48	-0,24	0,00	0,00
3	-94,15	-83,73	-7,85	<b>23,09</b>	-0,09	-0,60	8,31	0,46
4	-28,21	-15,92	-19,79	-2,65	<b>31,73</b>	0,84	54,63	3,01
5	9,76	17,92	-6,54	-10,65	17,46	<b>13,58</b>	0,00	0,00
<b>APM</b>								
0	<b>59,13</b>	0,94	-0,99	0,85	-	-	64,79	99,20
1	15,39	<b>4,49</b>	-0,92	0,63	-	-	0,52	0,80
2	-9,42	-2,41	<b>1,50</b>	-0,87	-	-	0,00	0,00
3	2,82	0,57	-0,46	<b>0,18</b>	-	-	0,00	0,00

Constatou-se, nestes modelos que as correlações entre os interceptos e os coeficientes lineares dos efeitos genético aditivo direto, de ambiente permanente do animal e de ambiente permanente materno, foram todas altas e positivas, variando de 0,85 a 0,94. As correlações entre o intercepto e os demais coeficientes foram na sua grande maioria negativa, ou apresentavam valores positivos baixos, o que pode ser verificado no efeito genético aditivo direto dos modelos. Para os coeficientes genéticos aditivos da matriz das funções de covariância os quatro primeiros autovalores representaram quase a totalidade da variação desse efeito. Comportamento semelhante

ocorreu com os coeficientes dos efeitos de ambiente permanente do animal com as maiores variações nos dois primeiros autovalores.

Constataram-se altas correlações entre o intercepto e os termos lineares, quadrático, cúbico e quártico, para o efeito de ambiente permanente materno. No efeito ambiente permanente materno também foi observado que os dois primeiros autovalores representaram a totalidade da variação desse efeito, e os demais autovalores foram nulos. Cyrillo (2003a) também encontrou autovalores nulos no efeito ambiente permanente materno e menciona que estes resultados sugerem uma função polinomial de ordem 2 como suficiente para descrever a variação desse parâmetro. Mas, a autora constatou que modelos com  $K=2$ , para efeito de ambiente permanente materno, apresentaram maiores valores para os critérios BIC e AIC.

De acordo com os resultados relatados por Albuquerque & Meyer (2001), autovalores nulos indicam que pesos em idade precoces podem ter seu efeito de ambiente permanente materno ajustado por um polinômio de ordem 2, o que diminuiria o número de parâmetros serem estimados.

Meyer (2002), trabalhando com pesos de bovinos de corte do nascimento aos 820 dias de idade, e utilizando um polinômio de Legendre cúbico, observou resultados semelhantes, com altas correlações entre o intercepto e o termo cúbico dos efeitos maternos, onde obteve autovalores abaixo de 0,1. Meyer (2001) menciona que esses resultados indicam possíveis problemas na decomposição das fontes de variação aleatória, estando possivelmente associados com a estrutura dos dados e ocasionam demora no processo de convergência.

Na Tabela 6 são apresentadas as informações sobre as estimativas das variâncias genética direta, de ambiente permanente do animal, de ambiente permanente materno, residual e fenotípica, e herdabilidade direta, encontrado em análise de regressão aleatória com os modelos Reg653-r10, Reg666-r10 e Reg664-r5, e representados graficamente nas Figuras 1, 2 e 3.

Tabela 6. Estimativas das variâncias genéticas direta ( $\sigma_a^2$ ), ambiente permanente do animal ( $\sigma_c^2$ ), ambiente permanente materno ( $\sigma_q^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_p^2$ ) expressa em Kg<sup>2</sup>, porção da variância fenotípica devida ao ambiente permanente do animal ( $c^2$ ), porção da variância fenotípica devida ao ambiente permanente materno ( $q^2$ ) e herdabilidade direta ( $h^2$ ), em diferentes modelos

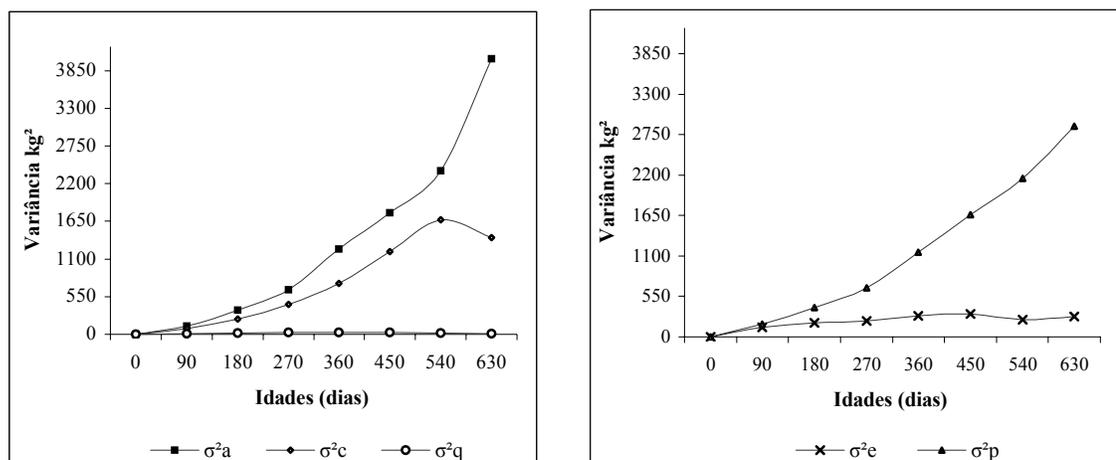
	0	90	180	270	360	450	540	630
$\sigma_a^2$								
Modelo Reg653-r10	0,75	123,96	353,55	647,85	1248,40	1775,18	2383,76	4024,45
Modelo Reg666-r10	0,74	124,19	317,85	608,74	1044,50	1486,24	1988,37	3364,44
Modelo Reg664-r5	0,76	123,26	327,34	605,32	1002,63	1396,27	1832,66	3164,91
$\sigma_c^2$								
Modelo Reg653-r10	0,17	83,25	277,25	436,18	744,31	1207,07	1670,84	1416,38
Modelo Reg666-r10	0,16	80,17	261,62	469,08	920,85	1417,27	1951,27	2139,71
Modelo Reg664-r5	0,14	78,90	248,00	444,06	924,56	1491,68	2082,92	2339,07
$\sigma_q^2$								
Modelo Reg653-r10	0,24	7,09	18,80	28,13	32,03	29,06	20,45	10,90
Modelo Reg666-r10	0,24	10,44	21,37	28,31	33,00	36,30	38,59	31,98
Modelo Reg664-r5	0,24	10,90	26,71	37,63	43,02	44,07	43,59	44,35
$\sigma_e^2$								
Modelo Reg653-r10	4,29	128,01	190,65	217,40	285,03	307,76	233,20	272,88
Modelo Reg666-r10	4,31	122,79	178,06	209,64	256,33	293,97	201,66	230,66
Modelo Reg664-r5	4,30	85,50	202,77	202,78	240,46	240,45	247,85	247,86
$\sigma_p^2$								
Modelo Reg653-r10	5,45	342,31	790,25	1329,56	2309,77	3319,07	4308,25	5724,61
Modelo Reg666-r10	5,45	337,59	778,90	1315,77	2254,68	3233,78	4179,89	5766,79
Modelo Reg664-r5	5,44	298,56	804,82	1289,79	2210,67	3172,47	4207,02	5796,19
$c^2$								
Modelo Reg653-r10	0,03	0,24	0,35	0,33	0,32	0,36	0,39	0,25
Modelo Reg666-r10	0,03	0,24	0,34	0,36	0,41	0,44	0,47	0,37
Modelo Reg664-r5	0,03	0,26	0,31	0,34	0,42	0,47	0,50	0,40
$q^2$								
Modelo Reg653-r10	0,04	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01	0,005	0,002
Modelo Reg666-r10	0,04	0,03	0,03	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01
Modelo Reg664-r5	0,04	0,04	0,03	0,03	0,02	0,01	0,01	0,01
$h^2$								
Modelo Reg653-r10	0,13	0,36	0,44	0,48	0,54	0,53	0,55	0,70
Modelo Reg666-r10	0,13	0,36	0,41	0,46	0,46	0,46	0,48	0,58
Modelo Reg664-r5	0,13	0,41	0,41	0,46	0,45	0,44	0,44	0,54

Como regra geral as diversas variâncias  $\sigma_p^2$ ,  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_c^2$  apresentaram comportamento similar de aumentar com idade, enquanto que  $\sigma_e^2$  e  $\sigma_q^2$  apresentaram menor aumento com idade.

