

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JULIO DE MESQUITA FILHO"
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL

**MODELOS PARA ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE
(CO)VARIÂNCIA PARA PESOS DO NASCIMENTO À
IDADE ADULTA DE ANIMAIS DA RAÇA NELORE**

Arione Augusti Boligon
Zootecnista

JABOTICABAL - SP - BRASIL
2011

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JULIO DE MESQUITA FILHO"
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**MODELOS PARA ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE
(CO)VARIÂNCIA PARA PESOS DO NASCIMENTO À
IDADE ADULTA DE ANIMAIS DA RAÇA NELORE**

Arione Augusti Boligon

Orientador: **Prof^a. Dr^a. Lucia Galvão de Albuquerque**
Co-Orientador: **Dr^a. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante**

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento Animal

JABOTICABAL – SP
Agosto de 2011

B689m Boligon, Arione Augusti
Modelos para estimação de componentes de (co)variância para pesos do nascimento à idade adulta de animais da raça Nelore / Arione Augusti Boligon – Jaboticabal, 2011
xii, 97 f. : il. ; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2011
Orientador: Lucia Galvão de Albuquerque
Banca examinadora: Paulo Roberto Nogara Rorato, Lenira El Faro, Henrique Nunes de Oliveira, Fernando Sebastián Baldi Rey
Bibliografia

1. Dados longitudinais. 2. Funções de (co)variância. 3. Modelos de posto reduzido. 4. Peso adulto. 5. Splines. I. Título. II. Jaboticabal - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.082.22:636.2

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação - Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Campus de Jaboticabal.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
CAMPUS DE JABOTICABAL
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS DE JABOTICABAL

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

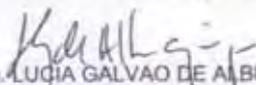
TÍTULO: MODELOS PARA ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA PARA PESOS DO NASCIMENTO À IDADE ADULTA DE ANIMAIS DA RAÇA NELORE

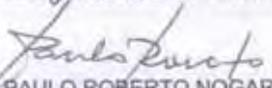
AUTORA: ARIONE AUGUSTI BOLIGON

ORIENTADORA: Profa. Dra. LUCIA GALVAO DE ALBUQUERQUE

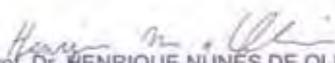
CO-ORIENTADORA: Profa. Dra. MARIA EUGENIA ZERLOTTI MERCADANTE

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:


Profa. Dra. LUCIA GALVAO DE ALBUQUERQUE
Departamento de Zootecnia / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal


Prof. Dr. PAULO ROBERTO NOGARA RORATO
Departamento de Zootecnia / Universidade Federal de Santa Maria


Profa. Dra. LENIRA EL FARO ZADRA
Apta Regional - Prda Centro Leste / Agencia Paulista de Tecnologia dos Agronegocios


Prof. Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA
Departamento de Zootecnia / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal


Prof. Dr. FERNANDO SEBASTIÁN BALDI REY
Departamento de Zootecnia / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Data da realização: 09 de agosto de 2011.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

ARIONE AUGUSTI BOLIGON – solteira, nascida em 20 de setembro de 1982, na cidade de Bossoroca – RS, filha de Sérgio Boligon e Glória Maria Augusti Boligon. Iniciou em março de 2001 o curso de graduação em Zootecnia na Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), obtendo o título de Zootecnista em fevereiro de 2006. Em março de 2006 ingressou no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Campus de Jaboticabal-SP, como bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, FAPESP, obtendo o grau de Mestre em 25 de fevereiro de 2008, sob orientação da Profa. Dra. Lucia Galvão de Albuquerque. Em março de 2008 iniciou o doutorado no mesmo programa de pós-graduação, como bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, FAPESP, obtendo o grau de Doutora em 09 de agosto de 2011 sob orientação da Profa. Dra. Lucia Galvão de Albuquerque. No ano de 2010 fez estágio de doutorado "sandwich" na University of Wisconsin, campus de Madison, WI, EUA, sob orientação do Prof. Dr. Guilherme Jordão de Magalhães Rosa.

Um dia você aprende...

*Depois de algum tempo você aprende a diferença,
a sutil diferença, entre dar a mão e acorrentar uma alma.*

*E você aprende que amar não significa apoiar-se,
e que companhia nem sempre significa segurança.*

*E começa a aprender que beijos não são contratos
e presentes não são promessas.*

*E começa a aceitar suas derrotas com a cabeça erguida
e olhos adiante, com a graça de um adulto
e não com a tristeza de uma criança.*

*E aprende a construir todas as suas estradas no hoje,
porque o terreno do amanhã é incerto demais para os planos,
e o futuro tem o costume de cair em meio ao vão.*

*Depois de um tempo você aprende que o sol queima
se ficar exposto por muito tempo.*

*E aprende que não importa o quanto você se importe,
algumas pessoas simplesmente não se importam...*

*E aceita que não importa quão boa seja uma pessoa,
ela vai feri-lo de vez em quando e você precisa perdoá-la por isso.*

Aprende que falar pode aliviar dores emocionais.

*Descobre que se leva anos para se construir confiança
e apenas segundos para destruí-la,
e que você pode fazer coisas em um instante,
das quais se arrependerá pelo resto da vida.*

*Aprende que verdadeiras amizades continuam a crescer
mesmo a longas distâncias.*

*E o que importa não é o que você tem na vida,
mas quem você é na vida.*

E que bons amigos são a família que nos permitiram escolher.

Aprende que não temos que mudar de amigos

*se compreendemos que os amigos mudam,
percebe que seu melhor amigo e você podem fazer qualquer coisa,
ou nada, e terem bons momentos juntos.
Descobre que as pessoas com quem você mais se importa na vida
são tomadas de você muito depressa,
por isso sempre devemos deixar as pessoas que amamos
com palavras amorosas, pode ser a última vez que as vejamos.
Aprende que as circunstâncias e os ambientes tem influência sobre nós, mas nós somos
responsáveis por nós mesmos.
Começa a aprender que não se deve comparar com os outros,
mas com o melhor que você mesmo pode ser.
Descobre que se leva muito tempo para se tornar a pessoa que quer ser, e que o tempo é
curto.
Aprende que não importa onde já chegou, mas onde está indo,
mas se você não sabe para onde está indo,
qualquer lugar serve.
Aprende que, ou você controla seus atos ou eles o controlarão,
e que ser flexível não significa ser fraco ou não ter personalidade,
pois não importa quão delicada e frágil seja uma situação,
sempre existem dois lados.
Aprende que heróis são pessoas que fizeram o que era necessário fazer,
enfrentando as consequências.
Aprende que paciência requer muita prática.
Descobre que algumas vezes a pessoa que você espera que o chute
quando você cai é uma das poucas que o ajudam a levantar-se.
Aprende que maturidade tem mais a ver com os tipos de experiência que se teve e
o que você aprendeu com elas
do que quantos aniversários você celebrou.
Aprende que há mais dos seus pais em você do que você supunha.
Aprende que nunca se deve dizer a uma criança que sonhos são bobagens,
poucas coisas são tão humilhantes e seria uma tragédia*

se ela acreditasse nisso.

*Aprende que quando está com raiva tem o direito de estar com raiva,
mas isso não lhe dá o direito de ser cruel.*

*Descobre que só porque alguém não o ama do jeito que você quer que ame
não significa que esse alguém não o ama,
pois existem pessoas que nos amam,
mas simplesmente não sabem como demonstrar isso.*

*Aprende que nem sempre é suficiente ser perdoado por alguém,
algumas vezes você tem que aprender a perdoar-se a si mesmo.*

*Aprende que com a mesma severidade com que julga,
você será em algum momento condenado.*

*Aprende que não importa em quantos pedaços seu coração foi partido,
o mundo não pára para que você o conserte.*

Aprende que o tempo não é algo que possa voltar para trás.

*Portanto, plante seu jardim e decore sua alma,
ao invés de esperar que alguém lhe traga flores.*

*E você aprende que realmente pode suportar...
que realmente é forte, e que pode ir muito mais longe
depois de pensar que não se pode mais.*

*E que realmente a vida tem valor
e que você tem valor diante da vida!*

*“Nossas dúvidas são traidoras e nos fazem perder o bem que poderíamos conquistar,
se não fosse o medo de tentar”.*

William Shakespeare

*Aos meus **mestres**, que em cada etapa da minha trajetória ensinaram-me através da palavra e do exemplo que a busca do conhecimento deve ser contínua.*

Dedico e Ofereço

AGRADECIMENTOS

À *Deus*, por todas as graças concedidas.

À *todos meus familiares*, em especial, meu pai e mãe, irmão e irmãs, cunhados (a) e sobrinho que, apesar da distância, sempre me ajudaram e apoiaram, acreditaram nos meus sonhos e torceram pela sua concretização.

Ao *Fábio e sua família*, pelo cuidado, ajuda, paciência e companhia.

À *Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (UNESP)* e ao *Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal da FCAV/UNESP*, por disponibilizar a estrutura de pesquisa para realização desta tese, pelos ensinamentos e oportunidade de crescimento pessoal e profissional.

À minha orientadora, *Dra. Lucia Galvão de Albuquerque*, pelas valiosas sugestões, orientação, amizade e exemplo de profissionalismo.

Ao *Dr. Guilherme Jordão de Magalhães Rosa* pela orientação, pelos inúmeros ensinamentos e por ter me acolhido tão bem durante meu estágio “sandwich” na University of Wisconsin em Madison - WI - EUA.

À minha co-orientadora, *Dra. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante*, pela valiosa ajuda, além do incentivo e amizade.

Ao professor do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Santa Maria, *Dr. Paulo Roberto Nogara Rorato*, por ter me proporcionado os primeiros contatos e o interesse pela pesquisa, durante minha graduação em Zootecnia.

Aos componentes da banca examinadora da tese, *Dr. Paulo Roberto Nogara Rorato, Dra. Lenira El Faro, Dr. Henrique Nunes de Oliveira e Dr. Fernando Sebastián Baldi Rey*, pela disponibilidade e importantes sugestões.

Ao membros da banca examinadora de qualificação, *Dr. Henrique Nunes de Oliveira, Dr. Humberto Tonhati, Dr. Danisio Prado Munari e Dr. Fernando Sebastián Baldi Rey*, pelas correções e sugestões prestadas.

À *Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP)*, pela concessão da bolsa de doutorado.