Nas análises de regressão aleatória, realizadas nos melhores modelos, verifica-se que as estimativas de variância genéticas aditivas foram relativamente parecidas, mas o modelo Reg653-r10 apresentou valores levemente maiores em relação aos demais. Estas estimativas apresentaram grande aumento com avanço da idade na pesagem, nos três modelos.

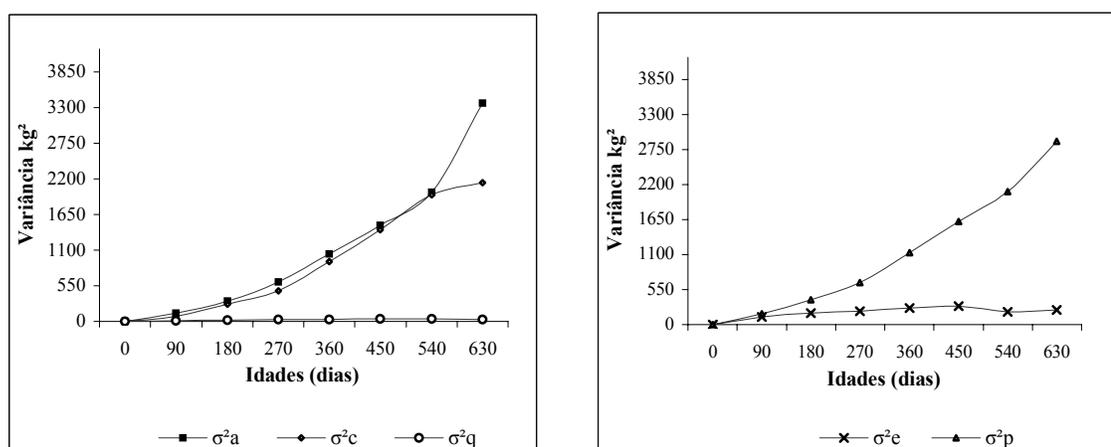
As estimativas da variância de ambiente permanente do animal como proporção da variância fenotípica,  $c^2$ , nos modelos, foram crescentes até os 540 dias, apresentando aos 630 dias de idade depois valores menores.

Os valores das estimativas de variância de ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica,  $q^2$ , decresceram do peso ao nascer até a segunda pesagem se mantiveram até a desmama, mas depois foram diminuindo até 630 dias, mostrando a contribuição de  $q^2$  para a variância total até a desmama.



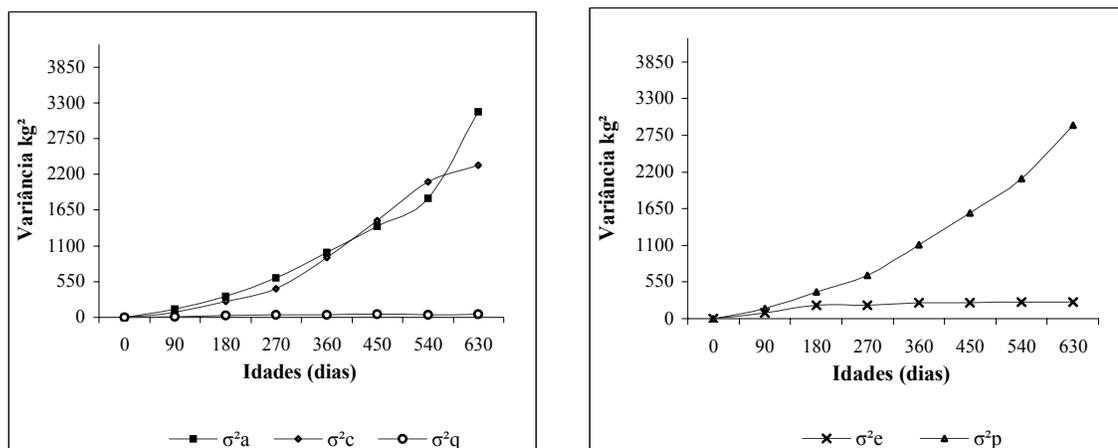
Modelo Reg653-r10

Figura 1- Estimativas de variâncias genética aditiva direta ( $\sigma_a^2$ ), ambiente permanente do animal ( $\sigma_c^2$ ), ambiente permanente materno ( $\sigma_q^2$ ), residuais ( $\sigma_e^2$ ), e fenotípica dividida por dois ( $\sigma_p^2$ ) para modelo Reg653-r10, nas respectivas idades



Modelo Reg666-r10

Figura 2- Estimativas de variâncias genética aditiva direta ( $\sigma_a^2$ ), ambiente permanente do animal ( $\sigma_c^2$ ), ambiente permanente materno ( $\sigma_q^2$ ), residuais ( $\sigma_e^2$ ), e fenotípica dividida por dois ( $\sigma_p^2$ ) para modelo Reg666-r10, nas respectivas idades



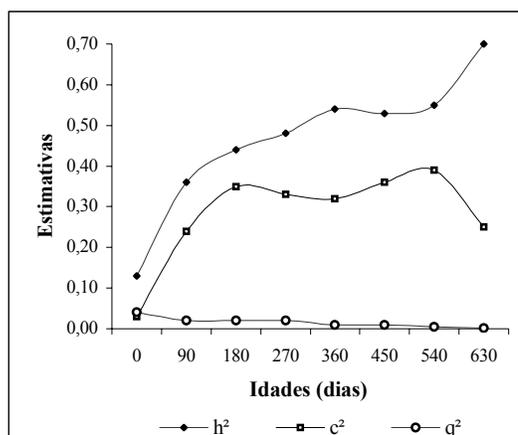
Modelo Reg664-r5

Figura 3- Estimativas de variâncias genética aditiva direta ( $\sigma_a^2$ ), ambiente permanente do animal ( $\sigma_c^2$ ), ambiente permanente materno ( $\sigma_q^2$ ), residuais ( $\sigma_e^2$ ), e fenotípica dividida por dois ( $\sigma_p^2$ ) para modelo Reg664-r5, nas respectivas idades

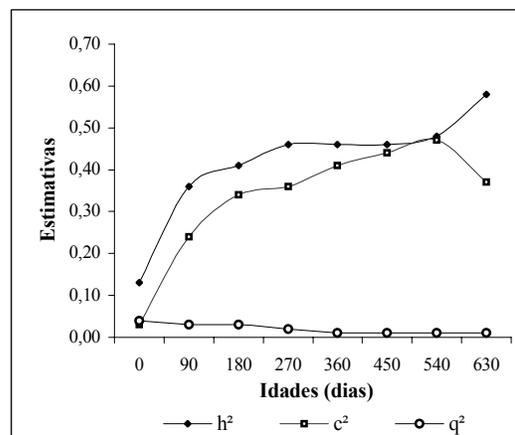
As estimativas de herdabilidade direta ( $h^2$ ) obtidas por regressão aleatória apresentaram comportamentos relativamente similares, com os valores partindo de 0,13, para peso ao nascer, apresentando crescimento até o peso de 270 ou 360 dias, e outro crescimento de 540 até os 630 dias de idade, de acordo com Tabelas 6, 7, 8 e 9 e Figura 4. As estimativas de herdabilidade direta no modelo Reg653-r10 apresentaram valores maiores dos 180 aos 630 dias de idade, em relação aos demais modelos que apresentaram estimativas mais próximos entre si.

A estimativa de herdabilidade aditiva direta ( $h^2$ ) do peso ao nascer (PN) foi 0,13 nos três modelos, cujo valor está dentro do intervalo de resultados encontrado por Machado et al. (1999), Milagres et al. (1993), Cyrillo (2003a) e Pelicioni et al. (2003a), que obtiveram valores de estimativas de herdabilidade de peso ao nascer de 0,48, 0,32, 0,14 e 0,09, respectivamente.