À *Associação Brasileira de Criadores e Pesquisadores*, pela concessão dos dados.

Às minhas amigas *Annaiza* e *Denise*, pelo carinho, apoio, confiança, torcida e agradáveis momentos de convívio. Não tenho palavras para dizer como vocês foram e são importantes!!!

Aos *colegas e amigos da “Salinha” do Melhoramento Animal*: Márcio Cinachi, Fernando, Marcos, Fernanda, Luciana, Momyka, Fábio, Rodrigo, Mário, Ana Paula, Luís, Márcio Ribeiro, Severino, Diogo, Daniel, Inaê, Victor, Larissa, Livia, Rafael Costa, Rafael Tonussi, Rafael Espigolan, Ana Fabrícia, Gerardo e Tomás pela amizade, ajuda e convívio. Todos são pessoas especiais que tive a oportunidade de conhecer!

Aos meus *“orientados” de iniciação científica*, Juliana, Victor e Inaê.

Aos *colegas e amigos do Melhoramento Animal e Ciências Exatas*: Roberta, Murote, Raul, Leonardo, Naudim, Geovany, Henry, Vanessa, Eveline, Gregório, Dimas, Matilde, Iara, Francisco, Davi, Guilherme, Diego, Marco, Daniela e Davi.

Aos *amigos que fiz em Madison, WI nos EUA*, durante meu estágio de “doutorado sandwich”, em especial, Fernanda, Julio, Giovana, José Luiz, Alencariano, Glaucio, Germana, Maurício, Guilherme, Anibal e Walquíria.

***Tudo o que é bom
dura o tempo necessário
para ser inesquecível...***

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1.....	13
Considerações Gerais	13
Objetivos.....	17
Objetivo Geral	17
Objetivos Específicos	17
Revisão de Literatura.....	18
Referências Bibliográficas.....	26
CAPÍTULO 2 - MODELOS MULTI-CARACTERÍSTICAS DE PESOS DO NASCIMENTO À IDADE ADULTA DE ANIMAIS DA RAÇA NELORE UTILIZANDO ANÁLISE DE FATORES E COMPONENTES PRINCIPAIS.....	32
Introdução	33
Material e Métodos.....	34
Resultados e Discussão.....	40
Conclusões	48
Referências Bibliográficas.....	49
CAPÍTULO 3 - MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EMPREGANDO FUNÇÕES B-SPLINES PARA MODELAR PESOS DO NASCIMENTO À MATURIDADE DE BOVINOS DA RAÇA NELORE.....	51
Introdução	53
Material e Métodos.....	55
Resultados e Discussão.....	61
Conclusões	74
Referências Bibliográficas.....	74
CAPÍTULO 4 - ACURÁCIA DOS VALORES GENÉTICOS PREDITOS DE PESOS DO NASCIMENTO À IDADE ADULTA DE FÊMEAS DA RAÇA NELORE UTILIZANDO DIFERENTES MODELOS	77
Introdução	79
Material e Métodos.....	81
Resultados e Discussão.....	85
Conclusões	93
Referências Bibliográficas.....	93
CAPÍTULO 5- CONSIDERAÇÕES FINAIS	96

MODELOS PARA ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA PARA PESOS DO NASCIMENTO À IDADE ADULTA DE ANIMAIS DA RAÇA NELORE

RESUMO - O presente estudo foi desenvolvido com o objetivo de estudar a variação genética de pesos obtidos do nascimento à idade adulta, utilizando modelos multi-características (MC) e de regressão aleatória (MRA), visando obter modelos adequados e parcimoniosos para a estimação de componentes de (co)variância e predição de valores genéticos de animais da raça Nelore, os quais possam ser utilizados em programas de melhoramento genético. As medidas de peso utilizadas são provenientes de oito fazendas participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN). As análises MC foram realizadas considerando nove pesos: peso ao nascer, desmama, ano, sobreano e aos 2, 3, 4, 5 e 6 anos de idade. Foram estudados os seguintes modelos: multi-características padrão, cinco modelos de posto reduzido ajustando os primeiros 1, 2, 3, 4 e 5 componentes principais genéticos e cinco modelos utilizando análise de fatores com 1, 2, 3, 4 e 5 fatores. Em todos os modelos foram considerados os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual. Para o peso ao nascer e à desmama também foram incluídos, como aleatórios, os efeitos genético materno e ambiente permanente materno. Foram considerados os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e efeitos linear e quadrático da idade do animal à pesagem (exceto para o peso ao nascer) e idade da mãe ao parto. As matrizes de (co)variâncias genética materna, de ambiente permanente materno e residual foram assumidas terem posto completo. Os resultados indicam que apenas três componentes principais são requeridos para modelar a estrutura das (co)variâncias genéticas entre pesos do nascimento à idade adulta, reduzindo assim o número de parâmetros nas análises. Nas análises utilizando MRA foram utilizados pesos de fêmeas do nascimento aos oito anos de idade. Os modelos incluíram, como aleatórios, os efeitos genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente de animal e materno e, como fixos, os efeitos de grupo de

contemporâneos, idade da mãe ao parto dentro de classe de idade do animal (efeitos linear e quadrático) e polinômio ortogonal de Legendre da idade do animal (regressão cúbica). Os efeitos aleatórios foram modelados por funções chamadas b-splines, considerando polinômios linear, quadráticos e cúbicos para cada segmento individual. O resíduo foi modelado considerando cinco classes de variâncias. Um total de 15 modelos foram estudados, com números de parâmetros variando de 17 a 81. O modelo que considerou funções b-splines quadráticas com três segmentos para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal e, 1 segmento para os efeitos genético materno e ambiente permanente materno foi o mais adequado para modelar as mudanças nas variâncias de pesos do nascimento à idade adulta de fêmeas. Os valores genéticos preditos considerando todas as informações de pesos disponíveis (arquivo I) e utilizando apenas pesos em idades-padrão (arquivo II) mostram diferenças importantes na classificação dos animais com a utilização de modelo MC, MRA sobre polinômios de Legendre e MRA ajustando funções b-splines. Ganhos médios nas acurácias dos valores genéticos obtidos por MRA em relação a análise MC variaram de 22 a 33% (arquivo I) e de 4 a 14% (arquivo II), sendo maiores para pesos com um menor número de medidas. As acurácias associadas a valores genéticos obtidas utilizando MRA ajustando funções b-spline foram ligeiramente superiores às obtidas no MRA sob polinômios de Legendre, sugerindo que as funções b-spline podem ser utilizadas para modelar funções de (co)variância de pesos do nascimento à maturidade de fêmeas da raça Nelore.

Palavras-chave: dados longitudinais, funções de (co)variância, modelos de posto reduzido, peso adulto, Splines

MODELS FOR ESTIMATION OF (CO)VARIANCE COMPONENTS FOR WEIGHTS FROM BIRTH TO MATURE IN NELORE CATTLE

ABSTRACT - The genetic variation of weights obtained from birth to adult ages were studied using multi-trait (MT) and random regression (RRM) models in order to obtain adequate and parsimonious models for the estimation of (co)variance components and prediction of genetic values of Nelore cattle, which can be used in breeding programs. The weights traits were obtained from eight herds participating in the Nelore Cattle Breeding Program (NCBP). In the MT analyses were included weight records taken at nine standard ages (at birth, weaning, 365 and 550 days of age and 2, 3, 4, 5 and 6 years of age). A standard multivariate analysis, reduced rank analyses fitting the first 1, 2, 3, 4 and 5 genetic principal components, and analyses that fitted a factor analytic structure considering 1, 2, 3, 4 and 5 factors, were carried out. All models included genetic additive direct and residual as random effect. For birth and weaning weight also was considered genetic maternal and maternal permanent environmental effects as random. Contemporary groups, age at weighing (except for birth weight) and dam age at calving was included as fixed effect. The genetic maternal, maternal permanent environmental and residual covariance matrices were assumed to have full rank throughout. The results indicate that only three principal components are required to model the genetic covariance structure among weight from birth to mature, decreasing the number of parameter in the analyses. For RRM were used female weights from birth to mature. The models included direct additive and maternal genetic effects and animal and maternal permanent environmental effects as random. Contemporary group and dam age at calving within the age class of the animal (linear and quadratic effect) were included as fixed effects, and orthogonal Legendre polynomials of age (cubic regression) were considered as random covariables. The random effects were modeled using b-spline functions considering linear, quadratic and cubic polynomials for each individual segment. Residual variances were grouped in five age classes. A total of 15 models were

studied, with the number of parameters ranging from 17 to 81. The model using quadratic b-spline functions with three segments for direct additive genetic and permanent environmental effects of the animal and one segment for maternal genetic and maternal permanent environmental effects was the most adequate to model changes in the weights of females from birth to adult age. The genetic breeding value predicted using all females' weight records from birth to eight years of age (data set I) and including only weight records taken at nine standard ages (data set II) showing important differences in animals rank using MT, RRM on Legendre polynomials or fitting b-spline functions. The average accuracy gain obtained applying RRM instead of MT model, varied from 22 to 33% (data set I) and from 4 to 14% (data set II). Applying RRM, the highest gains in accuracy were obtained at ages with low number of weight records. Thus, higher genetic gains are expected for beef cattle growth traits by replacing a MT with RRM for genetic evaluation. B-splines functions could be applied as alternative to Legendre polynomials to model covariance functions for weights from birth to mature age.

Keywords: (co)variance functions, longitudinal data, mature weight, reduced rank models, Splines

CAPÍTULO 1

CONSIDERAÇÕES GERAIS

Registros do próprio animal ou diferenças esperadas na progênie dos pesos e ganhos em peso obtidos na fase inicial de desenvolvimento são incorporados nos índices de seleção de bovinos de corte, uma vez que, essas são características indicadoras do potencial de crescimento do animal, possibilitando a seleção de animais com maior precocidade de crescimento e maior peso ao abate.

Nos últimos anos, a seleção para maiores pesos em idades jovens tem sido questionada com argumento de que, este critério pode trazer, como consequência, o aumento do peso adulto dos animais (BOLIGON et al., 2009), acarretando maiores custos de manutenção das matrizes, o que poderia reduzir as vantagens econômicas obtidas pelo aumento de peso dos animais de abate (BULLOCK et al., 1993). Dessa forma, a seleção para adequar o peso adulto da vaca às condições de alimentação e manejo, enquanto se aumenta o peso à desmama e ao abate da progênie, requer estimativas acuradas de parâmetros genéticos e correlações entre pesos em diferentes idades.

As características de crescimento, como pesos, podem ser mensuradas repetidas vezes ao longo da vida dos animais. No geral, os programas de melhoramento genético utilizam pesos ajustados à idades padrão, formando classes arbitrárias de idades (nascimento, desmama, sobreano, maturidade, etc), sendo geralmente avaliados por meio de modelos multi-características (ARANGO et al., 2002; BOLIGON et al., 2009) e modelos de repetibilidade (NEPHAWE, 2004; BOLIGON et al., 2008). Segundo KIRKPATRICK & LOFSVOLD (1992), independente do critério adotado para definição das idades padrão, a adoção do conceito de característica distinta, para pesos obtidos em diferentes idades, impõe uma classificação descontínua a um conjunto de dados que possui base contínua.

Com os modelos multi-características, as (co)variâncias e correlações genéticas entre pesos mensurados em diferentes idades variam, porém nenhuma pressuposição é feita sobre a estrutura de (co)variâncias e não se pode inferir a respeito dos pesos obtidos em idades intermediárias. Além disso, quando o número de características avaliadas for muito grande, ocasiona uma superparametrização do modelo, tornando a análise lenta e exigindo maior capacidade computacional (NOBRE et al., 2003).

Segundo MEYER et al. (2007), dificuldades computacionais e problemas na obtenção de estimativas confiáveis podem ocorrer quando um grande número de componentes de (co)variância precisam ser estimados simultaneamente. Dessa forma, uma das limitações na utilização de modelos multi-características é que nem sempre podem ser analisados pesos obtidos em todas as idades disponíveis. Nesse contexto, diferentes abordagens estatísticas podem ser utilizadas visando diminuir a dimensão da matriz de (co)variâncias, como a análise de componentes principais (modelos de posto reduzido) e a análise de fatores.

Na análise de componentes principais, um conjunto de variáveis correlacionadas é transformado em um novo conjunto de variáveis não correlacionadas entre si, as quais são combinações lineares das variáveis originais e explicam a máxima quantidade de variação (KIRKPATRICK & MEYER, 2004). A análise de fatores é outra abordagem estatística que pode ser utilizada para a redução da dimensão de um conjunto de dados multivariado, na qual cada variável resposta é representada por função linear composta por fatores comuns, provenientes das medidas de (co)variâncias entre as variáveis consideradas, e de fatores específicos (MEYER, 2009).

Outra forma de se avaliar pesos obtidos em diferentes idades é a utilização de modelos de repetibilidade, nos quais se assume que medidas mensuradas em diferentes idades, no mesmo animal, representam repetições de uma mesma característica. Um aspecto importante na modelagem de medidas repetidas é a pressuposição de variâncias genéticas e não genéticas constantes, que não são

válidas em termos biológicos, como demonstrado por MEYER (1999) e NEPHAWE (2004).

Recentemente, os modelos de regressão aleatória têm se tornado uma alternativa para a modelagem de características que são mensuradas repetidas vezes na vida do animal e, que mudam gradual e continuamente ao longo do tempo (MEYER, 2004; SCHAEFFER, 2004). Normalmente, em características de crescimento, as correlações entre medidas tomadas ao longo do tempo diminuem quando o espaço entre elas aumenta, fazendo com que nesse tipo de medidas, o padrão de (co)variâncias seja bem estruturado.

Com a utilização destes modelos, não há necessidade de criar classes de idades ou de utilizar fatores de ajuste para peso em uma determinada idade, uma vez que, a idade está incluída na matriz de delineamento. Além disso, esses modelos permitem o uso eficiente de toda a informação disponível de cada animal, já que todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas para a avaliação genética, com potencial aumento da acurácia das estimativas (MEYER, 2004; SÁNCHEZ et al., 2008a).

As regressões são ajustadas utilizando polinômios ortogonais ou outras funções lineares e modelam trajetórias para a média populacional (regressões fixas) e para cada animal (regressão aleatória). Em gado de corte, os modelos de regressão aleatória vêm sendo empregados para descrever a curva de crescimento (VARONA et al., 1997), estimar parâmetros genéticos para peso de animais em fase de crescimento (MEYER, 2001; MEYER, 2004; MEYER, 2005a), pesos medidos na idade adulta (MEYER, 1999; MEYER, 2003; ARANGO et al., 2004; NEPHAWE, 2004) e para características indicadoras de eficiência reprodutiva (MERCADANTE et al., 2002; BOLIGON et al., 2011). No Brasil, os modelos de regressão aleatória estão sendo utilizados para a estimação de parâmetros genéticos para pesos de animais em fase de crescimento (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; NOBRE et al., 2003; SAKAGUTI et al., 2003; ALBUQUERQUE & MEYER, 2005; SANTORO et al., 2005; DIAS et al., 2006), porém, são poucos trabalhos que constam na literatura utilizando pesos do

nascimento à idades mais avançadas, como idade adulta da vaca (BALDI et al., 2010; BOLIGON et al., 2010).

Vários autores que utilizaram modelos de regressão aleatória para avaliar características de crescimento em bovinos de corte relatam dificuldades na utilização de polinômios de alto grau e falta de uniformidade de ajuste ao longo da curva, principalmente nas extremidades (MEYER, 1999; SAKAGUTI et al., 2003; ARANGO et al., 2004; MEYER, 2005a). Com a utilização de pesos obtidos do nascimento à idade adulta, que exigem polinômios de graus mais elevados, a utilização desses modelos pode resultar em estimativas irrealistas e problemas de convergência (MEYER, 2005a; BOLIGON et al., 2010).

Utilizando modelos de regressão aleatória para pesos do nascimento à idade adulta, BOLIGON et al. (2010) relataram que modelos com maior número de parâmetros para os efeitos aleatórios, com o aumento na ordem dos polinômios para esses efeitos, mostraram dificuldade em atingir a convergência (máximo global), especialmente em modelos em que um ou alguns autovalores da matriz de (co)variância para os efeitos aleatórios estavam próximos a zero. Em alguns casos, a convergência se estabilizou em um máximo local. De modo semelhante, utilizando dados de peso adulto de fêmeas, MEYER (1999) e ARANGO et al. (2004) relataram o mesmo problema, ou seja, falhas no procedimento de busca da convergência, principalmente em modelos com maior número de parâmetros.

ARANGO et al. (2004) enumeraram uma série de deficiências na modelagem de dados de crescimento de bovinos por meio de polinômios ortogonais de Legendre, destacando a não modelagem adequada do padrão cíclico dos dados, típica em característica de crescimento submetidas a efeitos estacionais e climáticos, além da falta de comportamento assintótico, uma vez que, o crescimento atinge um *plateau* à maturidade.

Atualmente, algumas funções estão sendo estudadas como alternativas para reduzir o grau dos polinômios na modelagem de medidas repetidas. Entre elas estão às funções splines ou também chamados de polinômios segmentados, que são constituídas de vários segmentos individuais de polinômios de grau reduzido,

unidos por pontos determinados, chamados de nós, para formar uma curva contínua. Portanto, o número de parâmetros a serem estimados em análises de modelos de regressão aleatória varia em função dos efeitos que se deseja modelar e da ordem dos polinômios utilizados, assim como do número de nós utilizados no caso das funções splines.

A implicação que o peso ou tamanho da fêmea tem sobre a eficiência produtiva em bovinos de corte e, a dificuldade na utilização de modelos de regressão aleatória com polinômios de Legendre em análises que considerem pesos do nascimento à idade adulta, mostra a importância de estudos utilizando funções splines para características de crescimento, uma vez que, estes modelos podem ser mais eficientes em avaliações com esse tipo de dados.

OBJETIVOS

Objetivo Geral

- Estudar a variação genética de pesos obtidos do nascimento à idade adulta, utilizando modelos multi-características e de regressão aleatória, visando obter modelos adequados e parcimoniosos para a estimação de componentes de (co)variância e predição de valores genéticos de animais da raça Nelore, os quais possam ser utilizados em programas de melhoramento genético.

Objetivos Específicos

- Estimar parâmetros genéticos para pesos do nascimento à idade adulta utilizando análise multi-características padrão, análise de fatores e análise de componentes principais.

- Verificar a possibilidade de utilização de funções splines para descrever as mudanças nas (co)variâncias com a idade, determinando o número de segmentos e a ordem dos polinômios mais adequados.

- Comparar os valores genéticos e quantificar o potencial aumento em acurácia associada aos valores genéticos para pesos de animais da raça Nelore, obtidos do nascimento à idade adulta, empregando-se modelos multi-características, de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre e ajustando funções b-spline.

REVISÃO DE LITERATURA

Análise de Componentes Principais

A análise de componentes principais consiste em um método de transformar variáveis correlacionadas em um novo grupo de variáveis não correlacionadas, servindo ainda para a obtenção de combinações lineares das variáveis originais com variabilidade relativamente grande, além de ser uma ferramenta para redução da dimensionalidade dos dados (MORRISON, 1976). Essas novas variáveis não correlacionadas são geralmente conhecidas como componentes principais, sendo comumente reportados em ordem decrescente em relação à quantidade de variação que lhes são atribuídos (MEYER, 2007).

Segundo JOHNSON & WICHERN (1992), esse método cria eixos ortogonais, que são combinações lineares das variáveis originais, partindo dos autovalores da matriz de (co)variâncias das variáveis consideradas. Os dois maiores autovalores geram os dois primeiros componentes principais, que agregam maior quantidade de variabilidade em relação a qualquer um dos demais componentes.

A menos que as características consideradas sejam essencialmente não-correlacionadas, a matriz de (co)variâncias correspondente têm um certo número de autovalores próximos de zero. Isto significa que existem combinações lineares entre as características que contribuem com pouca informação (MEYER & KIRKPATRICK, 2005). De acordo com MEYER (2007), para características altamente correlacionadas, os poucos primeiros componentes explicam a maior parte da variação e, como os demais componentes praticamente não fornecem

nenhuma informação que já não esteja contida nos primeiros componentes principais, esses demais componentes podem ser ignorados.

Como demonstrado por MEYER & KIRKPATRICK (2005), os componentes principais genéticos podem ser obtidos através da simples reparametrização do modelo linear misto usualmente utilizado em avaliações genéticas, sendo aplicável para qualquer análise multi-características, mesmo quando os efeitos genéticos são correlacionados. Ainda segundo esses autores, dependendo da magnitude da correlação genética, um pequeno subconjunto de componentes principais geralmente é suficiente para capturar a maior parte da variação genética.