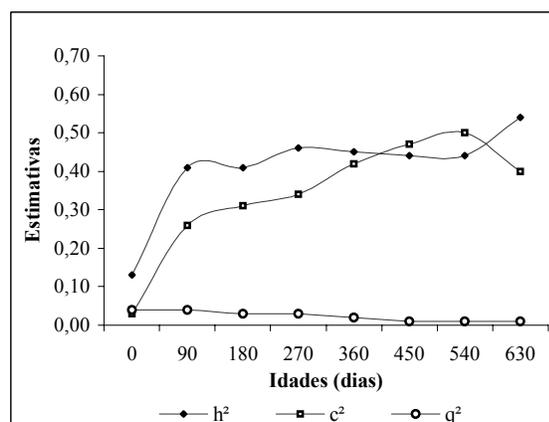
Nos modelos Reg653-r10, Reg666-r10 e Reg664-r5, os valores das estimativas de herdabilidade direta, foram, 0,46; 0,43 e 0,43 para P205; 0,54; 0,46 e 0,45 para P365 e 0,56; 0,48 e 0,44 para P550, respectivamente.



Modelo Reg653-r10



Modelo Reg666-r10



Modelo Reg664-r5

Figura 4- Estimativas de herdabilidade direta ( $h^2$ ), proporções da variância fenotípica devida ao efeito de ambiente permanente do animal ( $c^2$ ) e do ambiente permanente materno ( $q^2$ ) em análise regressão aleatória com diferentes modelos, nas respectivas idades

As estimativas de herdabilidade direta para P205, P365 e P550 estão dentro dos intervalos citados por Mercadante et al. (1995), encontraram as seguintes variações de valores de herdabilidade, 0,05 - 0,58 para P205, 0,12 - 0,93 para P365 e 0,09 - 0,79 para P550 dias de idade.

As estimativas de correlações fenotípicas apresentaram uma tendência crescente a medida que as idades se aproximaram, de acordo com as Tabelas 7, 8 e 9 e Figuras 5a, 6a e 7a. Valores baixos foram obtidos na correlação fenotípica entre peso ao nascer e às demais idades, variando de 0,24 a 0,21 entre os pesos de 90 a 630 dias de idades, respectivamente.

Tabela 7. Estimativas de herdabilidade (diagonal), de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípica (baixo da diagonal) no primeiro intervalo (I) da tabela e, no segundo intervalo (II) da tabela, estimativas de correlações de ambiente permanente do animal (acima da diagonal) e de ambiente permanente materno (abaixo da diagonal), encontrado em análise regressão aleatória com modelo Reg653-r10

I)Modelo Reg653-10	<i>0</i> *	90	180	205	270	360	365	450	540	550	630
<i>0</i> *	<b>0,13</b>	0,50	0,40	0,40	0,41	0,40	0,40	0,40	0,41	0,42	0,48
90	0,21	<b>0,36</b>	0,76	0,70	0,55	0,40	0,39	0,39	0,43	0,43	0,36
180	0,21	0,56	<b>0,44</b>	0,99	0,85	0,60	0,59	0,57	0,68	0,69	0,62
<b>205</b>	0,21	0,54	0,77	<b>0,46</b>	0,91	0,69	0,68	0,64	0,73	0,74	0,69
270	0,22	0,47	0,72	0,77	<b>0,48</b>	0,91	0,90	0,84	0,81	0,81	0,81
360	0,21	0,38	0,57	0,64	0,79	<b>0,54</b>	1,00	0,96	0,82	0,81	0,79
<b>365</b>	0,21	0,38	0,57	0,63	0,79	0,88	<b>0,54</b>	0,96	0,82	0,81	0,79
450	0,20	0,36	0,52	0,58	0,73	0,85	0,86	<b>0,53</b>	0,92	0,90	0,76
540	0,20	0,35	0,54	0,58	0,68	0,77	0,77	0,87	<b>0,55</b>	0,99	0,79
<b>550</b>	0,20	0,35	0,54	0,59	0,68	0,76	0,77	0,87	0,95	<b>0,56</b>	0,81
630	0,21	0,29	0,50	0,56	0,68	0,74	0,74	0,76	0,80	0,81	<b>0,70</b>
II)Modelo Reg653-10											
<i>0</i>	-	0,91	0,90	0,89	0,85	0,81	0,81	0,74	0,68	0,68	0,69
90	0,85	-	0,89	0,85	0,75	0,66	0,65	0,57	0,49	0,48	0,43
180	0,81	0,99	-	0,99	0,95	0,84	0,83	0,68	0,55	0,55	0,53
<b>205</b>	0,80	0,99	1,00	-	0,97	0,87	0,87	0,71	0,58	0,58	0,57
270	0,77	0,99	0,99	0,99	-	0,94	0,94	0,81	0,69	0,69	0,69
360	0,72	0,97	0,99	0,99	0,99	-	1,00	0,95	0,88	0,87	0,87
<b>365</b>	0,72	0,97	0,99	0,99	0,99	1,00	-	0,95	0,88	0,88	0,87
450	0,65	0,95	0,97	0,97	0,98	0,99	0,99	-	0,98	0,97	0,96
540	0,52	0,89	0,92	0,93	0,94	0,96	0,96	0,98	-	1,00	0,98
<b>550</b>	0,51	0,88	0,92	0,92	0,94	0,96	0,96	0,98	1,00	-	0,98
630	0,29	0,75	0,80	0,81	0,83	0,87	0,87	0,91	0,96	0,97	-

\* Em negrito são as idades padrão da ABCZ, e estimativas de  $h^2$  correspondente

Tabela 8. Estimativas de herdabilidade (diagonal), de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípica (baixo da diagonal) no primeiro intervalo (I) da tabela e, no segundo intervalo (II) da tabela, estimativas de correlações de ambiente permanente do animal (acima da diagonal) e de ambiente permanente materno (abaixo da diagonal), encontrado em análise regressão aleatória com modelo Reg666r10

I) Modelo Reg666-r10	0*	90	180	205	270	360	365	450	540	550	630
0*	<b>0,13</b>	0,50	0,41	0,40	0,40	0,40	0,40	0,38	0,38	0,39	0,48
90	0,22	<b>0,36</b>	0,74	0,67	0,55	0,44	0,44	0,40	0,38	0,38	0,39
180	0,22	0,57	<b>0,41</b>	0,99	0,90	0,72	0,71	0,63	0,67	0,68	0,71
205	0,22	0,55	0,78	<b>0,43</b>	0,95	0,78	0,77	0,68	0,71	0,72	0,74
270	0,22	0,47	0,72	0,77	<b>0,46</b>	0,92	0,92	0,83	0,79	0,79	0,78
360	0,21	0,38	0,57	0,64	0,79	<b>0,46</b>	1,00	0,96	0,85	0,84	0,73
365	0,21	0,38	0,57	0,64	0,79	0,88	<b>0,46</b>	0,96	0,85	0,84	0,72
450	0,20	0,36	0,52	0,58	0,72	0,86	0,86	<b>0,46</b>	0,93	0,92	0,70
540	0,20	0,36	0,54	0,58	0,67	0,77	0,77	0,87	<b>0,47</b>	0,99	0,80
550	0,20	0,36	0,54	0,58	0,67	0,76	0,76	0,87	0,95	<b>0,48</b>	0,82
630	0,20	0,27	0,48	0,54	0,67	0,73	0,74	0,75	0,80	0,81	<b>0,58</b>

II) Modelo Reg666-r10	0	90	180	205	270	360	365	450	540	550	630
0	-	0,91	0,95	0,96	0,94	0,83	0,82	0,80	0,77	0,76	0,60
90	0,88	-	0,92	0,89	0,76	0,58	0,79	0,56	0,56	0,55	0,27
180	0,79	0,98	-	0,99	0,88	0,65	0,65	0,59	0,58	0,57	0,36
205	0,78	0,98	1,00	-	0,93	0,73	0,72	0,65	0,61	0,61	0,45
270	0,76	0,97	0,99	1,00	-	0,92	0,91	0,82	0,71	0,71	0,70
360	0,74	0,97	0,99	0,99	0,99	-	1,00	0,95	0,82	0,81	0,89
365	0,74	0,97	0,99	0,99	0,99	1,00	-	0,95	0,82	0,82	0,90
450	0,66	0,94	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	-	0,95	0,94	0,94
540	0,54	0,87	0,94	0,94	0,95	0,96	0,96	0,98	-	1,00	0,88
550	0,54	0,87	0,94	0,94	0,95	0,96	0,96	0,98	1,00	-	0,88
630	0,60	0,91	0,96	0,97	0,97	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	-

\* Em negrito são as idades padrão da ABCZ, e estimativas de  $h^2$  correspondente

As estimativas de correlação genética entre os pesos nas diferentes idades foram todas positivas e semelhantes, entre os modelos Reg653-r10, Reg666-r10 e Reg664-r5. Nos três modelos as estimativas de correlações genéticas entre os pesos nas diferentes idades, foram, em geral, altas. As correlações genéticas foram maiores quanto mais próximas foram as idades. Correlações genéticas altas para idades mais próximas estão de acordo com resultados encontrados na literatura tais como os resultados obtidos por

Cyrillo (2003a) e Shenkel et al. (2002), que também trabalharam com regressão aleatória em dados de bovinos.