MEYER (2005d) descreveu algumas vantagens na utilização de análises de componentes principais: ao se estimar os m primeiros componentes principais, o número de parâmetros é reduzido de $q(q+1)/2$ (modelo multi-características padrão) para $m(2q-m+1)/2$, produzindo assim um modelo mais parcimonioso. Como os componentes principais omitem autovalores próximos de zero, o viés nas estimativas em decorrência de tal omissão é insignificante e pode ser compensado pela redução das variâncias, resultando assim em menor quadrado médio do resíduo em comparação com as análises de posto completo. Além disso, as necessidades computacionais são bem menores em comparação com as requeridas em modelos de posto completo, o que pode facilitar as análises em grandes conjuntos de dados, produzindo estimativas mais precisas dos parâmetros genéticos.

Utilizando-se notação matricial, o modelo de posto completo (multi-características) pode ser descrito da seguinte forma:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Wp + e$$

em que: y é o vetor de observações; β é o vetor de soluções para os efeitos fixos; a é o vetor de soluções para os efeitos aleatórios genético aditivo direto; m é o vetor de soluções para os efeitos aleatórios genético materno; p é o vetor de soluções para os efeitos aleatórios de ambiente permanente materno e, e é o

vetor do efeito aleatório residual. X , Z_1 , Z_2 e W são matrizes de incidência relacionando β , a , m e p a y .

O modelo utilizado na análise de componentes principais pode ser obtido pela reparametrização do modelo de posto completo, a qual produz um modelo equivalente que contempla os componentes principais. Tal modelo, em notação matricial, é representado pela expressão:

$$y = X\beta + Z_1^* a^* + Z_2 m + Wp + e$$

em que: $Z_1^* = Z_1(I_N \otimes Q_m)$ e $a^* = (I_N \otimes Q_m')a$, com $\text{Var}(a^*) = A \otimes I_m$, e $Q_m = E_m(\Lambda_m)^{1/2}$. Nessas definições, E corresponde à matriz dos autovetores e_i , Λ à matriz diagonal dos autovalores λ_i e \otimes denota o produto direto entre as matrizes. Assim, a matriz de (co)variâncias genéticas aditivas diretas (Σ_a) pode ser decomposta em termos de E e Λ , de forma que $\Sigma_a = E\Lambda E'$. Assume-se que λ_i e e_i são ordenados de forma decrescente em relação a magnitude dos λ_i . Para considerar apenas os m primeiros componentes principais, a matriz E é substituída por E_m , gerando uma matriz de ordem $k \times m$, compreendendo as m primeiras colunas de $E(e_1, \dots, e_m)$, sendo k o número de características consideradas na análise. O número de equações é reduzido ao substituir Λ por uma submatriz Λ_m (KIRKPATRICK & MEYER, 2005).

Utilizando informações de oito características de carcaça em bovinos Angus, MEYER (2005d) mostrou que cinco ou seis componentes principais foram suficientes para descrever a estrutura de (co)variâncias genéticas de modo semelhante à utilização de um modelo considerando posto completo.

Análise de Fatores

A análise de fatores é uma técnica estatística empregada para a redução da dimensão de um conjunto de dados multivariado, a partir da identificação de fatores comuns provenientes das medidas de (co)variâncias entre as variáveis consideradas. Segundo REYS (1997), também é possível saber o quanto cada fator está associado a cada variável (fatores específicos) e o quanto o conjunto de fatores explica da variabilidade geral dos dados originais (fatores comuns).

De acordo com FERNANDES & LIMA (1991), na composição desses fatores, tem-se que: as variáveis mais correlacionadas se combinam dentro de um mesmo fator, reduzindo assim o número inicial de variáveis a um número menor de fatores; as variáveis que constituem um determinado fator são independentes em relação às que constituem outro fator; a derivação dos fatores é realizada visando maximizar a percentagem de variância total relativa a cada fator consecutivo e, os fatores não são correlacionados entre si.

Nas análises de fatores, o efeito genético aditivo direto pode ser explicado por m fatores comuns independentes (c) e k fatores específicos (s). Assume-se que a matriz de (co)variâncias para o efeito genético aditivo direto é dada por $\sum_a = \Gamma\Gamma' + \Psi$, em que: Γ é a matriz de cargas fatoriais (ordem $k \times m$) e Ψ é a matriz das variâncias dos fatores específicos, sendo esta uma matriz diagonal de ordem k . De acordo com THOMPSON et al. (2003) e MEYER (2009), o modelo de fatores pode ser representado de forma matricial como:

$$y = X\beta + Z_1^+c + Z_1s + Z_2m + Wp + e$$

em que: c e s representam os vetores de fatores comuns e fatores específicos, respectivamente. Assim, tem-se: $Z_1^+ = Z_1(I_N \otimes \Gamma_m)$, $a^+ = (I_N \otimes \Gamma_m)c + s$, $c = (I_N \otimes \Gamma_m' \Sigma^{-1})a$ e $s = (I_N \otimes \Psi \Sigma^{-1})a$, com $Var(c) = I_m \otimes A$ e $Var(s) = \Psi \otimes A$ (THOMPSON et al., 2003; MEYER, 2009).

Utilizando análises de fatores e de componentes principais para estudar 14 características de carcaça em bovinos da raça Angus, MEYER (2007) concluiu que, no máximo, oito componentes principais foram necessários para modelar a estrutura de (co)variâncias genéticas entre as características, não sendo necessária a utilização de análises de fatores. Em um trabalho de revisão, MEYER (2009) demonstrou a possibilidade de uso de modelos mistos utilizando análise de fatores para estudar o efeito da interação genótipo ambiente em melhoramento animal.

Modelos de Regressão Aleatória Utilizando Funções Spline

As funções splines podem ser consideradas como funções alternativas às análises de regressão aleatória usando polinômios ordinários. Basicamente, estas funções podem ser definidas como segmentos de polinômios unidos entre si em posições determinadas, chamados nós, para formar uma curva contínua (DODGE, 2003). Segundo MEYER (2005c) esses segmentos geralmente apresentam grau reduzido e, em casos mais simples, podem ser constituídos por segmentos lineares. Portanto, problemas de convergência, associados a altas ordens de polinômios, podem ser amplamente reduzidos com a utilização dessas funções.

Nos polinômios comuns, o comportamento de uma função em uma determinada região afeta a forma da função em todas as outras regiões. Já as funções splines caracterizam-se como: contínuas, possuem primeiras derivadas contínuas, são de fácil estimação (linear nos parâmetros) e permitem que o cálculo das propriedades dos estimadores seja realizado com facilidade (FULLER, 1969). Desse modo, atendem quase integralmente as propriedades ótimas de uma função.

Cabe ressaltar que, cada coeficiente dessas funções atua somente em uma fração da trajetória, resultando na possibilidade de melhores propriedades numéricas e maior facilidade na estimação dos parâmetros. Além disso, os nós podem ser escolhidos conforme o padrão das mudanças ao longo da trajetória,

podendo estar mais próximos em regiões que apresentam mudanças rápidas e, mais espaçados, nas demais regiões (MISZTAL, 2006).

Conforme RUPPERT et al. (2003), de forma simplificada, as funções splines podem ser descritas como:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 t_i + \sum_k \beta_{1k} (t_i - T_k)_+ + e_i$$

em que y_i representa as observações, t_i as medidas repetidas, com $i = 1, \dots, n$, e assumindo os nós T_k . Para y_i , com β_0 e β_{1j} denotando o intercepto e os coeficientes de regressão linear, respectivamente, e_i o resíduo pertencente a y_i , e $(x)_+ = \max(0, x)$ igual a x se x é positivo senão é igual a 0 (RUPPERT et al., 2003). Isto resulta em uma inclinação de β_1 para o primeiro segmento, para $t_i \leq T_1$, uma inclinação de $\beta_1 + \beta_{11}$ para o segundo segmento com $T_1 \leq t_i \leq T_2$, e uma inclinação de $\beta_1 + \sum_{k=1}^m \beta_{1k}$ para o segmento limitado entre T_m e T_{m+1} . Para splines de segmentos de polinômios de grau p , a equação acima pode ser expandida para:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 t_i + \dots + \beta_p t_i^p + \sum_k \beta_{pk} (t_i - T_k)_+^p + e_i$$

em que p é o p -ésimo grau do coeficiente de regressão.

Há inúmeras vantagens na utilização de polinômios segmentados sobre os polinômios ordinários, entre elas destacam-se: aumento da confiabilidade nos valores estimados, isso porque, minimiza o fator de inflação da variância e o viés dos estimadores; a medida de qualidade do ajustamento será bastante uniforme para a curva inteira do polinômio segmentado, independentemente da uniformidade da distribuição das observações e, fornecem estimativas num campo

mais amplo de possíveis valores (SCHENKEL, 1989). Ainda segundo esse autor, funções não lineares e polinômios ordinários de graus elevados podem ser aproximados por polinômios segmentados que são lineares nos parâmetros, de fácil estimação, com propriedades ótimas e de interpretação biológica simples.

Recentemente, alguns estudos utilizando funções splines vêm sendo realizados para avaliar o crescimento de bovinos de corte (BOHMANOVA et al., 2005; IWASAKI et al., 2005; ROBBINS et al., 2005). Nestes trabalhos foram comparados modelos utilizando polinômios de Legendre de ordem cúbica e modelos usando splines lineares, com três nós. Os autores concluíram que os modelos com funções splines mostraram maior facilidade de ajuste e propriedades numéricas superiores.

Comparando modelos de regressão aleatória utilizando polinômios de Legendre e funções splines lineares para modelar o crescimento de bovinos (pesos do nascimento aos 12 meses de idade), IWASAKI et al. (2005) mostraram que a utilização de funções splines lineares pode tornar mais simples e rápidas as análises para características de crescimento de bovinos em relação à utilização de polinômios de Legendre.

MEYER (2005b) estimou parâmetros genéticos para pesos do nascimento aos 820 dias de idade em bovinos de corte da raça Angus, aplicando funções b-splines para descrever as trajetórias para os efeitos aleatórios de um modelo de regressão aleatória. O autor reportou que este método é menos susceptível a problemas frequentemente observados em análises com regressão polinomial. Esta menor susceptibilidade se deve ao fato do modelo conter segmentos individuais de polinômios de menores graus e um melhor controle da influência global das observações individuais. Um bom ajuste dependerá de uma boa escolha dos graus do polinômio e do número de segmentos individuais a serem considerados.