Tabela 9. Estimativas de herdabilidade (diagonal), de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípica (baixo da diagonal) no primeiro intervalo (I) da tabela e, no segundo intervalo (II) da tabela, estimativas de correlações de ambiente permanente do animal (acima da diagonal) e de ambiente permanente materno (abaixo da diagonal), encontrado em análise regressão aleatória com modelo Reg664-r5

I) Modelo Reg664-r5	0*	90	180	205	270	360	365	450	540	550	630
0 *	<b>0,13</b>	0,49	0,40	0,39	0,40	0,40	0,40	0,39	0,39	0,39	0,46
90	0,24	<b>0,41</b>	0,75	0,69	0,57	0,46	0,46	0,43	0,42	0,42	0,35
180	0,21	0,61	<b>0,41</b>	0,99	0,90	0,71	0,70	0,62	0,67	0,68	0,71
205	0,21	0,59	0,75	<b>0,43</b>	0,95	0,77	0,76	0,67	0,71	0,72	0,75
270	0,22	0,50	0,70	0,76	<b>0,46</b>	0,92	0,91	0,82	0,78	0,78	0,79
360	0,21	0,39	0,56	0,63	0,80	<b>0,45</b>	1,00	0,95	0,84	0,83	0,72
365	0,21	0,39	0,55	0,62	0,79	0,89	<b>0,45</b>	0,96	0,84	0,83	0,72
450	0,20	0,38	0,50	0,56	0,73	0,86	0,87	<b>0,44</b>	0,92	0,91	0,68
540	0,19	0,39	0,52	0,57	0,67	0,77	0,77	0,88	<b>0,44</b>	0,99	0,80
550	0,19	0,38	0,52	0,57	0,67	0,76	0,77	0,87	0,94	<b>0,44</b>	0,82
630	0,20	0,24	0,47	0,53	0,67	0,73	0,73	0,75	0,79	0,80	<b>0,54</b>
II) Modelo Reg664-r5											
0	-	0,84	0,94	0,96	0,95	0,82	0,82	0,79	0,77	0,76	0,62
90	0,85	-	0,95	0,92	0,74	0,51	0,51	0,51	0,53	0,52	0,19
180	0,80	0,99	-	0,99	0,86	0,63	0,62	0,58	0,56	0,56	0,32
205	0,79	0,99	1,00	-	0,92	0,72	0,71	0,65	0,61	0,60	0,42
270	0,75	0,98	0,99	0,99	-	0,92	0,92	0,83	0,73	0,72	0,69
360	0,71	0,97	0,99	0,99	0,99	-	1,00	0,95	0,84	0,84	0,88
365	0,71	0,97	0,99	0,99	0,99	1,00	-	0,96	0,85	0,84	0,89
450	0,67	0,96	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	-	0,95	0,95	0,92
540	0,65	0,95	0,97	0,98	0,98	0,99	0,99	1,00	-	1,00	0,88
550	0,65	0,95	0,97	0,98	0,98	0,99	0,99	1,00	1,00	-	0,88
630	0,67	0,96	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00	-

\* Em negrito são as idades padrão da ABCZ, e estimativas de  $h^2$  correspondente

Nos pesos em idades posteriores ao nascimento, foram observados valores de altas correlações genéticas. Sakaguti (2000), também encontrou o mesmo resultado, correlações genéticas aditivas ( $>0,80$ ) entre pesos em idades posteriores ao nascimento.

O autor menciona que essa relação linear entre os pesos após o nascimento indica que a seleção, para maior peso nas primeiras idades, tende a aumentar o peso nas idades mais avançadas e vice-versa.

A grande maioria dos menores valores que foram obtidos na correlação genética foi encontrada nas correlações que envolveram o peso ao nascer (Tabelas 7, 8 e 9 e Figuras 5b, 6b e 7b).

As correlações genéticas direta do peso ao nascer com P205, P365 e P550, dos modelos Reg653-r10, Reg666-r10 e Reg664-r5, foram 0,40, 0,40, 0,42; 0,40, 0,40, 0,39 e 0,39, 0,40, 0,39, respectivamente, sendo considerados relativamente baixos.

Sakaguti et al. (2003) também encontraram valores baixos para as mesmas correlações do PN com P205, P365 e P365, que foram de 0,36, 0,42 e 0,43 respectivamente e mencionaram que, embora se possa esperar que animais mais pesados ao nascer mantenham essa vantagem nas idades posteriores, quando a seleção é praticada, o peso excessivo ao nascer pode comprometer o desenvolvimento pós-natal.

Estimativas semelhantes foram citados por Mercadante et al. (1995), que encontraram valores de correlações genéticas diretas do peso ao nascer com o P365 e P550 de 0,41 e 0,40, respectivamente.

Os valores das estimativas de correlação genética direta do P205 com P365 foram de 0,68, 0,77 e 0,76, para os modelos Reg653-r10, Reg666-r10 e Reg664-r5, respectivamente, valores magnitude considerável. Resultado próximo foi encontrado no trabalho de revisão realizada por Mercadante et al. (1995), cujo valor obtido foi de 0,78.

As estimativas de correlação genética do P205 e P550 foram de 0,74, 0,72 e 0,72, para os modelos Reg653-r10, Reg666-r10 e Reg664-r5, respectivamente, valores de magnitude considerável. Estes valores são intermediários aos encontrados por Pádua e Silva (1994) e Sakaguti et al. (2003), que encontraram 0,33 e 0,86, respectivamente, mas são semelhantes ao valor encontrado por Mercadante et al. (1995) que foi de 0,71.

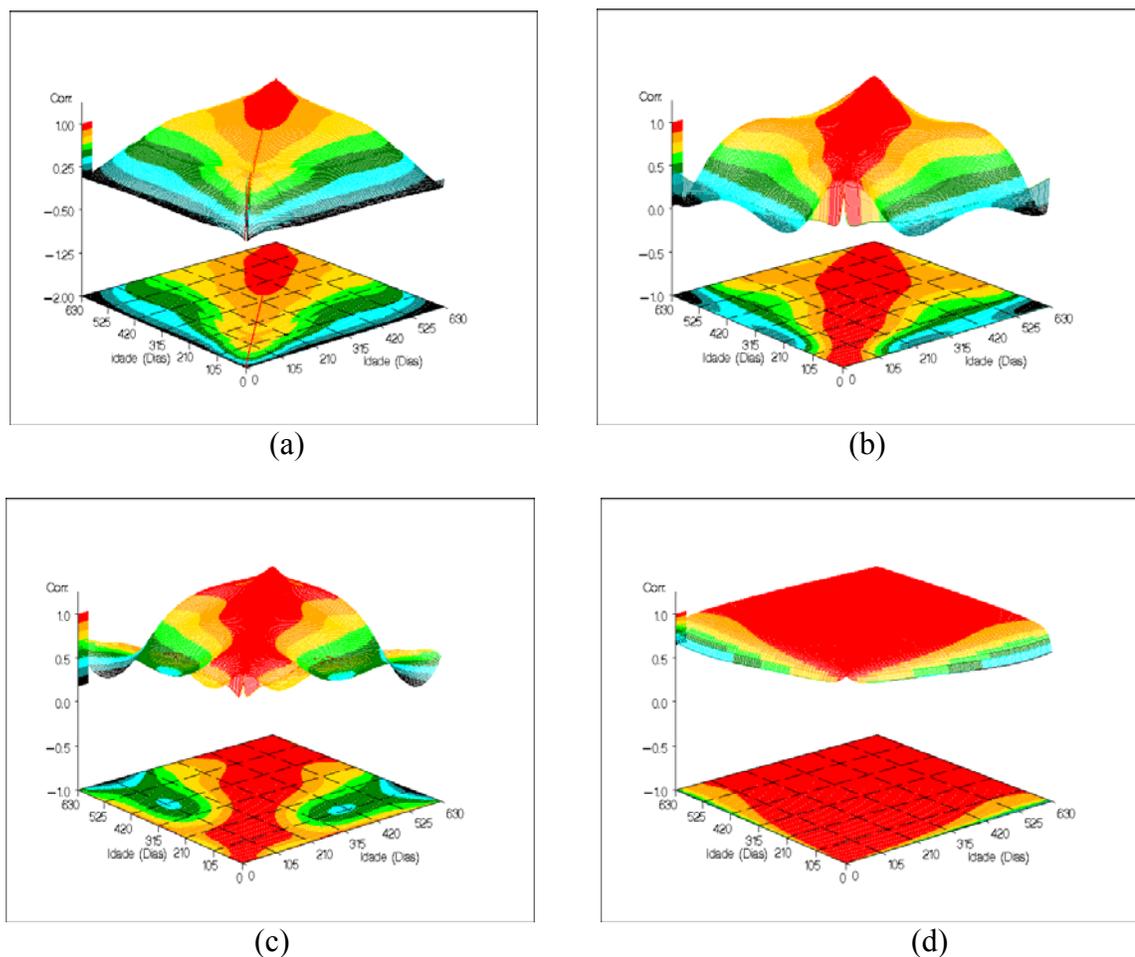


Figura 5- Estimativas de correlações fenotípica (a), e genética (b), e de ambiente permanente do animal (c), de ambiente permanente materno (d), entre pesos considerando o modelo Reg664-r5, nas respectivas idades

O P365 e P550 apresentaram estimativas de correlação genética direta de 0,81; 0,84 e 0,83, para os modelos Reg653-r10, Reg666-r10 e Reg664-r5, respectivamente. Esses valores de correlação genética estão de acordo com os resultados encontrados por Machado et al. (1999), Albuquerque & Meyer (2001), que encontraram correlações de 0,79 e 0,97, respectivamente.

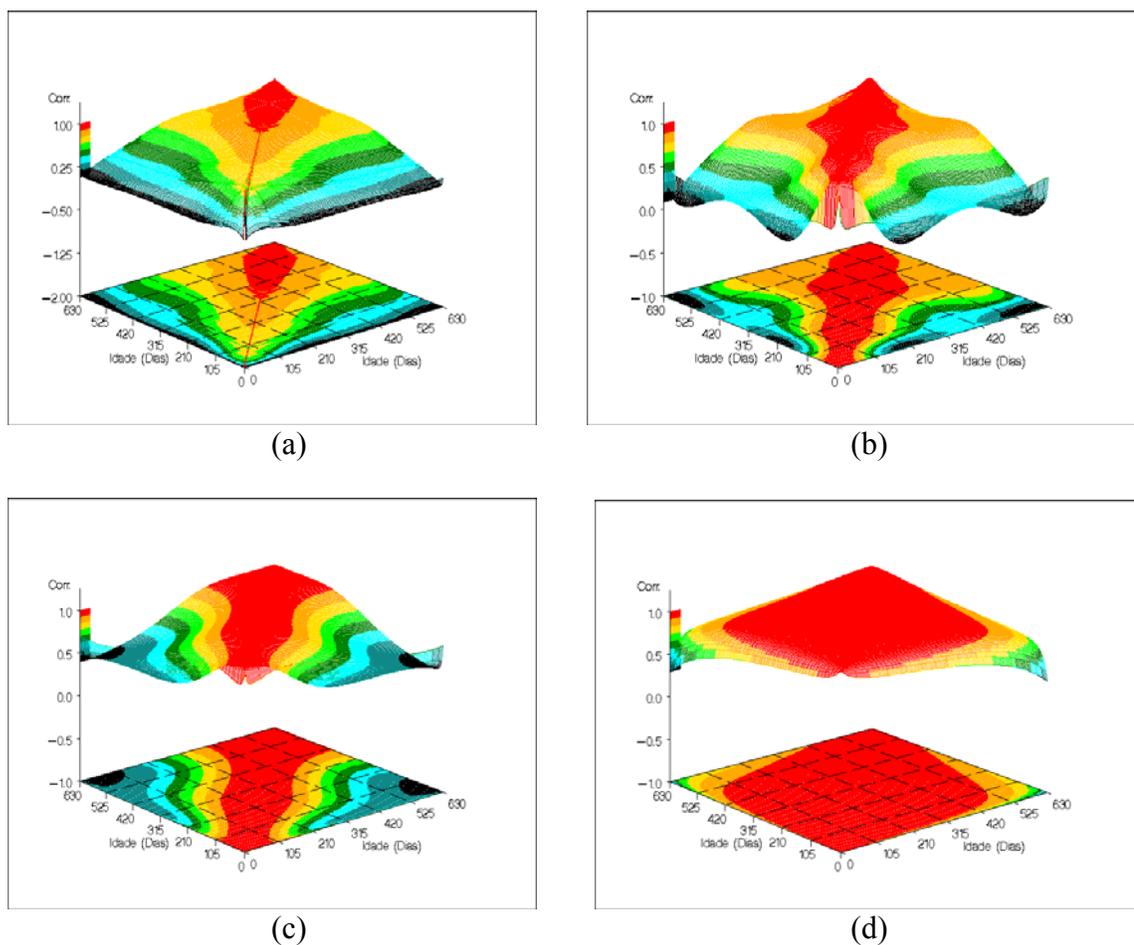


Figura 6- Estimativas de correlações fenotípica (a), e genética (b), e de ambiente permanente do animal (c), de ambiente permanente materno (d), entre pesos considerando o modelo Reg653-r10, nas respectivas idades

As estimativas de correlação de ambiente permanente do animal também apresentaram tendências crescentes à medida que as idades se aproximaram, com valor máximo de 0,99 e mínimo de 0,19 (Tabelas 7, 8 e 9 e Figuras 5c, 6c e 7c). Os valores de correlações de ambiente permanente do animal, do peso ao nascer e o P205, P365 e P550 foram 0,89, 0,81 e 0,68 respectivamente, no modelo Reg653-r10, os demais modelos apresentaram valores similares.