Utilizando modelos de regressão aleatória com funções splines lineares para ajustar características de pesos de bovinos cruzados, SÁNCHEZ et al. (2008a) inseriram os nós nas idades padrão, assim, os resultados das funções splines são

diretamente comparáveis aos estimados por multi-características. Entretanto, nesse estudo foram consideradas somente informações de pesos obtidos em idades jovens e, segundo esses autores, quando se deseja o ajuste desse tipo de funções considerando pesos até a maturidade, a determinação da posição dos nós pode ser mais difícil, uma vez que as medidas de peso adulto geralmente não estão distribuídas próximas à idades pré-determinadas.

Segundo MISZTAL (2006), os modelos de regressão aleatória empregando funções splines tendem a ser bastante afetados pela distribuição dos dados, grau das funções e, mais ainda, pela escolha do número e da posição dos nós. Dessa forma, alguns autores (RUPPERT et al., 2003, MEYER, 2005c) têm recomendado a utilização de modelos empregando splines penalizadas uma vez que, com esses modelos, a melhor escolha da posição dos nós seria em intervalos equidistantes. Conforme relatado por MEYER (2005c), o emprego de funções b-splines, que é um tipo de spline penalizada, consegue-se atenuar a influência da posição dos nós sobre as estimativas. Utilizando modelos de regressão aleatória empregando funções b-splines para modelar a curva de crescimento em bovinos de corte, (MEYER, 2005b) relatou que não houve diferenças nas estimativas dos parâmetros genéticos entre modelos com nós inseridos em posições equidistantes ou não equidistantes.

O conhecimento das acurácias associadas aos valores genéticos preditos para pesos em diferentes idades é de grande importância na decisão da intensidade de utilização de reprodutores. Para pesos simulados em idades-padrão (peso ao nascer, aos 205 e 365 dias), BOHMANOVA et al. (2005) relataram maiores acurácias associadas aos valores genéticos com o uso de modelos de regressão aleatória ajustando polinômios de Legendre em comparação ao ajuste obtido por funções spline. Ao utilizarem três medidas de pesos distribuídos do nascimento aos 410 dias de idade, tais autores relataram menores valores médios de acurácias com a utilização de modelo multi-características em relação aos modelos de regressão aleatória. SÁNCHEZ et al. (2008b) relataram valores semelhantes de acurácias associadas aos valores

genéticos de pesos ao nascimento, desmama e ao sobreano de animais da raça Gelbvieh, com a utilização de modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre ou ajustando funções spline. Cabe ressaltar que são poucos os estudos comparando os valores de acurácia associados aos valores genéticos para pesos em diferentes idades utilizando dados reais.

Referências Bibliográficas

ALBUQUERQUE L.G., MEYER K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001.

ALBUQUERQUE, L.G., MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Nelore cattle applying a parametric structure to model within animal correlations. **Livestock Production Science**, v.93, p.213-222, 2005.

ARANGO, A., CUNDIFF, L.V., VAN VLECK, L.D. Genetic parameters for weight, weight adjusted for body condition score, height, and body condition score in beef cows. **Journal Animal Science**, v.80, p.3112-3122, 2002.

ARANGO J.A., CUNDIFF L.V., VAN VLECK L.D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.

BALDI, F.S., ALENCAR, M.M., ALBUQUERQUE, L.G. Random regression analyses using B-splines functions to model growth from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.127, p.433-441, 2010.

BOHMANOVA J., MISZTAL I., BERTRAND J.K. Studies on multiple trait and random regression models for genetic evaluation of beef cattle for growth. **Journal of Animal Science**, v.83, p.62-67, 2005.

BOLIGON, A.A., ALBUQUERQUE, L.G., MERCADANTE, M.E.Z., LOBO, R.B. Models for genetic evaluation of Nelore cattle mature body weight. **Journal of Animal Science**, v.86, p.2040-2044, 2008.

BOLIGON, A.A., ALBUQUERQUE, L.G., MERCADANTE, M.E.Z., LOBO, R.B. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.2320-2326, 2009.

BOLIGON, A.A., MERCADANTE, M.E.Z., FORNI, S., LOBO, R.B., ALBUQUERQUE, L.G. Covariance functions for weights from birth to maturity in Nelore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 2010.

BOLIGON, A.A., BALDI, F., ALBUQUERQUE, L.G. Estimates of genetic parameters for scrotal circumference using random regression models in Nelore cattle. **Livestock Science**, v.137, p.205-209, 2011.

BULLOCK, K.D., BERTRAND, J.K., BENYSHERK, L.L. Genetic and environmental parameters for mature weight and other growth measures in Polled Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v.71, p.1737-1741, 1993.

DIAS, L.T., ALBUQUERQUE, L.G., TONHATI, H., TEIXEIRA, R.A. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.1915-1925, 2006.

DODGE, Y. **The Oxford dictionary of statistical terms**. Oxford University Press, Oxford and New York. 2003.

FERNANDES, T.A.G., LIMA, J.E. Uso de análise multivariada para a identificação de sistemas de produção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.26, p.1823-1836, 1991.

FULLER, W.A. Grafted polynomials as approximating functions. **Australian Journal of Agricultural and Resource Economics**, v.13, p.35-46, 1969.

IWAISAKI, H., TSURUTA, S., MISZTAL, I., BERTRAND, J.K. Genetic parameters estimated with multi-trait and linear splines-random regression models using Gelbvieh early growth data. **Journal of Animal Science**, v.83, p.499-506, 2005.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. 2.ed Englewood Cliffs: Prentice-Hall, p.642,1992.

KIRKPATRICK, M., LOFSVOLD, D. Measuring selection and constraint in the evolution of growth. **Evolution**, v.46, p.954-971, 1992.

KIRKPATRICK, M., MEYER, K. Direct estimation of genetic principal components: simplified analysis of complex phenotypes. **Genetics**, v.168, p.2295-2306, 2004.

KIRKPATRICK, M., MEYER, K. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v.21, p.1-30, 2005.

MERCADANTE, M.E.Z., PACKER, I.U., RAZOOK, A.G., MELO, C.M.R., CYRILLO, J.N.S.G., FIGUEIREDO, L.A. Dias ao parto de fêmeas Nelore de um experimento de seleção para crescimento. II – Modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, p.1726-1733, 2002.

MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for post weaning growth and mature weight of beef cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116, p.181-205, 1999.

MEYER, K. Estimates of genetic covariance functions assuming a parametric correlation structure for environmental effects. **Genetics Selection Evolution**, v.33, p.557-585, 2001.

MEYER, K. First estimates of covariance functions for lifetime growth of Angus cattle. **Proceedings of Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics**, v.15, p.395-398, 2003.

MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.

MEYER, K. Estimates of genetic covariance functions for growth of Angus cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.73-85, 2005a.

MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.473-500, 2005b.

MEYER, K. Advances in methodology for random regression analyses. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v.45, p.847-859, 2005c.

MEYER, K. Genetic principal components for live ultrasound scan traits of Angus cattle. **Animal Science**, v.81, p.337-345, 2005d.

MEYER, K. Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor analytic models. **Journal Animal Breeding Genetics**, v.124, p.50-63, 2007.

MEYER, K. Factor-analytic models for genotype \times environment type problems and structured covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v.41, p.21-32, 2009.

MEYER, K., KIRKPATRICK, M. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.1-30, 2005.

MISZTAL, I. Properties of random regression models using linear splines. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.123, p.74-80, 2006.

MORRISON, DF. **Multivariate statistical methods**. 2.ed New York: McGraw-Hill company, p.415, 1976.

NEPHAWE, K.A. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. **South African Journal of Animal Science**, v.34, p.166-173, 2004.

NOBRE, P.R.C., MISZTAL, I., TSURUTA, S., BERTRAND, J.K., SILVA, L.O.C., LOPES, P.S. Genetic evaluation of growth in Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.927-932, 2003.

- REYS, E. **Estatística multivariada aplicada**. Lisboa: Edições Silabo, p.343, 1997.
- ROBBINS, K.R., MISZTAL, I., BERTRAND, J.K. A practical longitudinal model for evaluating growth in Gelbvieh cattle. **Journal of Animal Science**, v.83, p.29-33, 2005.
- RUPPERT, D., WAND, M.P., CARROLL, R.J. **Semiparametric Regression**, Cambridge University Press, New York, 2003.
- 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 (co)variâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.864-874, 2003.
- SÁNCHEZ, J.P., MISZTAL, I., AGUILAR, I., BERTRAND, J. K. Genetic evaluation of growth in a multibreed beef cattle population using random regression-linear splines models. **Journal of Animal Science**, v.86, p.267-277, 2008a.
- SÁNCHEZ, J.P., MISZTAL, I., BERTRAND, J.K. Evaluation of methods for computing approximate accuracies of predicted breeding values in maternal random regression models for growth traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.86, p.1057-1066, 2008b.
- SANTORO, K.R., BARBOSA, S.B.P., SANTOS, E.S., BRASIL, L.H.A. Uso de funções de (co)variância na descrição do crescimento de bovinos Nelore criados no estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.2290-2297, 2005.
- SCHAEFFER, L.R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v.86, p.35-45, 2004.
- SCHENKEL, F.S. **Utilização de polinômios segmentados na pesquisa zootécnica (considerações teóricas e práticas)**. Universidade Federal do Rio Grande do Sul – Faculdade de Agronomia – Departamento de Zootecnia, Seminário em Zootecnia, Porto Alegre/RS, 1989.

THOMPSON, R., CULLIS, B.R., SMITH, A.B., GILMOUR, A.R. A sparse implementation of the Average Information algorithm for factor analytic and reduced rank variance models. **Australian New Zealand Journal Statistics**, v.45, p.445-459, 2003.

VARONA, L., MORENO, C., GARCIA CORTÉS, L.A., ALTARRIBA, J. Multiple trait genetic analysis of underlying biological variables of production functions. **Livestock Production Science**, v.47, p.201-209, 1997.