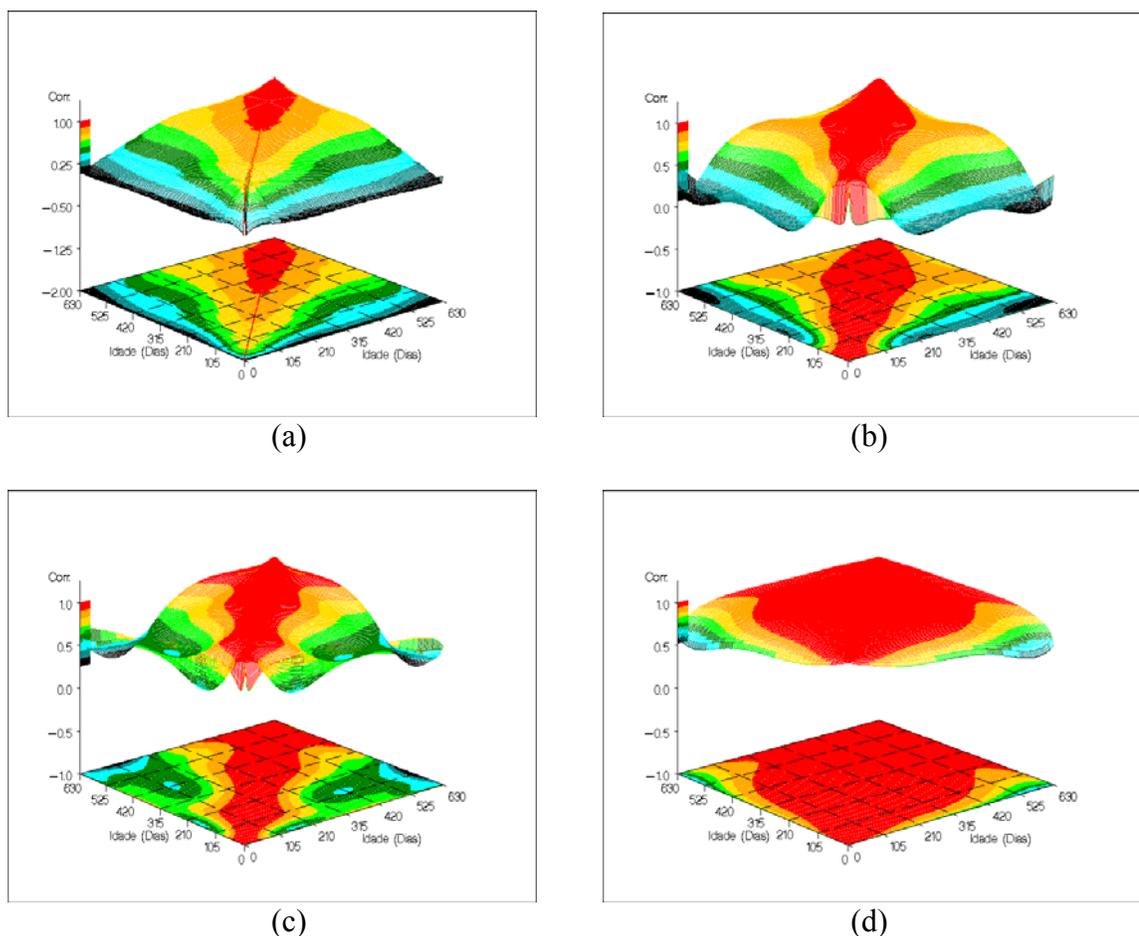


Figura 7 - Estimativas de correlações fenotípica (acima à esquerda, Figura 7a), e genética (acima à direita, Figura 7b), e de ambiente permanente do animal (abaixo à esquerda, Figura 7c), de ambiente permanente materno (abaixo à direita, Figura 7d), entre pesos considerando o modelo Reg666-r10, nas respectivas idades

As estimativas de correlação de ambiente permanente materno foram altas em quase todas idades nos três modelos, com a maioria dos valores próxima a 1,0, para esse efeito (Figuras 5d, 6d e 7d).

Meyer (1994), trabalhando com dados de bovinos cruzados, também encontrou correlações de ambiente permanente materno com valores acima de 0,90, entre os pesos ao desmame e ao sobreano. Albuquerque & Meyer (2001) encontraram correlações de ambiente permanente materno com valores acima de 0,84, entre o peso ao nascimento e

às diversas idades iniciais, sendo que, após o décimo dia de idade, as correlações apresentaram valores iguais a 1,0.

Esses resultados estão de acordo com os encontrados por Cyrillo (2003a) que, trabalhando com regressão aleatória em pesos de bovinos da raça Nelore, observou que as estimativas de correlação de ambiente materno formaram uma superfície plana na representação gráfica, demonstrando correlação próxima ou igual a 1,0 em todas as idades.

#### **5.4 Conclusões**

O comportamento das variâncias nas análises de regressão aleatória foi relativamente similar. Os valores de critério de AIC indicaram que o ajuste do modelo Reg666-r10 é superior aos demais modelos estudados, enquanto pelo BIC o modelo mais parcimonioso (Reg653-r10) foi indicado como sendo superior aos demais para o ajuste dos efeitos genético direto, de ambiente permanente de animal, e de ambiente permanente materno.

As estimativas dos parâmetros, obtidas nos modelos de regressão aleatória apresentaram magnitude similar a outros resultados da literatura. O modelo mais parcimonioso (Reg653-r10) caracterizou-se por apresentar menor tempo de processamento em relação aos modelos com dez classes distintas de variâncias residuais.

A utilização de heterogeneidade de variância foi mais apropriada para modelar dados longitudinais de características de crescimento de bovinos de corte desse conjunto de dados, de acordo com critério de AIC como BIC. Concluiu-se que a variância do resíduo, dividida em dez classes distintas de variâncias, foi mais adequada para modelar a variação dos pesos estudados.

O modelo de regressão aleatória, por permitir uma melhor definição dos efeitos aleatórios e utilizar os dados disponíveis diretamente das observações, sem que prévias padronizações sejam feitas, constitui alternativa importante para modelagem e estimativas de parâmetros genéticos dos pesos corporais de bovinos em crescimento, da raça Guzerá.

## **6 CONCLUSÕES GERAIS**

Na primeira abordagem de análise, usando os dados de peso corporal, divididos em intervalos de 90 dias do nascimento até 630 dias de idade em uma análise unicaracterística com diferentes modelos, as estimativas de variância genética materna foram baixas, principalmente antes da desmama. Os valores de herdabilidade direta cresceram da primeira idade até a segunda idade, mantiveram até o desmame e depois cresceram. As estimativas de herdabilidades maternas no modelo completo em quase todas idades foram baixas. Na segunda abordagem, usando diferentes modelos unicaracterísticos e bicaracterísticos o comportamento das estimativas foram semelhantes à primeira.

Na análise de regressão aleatória os valores de herdabilidade direta cresceram conforme a idade foi avançando. As estimativas dos parâmetros, obtidas nos modelos de regressão aleatória apresentaram magnitude similar a outros resultados da literatura. A variância do resíduo, dividida em dez classes distintas, foi mais adequada para modelar a variação dos pesos estudados.

O modelo de regressão aleatória com heterogeneidade de variância residual, por permitir uma melhor definição dos efeitos aleatórios e utilizar os dados disponíveis diretamente das observações, sem que prévias padronizações sejam feitas, caracteriza-se como uma boa alternativa para o ajuste dos pesos corporais de bovinos em crescimento, da raça Guzerá.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU-ABCZ. **A raça Guzerá.**

**Revista ABCZ** – v.2, n.9 - Julho - Agosto/2002. - Brasil 2002.

URL:<http://www.abcz.org.br/htm> (20 set. 2002).

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU-ABCZ. **Estatística de Registro Genealógico de Nascimento (RGN) da Raças Zebuínas - Brasil 2004.**

URL:<http://www.abcz.org.br/tecnica/reggen/estatistica.htm> (16 mai. 2004).

ALBUQUERQUE, L. G.; FRIES, L. A. Modelos de regressão aleatória: Possível aplicação na seleção de animais precoces. In: CONGRESSO BRASILEIRO DAS RAÇAS ZEBUINAS, 30., Uberaba.,1998. **Anais.** Uberaba: ABCZ, 1998. p.129-144.

ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from birth to 600days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.118, p.83-92, 2001.

ALBUQUERQUE, L.G.; EL FARO, L. Predição de valores genéticos para características de crescimento em bovinos Nelore usando modelos de regressão aleatória. (compact disc). In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., Santa Maria, 2003. **Anais.** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003.

- BITTENCOURT, T.C.C.; ROCHA, J.C.M.C.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.F. Estimação de componentes de (co)variâncias e predição de DEP's para características de crescimento pós-desmama de bovinos da raça Nelore, usando diferentes modelos estatísticos. **Arquivo Brasileiro de Medicina veterinária e Zootecnia**, v.54, n.3, p.303-308, jun.2002.
- BOLDMAN, K. G.; VAN VLECK, L. D. Derivative-free restricted maximum likelihood estimation in animal models with a sparse matrix solver. **Journal of Dairy Science**, v.74, p.4337-4343, 1991.
- CYRILLO, J.N. Estimativas de funções de covariância para crescimento de machos Nelore utilizando modelos de regressão aleatória. Jaboticabal, 2003a. 72p. Tese (Doutorado)- Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho".
- CYRILLO, J.N. Seleção de modelos de regressão aleatória para ajuste de pesos do nascimento ao momento da seleção (378 dias) de machos Nelore. (compact disc). In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., Santa Maria, 2003b. **Anais**. Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003b.
- DICKINSON, F. N.; POWELL, R. L.; NORMAN, H. D. An introduction to the USDA-DHIA modified contemporary comparison. The USDA-DHIA modified contemporary comparison sire summary and cow index procedures. Washington: USDA, 1976. 70p.
- DOBSON, A.J. An introduction to generalized linear models. Melbourne: Chapman and Hall, 1990. 174p.
- ELER, J.P. Utilização de modelos animais univariado e multivariado na avaliação genética de bovinos da raça Nelore. Pirassununga, 1994. 112p. Tese (Livre-Docência) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo.

- ELER, J.P.; VAN VLECK, L.D.; FERRAZ, J.B.S.; LÔBO, R.B. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.73, p.3253 -3258, 1995.
- EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.
- EL FARO, L.; FRIES, L.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimação de parâmetros genéticos para produção no dia do controle através de regressão aleatória. (compact disc). In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36., Porto Alegre, 1999. **Anais**. Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1999.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introducion to quantitative genetics**. 4 ed. New York: Longman Scientific and Technical, 1996. 464p.
- FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; SOUZA, J.C.; ALENCAR, M.M.; MALHADO, C.H.M. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos à desmama e pós-desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.2, p.635-640, 2002.
- FERREIRA, P.R.C. Estudo de pesos a diferentes idades e características reprodutivas de um rebanho de animais Chianina, Nelore e seus mestiços em Goiás. Viçosa, 1985. 148p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
- GARNERO, A.D.V.; LÔBO, R.B; BEZERRA, L.A.F.; OLIVEIRA, H.N. Comparação entre alguns critérios de seleção para crescimento na raça Nelore. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.3, p.714-718, 2001.
- GARNERO, A.D.V.; FERNANDES, M.B; FIGUEIREDO, L.F.C.; LÔBO, R.B. Influência da incorporação de dados de progênies na classificação de touros da raça Nelore. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.2, p.918-923, 2002.

- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theories. **Journal of Animal Science**, v.63, p.217-244, 1986.
- GRASER, H.U.; SMITH,S.P.; TIER, B.A. Derivative-free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood.. **Journal of Animal Science**, v.64, p.1362-1370, 1987.
- HARVILLE, D.A. Maximum likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. **Journal of the American Statistical Association**, v.72, n.358, p.320-339, 1977.
- HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, v.9, p.226-252, 1953.
- HENDERSON, C.R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, v.32,p.69-83, 1976.
- HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**, Guelph: University of Guelph., 1984. 423p.
- HENDERSON, C. R. Recent developments in variance and covariance estimation. . **Journal of Animal Science**, v.63, p.208-216, 1986.
- HENDERSON JUNIOR., C. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v.38, n.3, p.623-640, 1982.
- HENDERSON, C.R.; QUAAS, R.L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v.43, p.1188-1197, 1976.

- JAMROZICK, J.; SHAEFFER, L. R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762-770, 1997.
- JAMROZICK, J.; SHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J. C. M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.1217-1226, 1997.
- KAPS, M.; HERRING, W.O.; LAMBERSON, W.R. Genetic and environmental parameters for traits derived from the Brody growth curve and their relationship with weaning weight in Angus cattle. **Journal of Animal Science**, v.78, n.6, p.1436-1442, 2000.
- KASS, R. E.; RAFTERY, A. E. Bayes factors. **Journal of the American Statistician Association**, v.90, p.773-795, 1995.
- KEELE, J.W.; LONG, T. E.; JOHNSON, R. K. Comparison of methods of estimating variance components in pigs. **Journal of Animal Science**, v.69, p.1428-1434, 1991.
- KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical. Biology**, v.27, p.429-450,1989.
- KIRKPATRICK, M.; LOOFVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, p.979-993, 1990.
- KIRKPATRICK, M.; LOOFVOLD, D. Measuring selection and constraint in the evolution of growth. **Evolution**, v.64, p.954-971, 1992.
- KIRKPATRICK, M.; HILL, W. G.; THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and aging, illustrated with lactations in dairy cattle. **Genetical Research**, v.64, p.57-69, 1994.

- LÔBO, R.B.; REYES, A. DE LOS; BEZERRA, L.A.F. . Avaliação genética de animais jovens, touros e matrizes. Ribeirão Preto: GEMAC- Departamento de Genética/Universidade de São Paulo, 1997. 65p.
- MACHADO, P.F.A.; AQUINO, L.H.; GONÇALVES, T.M. Estimativas de parâmetros genéticos e critérios de seleção em características ponderais de bovino Nelore. **Ciência e Agrotecnologia**. v.23, n.1, p.197-204, jan./mar., 1999.
- MARCONDES, D.G.; BITTENCOURT, T.C.C.; ROCHA, J.C.M.C.; LÔBO, R.B., BEZERRA, L.A.F.; TONHATI, H. Estudo de modelo alternativo pra estimação de componentes de (co)variância e predição de valores genéticos de características de crescimento em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.1, p.93 -99, fev., 2002.
- MARQUES, L.F.A.; PEREIRA, J.C.C.; OLIVEIRA, H.N.; PEREIRA, C.S., BERGMANN, J.A.G. Componentes de (co) variância e parâmetros genéticos de características de crescimento da raça Simental no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.51, n.4, p.363-370, 1999
- MASCIOLI, A.S.; ALENCAR, M.M.; BARBOSA, P.F.; NOVAES, A.P. de; OLIVEIRA, M.C.S. Estimativas de parâmetros genéticos e proposição de critérios de seleção para pesos na raça Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.25, n.1, p.72-82, jan/fev. 1996.
- MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; SILVA, L.O.C.; BARBOSA, R.T.; BARBOSA, P.F. Estimativas de (co)variâncias e tendências genéticas para pesos em um rebanho Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1707-1714, 2002.

- MERCADANTE, M.E.Z. Análise de um experimento de seleção para crescimento em bovinos Nelore: respostas direta no peso ao sobreano e correlacionadas no tamanho e reprodução das matrizes. Piracicaba, 2001, 106p. Tese (Doutorado)- Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo
- MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B.; BORJAS, A. DE LOS R. Parâmetros genéticos para características de crescimento em zebuínos de carne. **Archivo Latinoamericano de Producción Animal**, v.3, n.1, p.45-89, 1995.
- MEYER, K. Programs to estimate components for individual animal models by restricted maximum likelihood (**REML**). User notes. Edinburg, University of Edinburg, 1988. 12p.
- MEYER, K. Restricted maximum likelihood to estimate variance components for animal models with several random effects using a derivative-free algorithm. **Génétique, Sélection, Évolution**, Paris, v.21, p.317-340, 1989a.
- MEYER, K. Estimation of genetic parameters. In: **REVIEWS ON MOLECULAR AND QUANTITATIVE GENETIC APPROACHES IN HONOR OF ALAN ROBERTSON. Proceedings** Evolution and Animal Breeding, C-A-B International, Wallingford, UK: 1989b. p.159-167.
- MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood . **Génétique, Sélection, Évolution**, v.23, p.67, 1991.
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.31, p.179-204, 1992.
- MEYER, K. **D F R E M L -Version 2.1.09**. User notes. Armidale: University of New England, 1993. 97p.

- MEYER, K. Estimates of direct and maternal correlations among growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.38, p.91-105, 1994.
- MEYER, K. Estimating covariances functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection and Evolution**, v.30 p. 221-240, 1998a.
- MEYER, K. Random regression models and covariance functions in the analysis of animal breeding data. General aspects and specific applications for dairy data. In: Palestra Apresentada na FCAV- UNESP- Jaboticabal. 1998b
- MEYER, K. -“**DFUNI**” Univariate analyses using derivative-free algorithm only. D F R E M L -Version 3.0  $\beta$ . User notes. Armidale, University of New England, 1998c. 29p.
- MEYER, K. -“ **DFUNI , DXMUX**”. D F R E M L -Version 3.0  $\beta$ . User notes. Armidale: University of New England, 1998d. 29p.
- MEYER, K. “**DXMRR**”: a program to estimate covariance functions for longitudinal data by Restricted Maximum Likelihood (compact disc). In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 6., Armidale, 1998 **Proceedings**. Armidale: University of New England, 1998e.
- MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.
- MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariance function for growth of Australian beef calves from birth to weaning. **Genetics Selection and Evolution**, v.33, p.487-514, 2001.
- MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Australian beef cattle from a large set of field data. (compact disc). In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 7., Montpellier, 2002. **Proceedings**. Montpellier: INRA, 2002.