CAPÍTULO 2 - MODELOS MULTI-CARACTERÍSTICAS DE PESOS DO NASCIMENTO À IDADE ADULTA DE ANIMAIS DA RAÇA NELORE UTILIZANDO ANÁLISE DE FATORES E COMPONENTES PRINCIPAIS

RESUMO - Foram utilizadas 61.528 medidas de peso de 22.246 animais da raça Nelore, nascidos entre 1984 e 2002, com o objetivo de comparar diferentes metodologias de análises multi-características para pesos do nascimento à idade adulta. As análises foram realizadas considerando os seguintes modelos: multi-características padrão (MC), cinco modelos de posto reduzido ajustando os primeiros 1, 2, 3, 4 e 5 componentes principais genéticos e cinco modelos utilizando análise de fatores com 1, 2, 3, 4 e 5 fatores. Em todos os modelos foram considerados os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual. Para os pesos ao nascer e à desmama também foram incluídos, como aleatórios, os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno. Foram considerados os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e efeitos linear e quadrático da idade do animal à pesagem (exceto para o peso ao nascer) e a idade da mãe ao parto. As matrizes de (co)variâncias genética materna, de ambiente permanente materno e residual tinham posto completo. De acordo com os critérios de comparação, o modelo ajustando três primeiros componentes principais (CP3) foi o que proporcionou o melhor ajuste, sem a necessidade de utilizar análises de fatores. As estimativas de (co)variâncias fenotípicas, genéticas aditivas diretas e maternas, de ambiente permanente materno e residuais obtidas utilizando os modelos MC e CP3 foram semelhantes. As herdabilidades diretas variaram de 0,21 (peso ao nascer) a 0,45 (peso aos 6 anos de idade). As correlações genéticas e fenotípicas obtidas com o modelo CP3 foram ligeiramente superiores em relação às obtidas pelo modelo MC. O modelo de posto reduzido diminuiu o número de parâmetros nas análises, sem reduzir a qualidade de ajuste.

Palavras-chave: bovinos de corte, modelo de posto reduzido, parâmetros genéticos

Introdução

No Brasil, as principais fontes de informações utilizadas nas avaliações genéticas de bovinos de corte são os pesos corporais obtidos em idades-padrão. No entanto, alguns cuidados devem ser tomados ao selecionar animais para maiores pesos em idades jovens, pois esse tipo de seleção pode ser responsável por um aumento no tamanho adulto, o que pode trazer dificuldades no atendimento dos requerimentos nutricionais. Como o tamanho ideal do animal depende do sistema de produção, a inclusão de informações de peso adulto nos índices de seleção é uma das formas de manter o tamanho adulto desejável.

As medidas de peso obtidas em idades mais avançadas, geralmente, estão sujeitas ao processo de seleção, uma vez que são obtidas apenas em animais que permanecem nos rebanhos como reprodutores. Dessa forma, vários autores tem sugerido o uso de análises multi-características na estimação dos componentes de (co)variância para o peso adulto, incorporando informações de correlações genéticas e ambientais entre pesos obtidos antes da seleção e pesos medidos posteriormente (MEYER, 1995; BOLIGON et al., 2009). Entretanto, o aumento do número de características para um maior detalhamento dos dados e/ou redução do viés devido à seleção implica na utilização de modelos complexos, com um número excessivo de parâmetros, o que pode limitar o uso, em conjunto, de todas as características disponíveis.

Recentemente, alguns autores (THOMPSON et al., 2003; MEYER, 2005; MEYER & KIRKPATRICK, 2005; MEYER, 2007) têm descrito diferentes abordagens visando diminuir a dimensão dos dados em análises multi-características, utilizando para isso análise de fatores e análise de componentes principais (modelos de posto reduzido). De acordo com KIRKPATRICK & MEYER (2004) e MEYER (2007), a análise de componentes principais consiste na transformação de um conjunto de variáveis originais correlacionadas, em um novo conjunto de variáveis, as quais são combinações lineares das variáveis originais, não sendo correlacionadas entre si, eliminando as informações redundantes.

Dessa forma, alguns componentes explicam a máxima quantidade de variação, reduzindo assim o número de parâmetros na análise.

Ao contrário da análise de componentes principais, que visa identificar os componentes que explicam o máximo da variação não implicando em nenhum modelo subjacente, a análise de fatores baseia-se em identificar as relações de (co)variâncias existentes entre diversas variáveis em função de poucas variáveis, denominadas de fatores (MEYER, 2009). Dessa forma, cada variável resposta é representada por uma função linear de uma pequena quantidade de fatores comuns, não observáveis, e de fatores específicos.

Para características que são correlacionadas de média a alta magnitudes, como é o caso de pesos obtidos em diferentes idades (BOLIGON et al., 2009), a utilização de análises de posto reduzido pode ser ainda mais vantajosa, uma vez que, segundo MEYER (2007), geralmente, poucos componentes ou fatores tendem a explicar a maior parte da variação, principalmente quando são utilizadas características altamente correlacionadas. Recentemente, KIRKPATRICK & MEYER (2004) sugeriram a aplicação de análises de componentes principais e análises de fatores somente para o efeito genético, visando reduzir o número de parâmetros genéticos a serem estimados nos modelos. Entretanto, estudos que utilizam esse tipo de abordagem são escassos na literatura.

Esse trabalho foi desenvolvido com o objetivo de comparar diferentes metodologias de análises multi-características para pesos do nascimento à idade adulta de animais da raça Nelore, visando verificar a possibilidade de utilizar estes modelos em programas de avaliação genética de bovinos de corte.

Material e Métodos

Dados

Foram utilizadas 61.528 medidas de peso de 22.246 animais da raça Nelore, nascidos entre 1984 e 2002, pertencentes a oito fazendas participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN/Nelore Brasil). Os

animais foram submetidos a pesagens a cada 90 dias, do nascimento ao sobreano e, aqueles que permaneceram nos rebanhos como reprodutores continuaram sendo pesados rotineiramente nesse intervalo. Neste conjunto de dados, os nascimentos ocorreram durante o ano todo, com maior concentração na primavera e no verão e, os animais foram desmamados, em média, aos 240 dias de idade. Do conjunto total de dados disponibilizados, foram mantidos os pesos de animais produtos de inseminação artificial, criados em pastagem sem suplementação, amamentados por suas mães biológicas e filhos de vacas que tinham entre 2 e 25 anos ao parto.

As seguintes características ponderais foram estudadas: pesos ao nascer (PN), desmama (P240), ano (P365), sobreano (P550) e 2 (P2A), 3 (P3A), 4 (P4A), 5 (P5A) e 6 (P6A) anos de idade. Sempre foram tomados os pesos mais próximos a essas idades, considerando o intervalo de 180 a 300 dias, 305 a 425, 490 a 610 e de 650 a 810 dias de idade para P240, P365, P550 e P2A, respectivamente. Para P3A, P4A, P5A e P6A foram utilizados intervalos de 1 ano, ou seja, medidas obtidas até 6 meses antes ou depois dessas idades. Foram excluídos registros de pesos que se apresentavam acima ou abaixo da média do grupo de contemporâneos mais ou menos três desvios-padrão.

Foram consideradas quatro estações de nascimento, agrupando-se os meses de dezembro a fevereiro (estação 1), março a maio (estação 2), junho a agosto (estação 3) e setembro a novembro (estação 4). Os grupos de contemporâneos utilizados nas análises foram constituídos por animais nascidos na mesma fazenda, ano e estação e pertencentes ao mesmo sexo. Para pesos obtidos a partir dos 3 anos de idade não foi considerado o sexo no grupo de contemporâneos, uma vez que foram analisadas somente informações de fêmeas. Grupos de contemporâneos com menos de 4 observações foram excluídos. A estrutura geral do arquivo de dados analisado apresenta-se descrita na Tabela 1.

Tabela 1 – Número de medidas (N), média e desvio-padrão (DP), idade média e número de grupo de contemporâneos (GC) para as características de peso em diferentes idades

Características ¹	N	Média (kg)	DP (kg)	Idade (dias)	GC
PN	638	32,40	3,87	0	55
P240	18.798	199,68	22,88	237	490
P365	17.181	233,36	32,94	364	449
P550	14.281	317,86	45,98	546	411
P2A	5.388	364,51	50,03	721	249
P3A	1.564	464,87	53,07	1.085	114
P4A	1.551	487,41	56,86	1.443	128
P5A	1.223	514,36	59,04	1.812	115
P6A	904	526,46	60,82	2.153	97

¹ PN= peso ao nascer; P240, P365, P550 = peso obtido aos 240, 365 e 550 dias de idade, respectivamente; P2A, P3A, P4A, P5A e P6A= peso obtido aos 2, 3, 4, 5 e 6 anos de idade, respectivamente.

Análises

Foram realizadas análises considerando 11 diferentes modelos: multi-características padrão, cinco modelos de posto reduzido ajustando os primeiros componentes principais ($m= 1, 2, 3, 4$ e 5) para o efeito genético aditivo direto e cinco modelos utilizando análise de fatores, com $m = 1, 2, 3, 4$ e 5 fatores. Em todos os modelos, foram considerados os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual. Para o PN e P240 também foram incluídos, como aleatórios, os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno. Foram considerados os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e efeitos linear e quadrático da idade do animal à pesagem (com exceção do PN) e idade da mãe ao parto.

O modelo Multi-características (MC) utilizado pode ser representado em notação matricial como:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Wp + e$$

em que: y é o vetor de observações para as 9 características estudadas (pesos em idades padrão); β é o vetor de soluções para os efeitos fixos; a é o vetor de soluções para os efeitos aleatórios genético aditivo direto; m é o vetor de soluções para os efeitos aleatórios genético materno; p é o vetor de soluções para os efeitos aleatórios de ambiente permanente materno e, e é o vetor do efeito aleatório residual. X , Z_1 , Z_2 e W são matrizes de incidência relacionando β , a , m e p a y . Os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno foram limitados às características obtidas até a desmama (PN e P240). Sobre o modelo estabelecem-se as seguintes pressuposições:

$$\text{Var} \begin{pmatrix} a \\ m \\ p \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} G_d \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & G_m \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & P \otimes I_{Nm} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R \otimes I_N \end{pmatrix}$$

em que: G_d , G_m e P são matrizes de (co)variâncias de efeitos genéticos aditivo direto e materno e de ambiente permanente materno, respectivamente, R representa a matriz de (co)variâncias residuais, A é matriz de parentesco, I_{Nm} é uma matriz identidade de ordem igual ao número de mães dos animais com registros de peso, I_N é uma matriz identidade de ordem igual ao número de animais com registros de peso e \otimes denota o produto direto entre as matrizes. Assumiu-se que os efeitos genéticos aditivo direto e materno, de ambiente permanente materno e residual não sejam correlacionados entre si.