- MEYER, K., SMITH, S.P. Restricted maximum likelihood estimation for animal models using derivatives of the likelihood Estimating covariances functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection and Evolution**, v.28, n.1, p.23-49, 1996.
- MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, p.185-200, 1997
- MEYER, K.; GRASER, H.U., HAMMOND, K. Estimates of genetic parameters for first lactation test day production of Australia black and white cows. **Livestock Production Science**, v.21, p.177-199, 1989.
- MILAGRES, J.C.; ARAÚJO, C.R. de; TEIXEIRA, N. M.; TORRES, R. de A.; Influências de meio e herança sobre os pesos ao nascer, aos 205 dias e aos 365 dias de idade de animais Nelore criados no nordeste do Brasil. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.22, n.3, p.455-465, maio/jun. 1993.
- MISZTAL, I.; STRABEL, T.; JAMROZIK, J.; MÄNTYSAARI, E.A.; MEUWISSEN, T.H.E. Strategies for estimating the parameters needed for different test-day models. **Journal of Dairy Science**, v.83, n.5, p.1125-1134, 2000.
- NÁJERA AYALA, J.M.; PEREIRA, J.C.C.; OLIVEIRA, H.N. Efeitos genéticos sobre características ponderais de duas populações da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.43, n.1, p.81-91, fev.1991.
- NOBRE, P.R.C. Analyses of sequential weights of Nelore cattle using multiple trait and random regression models. Viçosa, 2001 152p. Tese (Doutorado)- Centro de Ciências Agrárias,. Universidade Federal de Viçosa.

- NUNEZ-ANTÓN, V.N.; ZIMMERMAN, D.L. Modelling nonstationary longitudinal data. **Biometrics**, v.56, p.699-705, 2000.
- OLIVEIRA, J.A.; DUARTE, F.A.M.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. Genetic and phenotypic parameters of birth weight and weaning weight in Canchim cattle. **Revista Brasileira de Genética**, n.1, p.131-145, 1982.
- OLORI, V. E.; HILL, W. G.; McGUIRK, B. J. et al.. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**, v.61, p.53-63, 1999.
- PÁDUA, J.T.; SILVA, R.G. da. Avaliação genética do desempenho de bovinos mestiços Chianina x Nelore. 1. Fatores envolvidos e estimação de parâmetros genéticos. **ARS Veterinária**, v.10, n.1, p.15-25, jun. 1994.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrics**, v.58. p.545-554, 1971.
- PELICIONI, L. C.; QUEIROZ, S.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de parâmetros genéticos para pesos ao nascer e mensais até 450 dias em bovinos Guzerá. **Archivo Latinoamericano de Producción Animal**, v.11, n.1, p.34-39, 2003a.
- PELICIONI, L. C.; ALBUQUERQUE, L.G.; QUEIROZ, S.A. Modelos de regressão aleatória para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzerá empregando-se diferentes estruturas de variâncias residuais. (compact disc). In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., Santa Maria, 2003b. **Anais**. Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003b.
- PEREIRA, V.M.C. Estudo genético de critérios de seleção ligados à eficiência reprodutiva e ao crescimento de machos e fêmeas da raça Canchim. Jaboticabal, 2003. 85p. Tese (Mestrado)- Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”.

- PIMENTA FILHO, E.C.; MARTINS, G.A.; SARMENTO, J.L.R.; RIBEIRO, M.N.; MARTINS FILHO, R. Estimativas de herdabilidade de efeitos direto e materno de características de crescimento de bovinos Guzerá, no Estado da Paraíba.. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.4, p.1220-1223, 2001.
- PTAK, E.; SHAEFFER, L. R. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. **Livestock Production Science** , v.34, p.23-24, 1993.
- QUAAS, R.L Computing the diagonal elements and a inverse of a large numerator relationship matrix. **Biometrics**, v.32, p.949-953, 1976.
- QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J. Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. **Journal of Animal Science**, v.51, p.1277-1287, 1980.
- REYES, A.B.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. Variabilidade genética de característica de crescimento alternativas para seleção em gado de corte. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., Juiz de Fora, 1997. **Anais**. Juiz de Fora: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1997. p.245-247.
- ROBINSON, D.L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. **Livestock Production Science**, v.45, p.1-11, 1996.
- SAKAGUTI, E.S. Funções de covariâncias e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã. Viçosa, 2000. 81p. Tese (Doutorado) - Centros de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Viçosa.
- SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L.; MARTINS, E.N.; LOPES, P.S.; SILVA, L.O.C. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4 ,p.864-874, 2003.

- SCARPATI, M.T.V.; LÔBO, R.B. Modelos animais alternativos para estimação de componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos e fenotípicos do peso ao nascer na raça nelore. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.3, p.513-518, 1999.
- SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle (compact disc). In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 5., Guelph, 1994. **Proceedings**. Canada: University of Guelph, 1994.
- SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; KAMROZIK, J.; WILTON, W. Two-step ad random regression analyses of weight gain of station-tested beef bulls. **Journal of Animal Science**, v.80, p.1497-1507, 2002.
- SIQUEIRA, R.L.P.G.; OLIVEIRA, J.A.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F.; TONHATI, H. Análise da variabilidade genética aditiva de características de crescimento na raça Nelore. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.1, p.99-105, 2003.
- SMITH, S.P., GRASER, H.U. E. Estimation of variance components in class of mixed models by restricted maximum likelihood. **Journal of Dairy Science**, v.69, n.4, p.11156-11165, 1986.
- SORENSEN, D.A.; KENNEDY, B.W. Estimation of genetic variances from unselected and selected populations. **Journal of Animal Science**, v.59, p.1213-1223, 1984.
- SORENSEN, D.A., KENNEDY, B.W. Analysis of selection experiments using mixed model methodology. **Journal of Animal Science**, v.63, p.245-258, 1986.

- SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C.; PINHEIRO, V.G.; GRANDO, R.T.; MALHADO, C.H.M.; FERRAZ FILHO, P.B.; FREITAS, J.A. Estimativas de parâmetros genéticos dos pesos aos 205, 365 e 550 dias de idade em bovinos da raça Guzerá na micro-região de Araraquara. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., Campo Grande. **Anais**. Campo Grande: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2002.
- STRABEL, T., MISZTAL, I. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of Polish Black and White cattle with random regression test-day models. **Journal of Dairy Science**, v.82, n.12, p.2805-2810, 1999
- VAN DER WERF, J.H.J.; DE BOER, I.J.M. Estimation of additive genetic variance when base populations are selected. **Journal of Animal Science**, v.68, p.3124 -3132, 1990.
- VAN DER WERF, J.H.J., SHAEFFER, L.R. Random regression in animal breeding. Course notes, University of Guelph, Ontario, Canada. 1997
- VAN DER WERF, J.H.J.; GODDARD, M. E., MEYER, K. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. **Journal of Dairy Science**, v.81, n.12, p.3300-3308, 1998.
- VARONA, L.; MORENO, C.; CORTES, L.A.G.; ALTARRIBA, J. Multiple trait genetic analysis of underlying biological variables of production functions. **Livestock Production Science**, v.47, n.3, p.201-209, 1997.
- VEERKAMP, R.F., THOMPSON, R. A covariance function for feed intake, live weight, and milk yield estimated using a random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.82, n.7, p.1565-1573, 1999.

VERNEQUE, R.S. Procedimentos numéricos e estimação de componentes de covariância em análise multivariada pelo método da máxima verossimilhança restrita – modelos mistos aplicados ao melhoramento animal. Piracicaba, 1994. 157p. Tese (Doutorado)- Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

VILLALBA, D.; CASASÚS, I.; SANZ, A.; ESTANY, J.; REVILLA, R. Preweaning growth curves in Brown Swiss and Pirenaica calves with emphasis on individual variability. **Journal of Animal Science**, v.78, n.5, p.1132-1140, 2000.