As equações dos modelos mistos para MC podem ser representadas por:

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 & X'R^{-1}W \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + \Sigma_a^{-1} \otimes A^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 & Z_1'R^{-1}W \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1}Z_2 + \Sigma_m^{-1} \otimes A^{-1} & Z_2'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z_1 & W'R^{-1}Z_2 & W'R^{-1}W + \Sigma_p^{-1} \otimes I_{Nm} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \\ \hat{m} \\ \hat{p} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_1'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

O modelo utilizado nas análises de Componentes Principais (CP) pode ser obtido através da reparametrização da equação utilizada no modelo MC, produzindo um modelo equivalente, o qual contempla os componentes principais para o efeito genético aditivo direto. O modelo, em notação matricial, é representado pela equação:

$$y = X\beta + Z_1^* a^* + Z_2 m + Wp + e$$

em que: $Z_1^* = Z_1(I_N \otimes Q_m)$ e $a^* = (I_N \otimes Q_m')a$, com $\text{Var}(a^*) = A \otimes I_m$, e $Q_m = E_m(\Lambda_m)^{1/2}$. Nessas definições, E corresponde a matriz dos autovetores e_i , Λ a matriz diagonal dos autovalores λ_i e \otimes denota o produto direto entre as matrizes. Assim, a matriz de (co)variâncias para o efeito genético aditivo direto (Σ_a) pode ser decomposta em termos de E e Λ , de forma que $\Sigma_a = E\Lambda E'$. Assume-se que λ_i e e_i são ordenados de forma decrescente em relação à magnitude dos λ_i . Para considerar apenas os m primeiros componentes principais, a matriz E é substituída por E_m , gerando uma matriz de ordem $k \times m$, compreendendo as m primeiras colunas de $E(e_1, \dots, e_m)$, sendo k o número de características consideradas na análise. O número de equações é reduzido ao substituir Λ por uma submatriz Λ_m (KIRKPATRICK & MEYER, 2005). Nesse contexto, as equações dos modelos mistos podem ser representadas por:

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1^* & X'R^{-1}Z_2 & X'R^{-1}W \\ (Z_1^*)'R^{-1}X & (Z_1^*)'R^{-1}Z_1^* + I_m \otimes A^{-1} & (Z_1^*)'R^{-1}Z_2 & (Z_1^*)'R^{-1}W \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1^* & Z_2'R^{-1}Z_2 + \Sigma_m^{-1} \otimes A^{-1} & Z_2'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z_1^* & W'R^{-1}Z_2 & W'R^{-1}W + \Sigma_p^{-1} \otimes I_{Nm} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a}^* \\ \hat{m} \\ \hat{p} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ (Z_1^*)'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

No modelo de Análises de Fatores (AF), o efeito genético aditivo direto pode ser explicado por m fatores comuns independentes (c) e k fatores específicos (s). Assume-se que a matriz de (co)variâncias para o efeito genético aditivo direto é dada por $\sum_a = \Gamma\Gamma' + \Psi$, em que: Γ é a matriz de cargas fatoriais (ordem $k \times m$) e Ψ é a matriz das variâncias dos fatores específicos, sendo esta uma matriz diagonal de ordem k . Em notação matricial, o modelo pode ser representado como:

$$y = X\beta + Z_1^+c + Z_1s + Z_2m + Wp + e$$

em que: c representa o vetor de fatores comuns (de comprimento mN) e s representa o vetor de fatores específicos (de comprimento km), sendo m o número de fatores comuns considerado. Assim, tem-se: $Z_1^+ = Z_1(I_N \otimes \Gamma_m)$, $a^+ = (I_N \otimes \Gamma_m)c + s$, $c = (I_N \otimes \Gamma_m' \Sigma^{-1})a$ e $s = (I_N \otimes \Psi \Sigma^{-1})a$, com $Var(c) = I_m \otimes A$ e $Var(s) = \Psi \otimes A$ (THOMPSON et al., 2003; MEYER, 2009). As equações dos modelos mistos para AF podem ser representadas por:

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1^+ & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 & X'R^{-1}W \\ (Z_1^+)'R^{-1}X & (Z_1^+)'R^{-1}Z_1^+ + I_m \otimes A^{-1} & (Z_1^+)'R^{-1}Z_1 & (Z_1^+)'R^{-1}Z_2 & (Z_1^+)'R^{-1}W \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1^+ & Z_1'R^{-1}Z_1 + \Psi^{-1} \otimes A^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 & (Z_1^*)'R^{-1}W \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1^+ & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1}Z_2 + \Sigma_m^{-1} \otimes A^{-1} & Z_2'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z_1^+ & W'R^{-1}Z_1 & W'R^{-1}Z_2 & W'R^{-1}W + \Sigma_p^{-1} \otimes I_{Nm} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{c} \\ \hat{s} \\ \hat{m} \\ \hat{p} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ (Z_1^+)'R^{-1}y \\ Z_1'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

Para todos os modelos (MC, CP e AF), as matrizes de (co)variâncias genética materna, de ambiente permanente materno e residual tinham posto completo. Os componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando o pacote Wombat (MEYER, 2006).

Os modelos foram comparados por critérios de informação de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1973) e Bayesiano de Schwarz (BIC) (SCHWARZ, 1998). Os testes de AIC e BIC permitem uma comparação entre os modelos não aninhados e penalizam aqueles com maior número de parâmetros, sendo que o BIC atribui uma penalidade mais rigorosa. Os critérios de informação podem ser representados como:

$$\begin{aligned} \text{AIC} &= -2 \log L + 2 p \\ \text{BIC} &= -2 \log L + p \log(N - r) \end{aligned}$$

em que: p = número de parâmetros do modelo, N = número total de observações, r = posto da matriz de incidência dos efeitos fixos no modelo e $\log L$ = logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita. Menores valores para AIC e BIC indicam melhor ajuste.

Resultados e Discussão

Nos modelos estudados, o logaritmo da função de verossimilhança ($\log L$) aumentou com o aumento no número de componentes principais ou fatores, sendo mais evidente em modelos ajustando até 3 componentes principais ou 2 fatores (Tabela 2). Ao comparar os modelos que contém o número de componentes principais igual ao número de fatores, as AF mostram maior valor de $\log L$, principalmente para modelos com poucos fatores ou componentes principais. De acordo com MEYER (2007), quando se utiliza um número reduzido de componentes principais, uma pequena parte da variação genética não é

particionada, sendo incluída no componente residual. Por outro lado, como os modelos de fatores apresentam parâmetros extras (fatores específicos), grande parte dessa variação é incorporada nas variâncias específicas. No presente estudo, tais variâncias diminuíram com o aumento do número de fatores no modelo.

Tabela 2 - Modelos, número de parâmetros (np), função de verossimilhança (log L), critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) e proporção da variância genética aditiva direta (λ , em %) explicada pelos três primeiros autovalores, nas diferentes análises. Os valores de Log, AIC e BIC são mostrados como desvios em relação ao modelo multi-características de posto completo

Modelos ¹	np	log L	AIC	BIC	λ_1 (%)	λ_2 (%)	λ_3 (%)
CP1	60	-179,68	-287	36	100,00	0,00	0,00
CP2	68	-76,89	-97	154	91,52	8,48	0,00
CP3	75	-29,8	-17	171	85,13	13,63	1,24
CP4	81	-8,53	14	148	83,70	12,37	2,78
CP5	86	-4,59	12	107	82,19	11,10	3,68
MC	96	0,00	0,00	0,00	76,84	12,64	4,14
AF1	69	-70,89	-87	155	100,00	0,00	0,00
AF2	77	-22,94	-8	163	87,38	12,62	0,00
AF3	84	-7,02	10	118	85,32	13,45	1,23
AF4	90	-3,02	6	60	81,55	14,33	1,11
AF5	95	-1,59	-1	8	79,16	13,06	2,25

¹CPn= modelo ajustando n componentes principais; MC= modelo multi-características de posto completo; AFn= modelo de análise de fatores com n fatores. Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em AIC e BIC.

De acordo com o critério de comparação AIC, o melhor ajuste nas análises de CP foi obtido com a utilização de quatro componentes principais (CP4) e, entre

os modelos de AF, o modelo com três fatores (FA3) foi o melhor (Tabela 2). Por outro lado, atribuindo uma penalidade mais rigorosa em relação ao número de parâmetros (BIC), o melhor ajuste foi obtido nos modelos com apenas três componentes principais (CP3) e dois fatores (FA2), envolvendo um total de 75 e 77 parâmetros, respectivamente.

Entre todos os modelos estudados, o modelo mais parcimonioso (considerando os critérios AIC e BIC) para descrever a estrutura de (co)variâncias entre as nove características de peso foi o CP3, sendo também o modelo que apresentou convergência mais rápida. Ao comparar o modelo de posto completo (MC), usualmente utilizado em análises genéticas com o modelo CP3, observa-se uma expressiva redução no número de parâmetros a serem estimados (Tabela 2), o que pode diminuir a demanda computacional necessária nas análises. Para características de carcaça, MEYER (2005) indicou que cinco componentes principais foram suficientes para modelar a variação genética entre as oito características estudadas.

Os três principais autovalores da matriz de (co)variâncias genética aditiva direta no modelo MC foram responsáveis por 93,62% da variação genética aditiva total, sendo o primeiro autovalor responsável por 76,84% dessa variação. No modelo CP3 uma parte maior da variância genética aditiva direta é explicada pelo primeiro autovalor (85,13%) (Tabela 2). Utilizando dados simulados, MEYER (2005) mostrou que a escolha do número de componentes a serem considerados nas análises de posto reduzido depende das circunstâncias, ou seja, para pequenos conjuntos de dados pode-se utilizar um número menor de componentes em relação à conjuntos de dados maiores, esperando redução nas variâncias amostrais visando compensar qualquer possível viés. Dessa forma, a escolha do número ideal de componentes principais a ser considerado nas avaliações de pesos obtidos em diferentes idades é muito dependente do número de informações e características incluídas nas análises.

As variâncias genética direta e materna, de ambiente permanente materno e residual estimadas utilizando os modelos MC, CP3 e AF2 são apresentados na

Figura 1. Nesses modelos, foram obtidas variâncias genética direta semelhantes, sugerindo que ao utilizar modelos de CP ou AF em avaliações genéticas para pesos obtidos em diferentes idades, poucos componentes principais ou fatores seriam suficientes para estimar de forma adequada a variação devido ao efeito genético direto. Segundo MEYER (2005), as matrizes de (co)variâncias genéticas em modelos de posto reduzido podem ser construídas a partir das estimativas obtidas em análises convencionais (posto completo), ao utilizar conjunto de dados razoavelmente grande, considerando os primeiros componentes principais dessas estimativas.

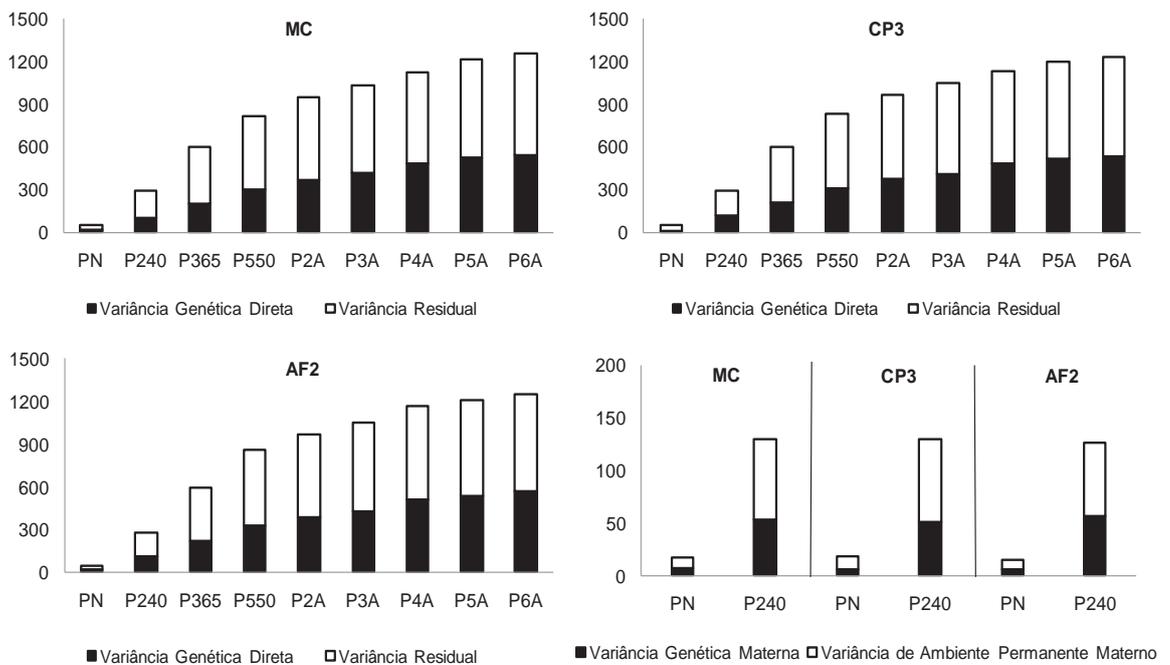


Figura 1 - Variâncias estimadas com o modelo multi-características (MC), modelo ajustando três primeiros componentes principais (CP3) e modelo ajustando dois fatores (AF2), para pesos ao nascer (PN), 240 (P240), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade e aos 2 (P2A), 3 (P3A), 4 (P4A), 5 (P5A) e 6 (P6A) anos de idade.

No presente estudo, a variância total atribuída ao efeito genético direto aumentou com o número de componentes principais ou fatores ajustados, alcançando um valor semelhante ao obtido na análise de posto completo quando a quantidade de componentes principais ou fatores incluídos nas análises explicavam quase a totalidade da variação genética aditiva direta presente nos dados (resultados não mostrados). Essa mesma tendência foi relatada por MEYER (2007), para características de carcaça de bovinos da raça Angus.

As variâncias específicas obtidas com a utilização de AF diminuíram com o aumento no número de fatores, sendo responsáveis por pequena parte da variação genética aditiva direta total, principalmente quando ajustados dois fatores ou mais (variando de 24,19% no modelo AF1 a 3,01% no modelo AF5). No modelo AF2, as variâncias específicas contribuíram com: 0,09; 0,01; 0,01; 0,02; 0,03; 0,01; 0,04; 0,05 e 0,05% da variância genética direta total para o PN, P240, P365, P550, P2A, P3A, P4A, P5A e P6A, respectivamente. Segundo MEYER (2007), quando os fatores específicos são assumidos como ausentes, os modelos de AF podem ser reduzidos à modelos de CP. Dessa forma, no presente estudo provavelmente não haveria a necessidade de utilizar modelos de AF.

As variâncias genética materna, de ambiente permanente materno e residual também apresentaram valores semelhantes quando utilizados os modelos MC, CP3 e AF2 (Figura 1). Em todos os modelos estudados, as matrizes de (co)variâncias genética materna, de ambiente permanente materno e residual tinham posto completo, portanto, diferenças nas estimativas de variância residual poderiam ser obtidas somente se a variância genética aditiva direta não tivesse sido estimada ou particionada corretamente nos modelos CP3 e AF2, o que não foi o caso nesse estudo.

As herdabilidades diretas estimadas para os pesos do nascimento à idade adulta utilizando os modelos MC, CP3 e AF2 foram semelhantes e variaram de 0,21 (PN) a 0,45 (P6A) (Figura 2). A baixa herdabilidade estimada para o PN pode ser atribuída ao menor número de observações disponíveis nessa idade, o que

dificultou a estimação da variabilidade genética aditiva presente na população para esta característica.

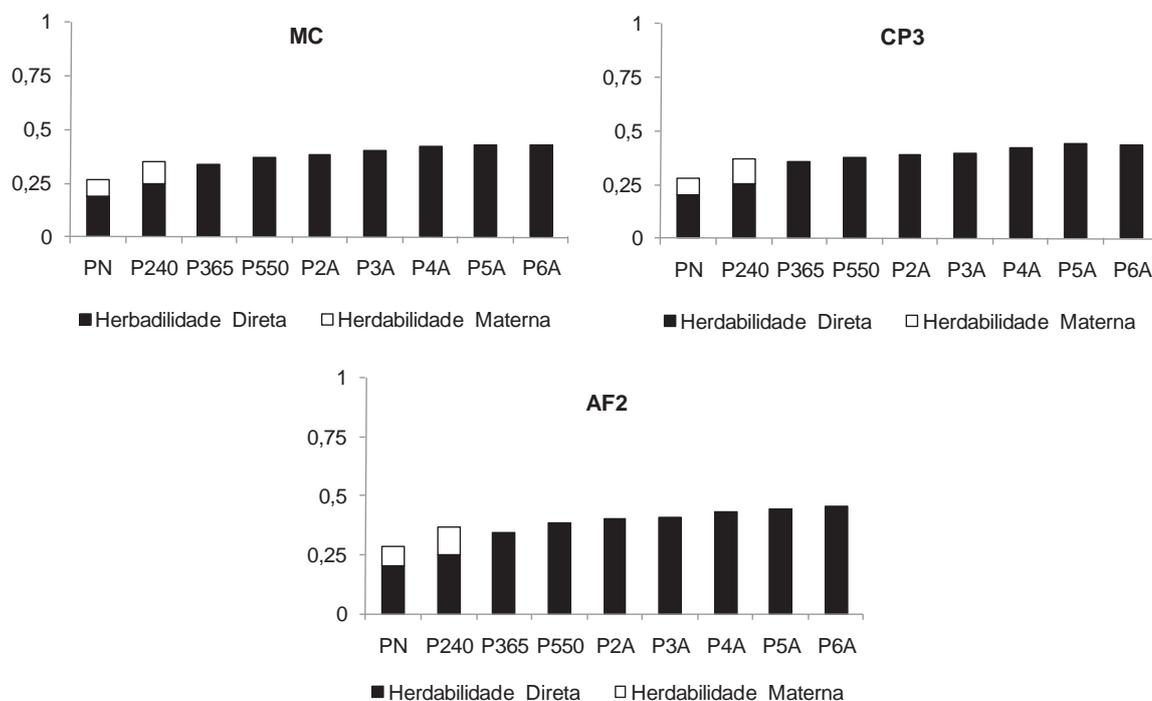


Figura 2 – Estimativas de herdabilidade direta e materna obtidas usando o modelo multi-características (MC), modelo ajustando três primeiros componentes principais (CP3) e modelo ajustando dois fatores (AF2), para pesos ao nascer (PN), 240 (P240), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade e aos 2 (P2A), 3 (P3A), 4 (P4A), 5 (P5A) e 6 (P6A) anos de idade.

Empregando modelos de regressão aleatória ajustando polinômios de Legendre em parte desse mesmo conjunto de dados, BOLIGON et al. (2010a) estimaram herdabilidades diretas semelhantes às obtidas no presente estudo, as quais aumentaram do nascimento (0,34) ao sobreano (0,42), permanecendo praticamente constantes posteriormente (0,39). Para animais da raça Nelore, as herdabilidades diretas obtidas com a utilização de análises bi ou multi-

características descritas na literatura variam de 0,26 a 0,34 (peso à desmama); 0,30 a 0,45 (peso ao ano); 0,34 a 0,49 (peso ao sobreano) e 0,29 a 0,46 (peso adulto) (YOKOO et al., 2007; BOLIGON et al., 2008; BOLIGON et al., 2010b; REGATIERI et al., 2011).

Nos três modelos estudados (MC, CP3 e AF2) as herdabilidades materna estimadas para PN e P240 apresentaram valores semelhantes e de baixas magnitudes, sendo próximos aos descritos na literatura para animais da raça Nelore (YOKOO et al., 2007; BOLIGON et al., 2008, BOLIGON et al., 2010a, BOLIGON et al., 2010b). Dessa forma, espera-se que não haja mudanças importantes, a curto prazo, no efeito genético materno decorrentes da seleção para pesos obtidos até a desmama.

As correlações genéticas e fenotípicas estimadas entre os pesos obtidos do nascimento à idade adulta foram positivas e variaram de média a alta magnitudes (Tabela 3). As correlações genéticas obtidas com o modelo CP3 foram iguais ou levemente superiores às obtidas utilizando o modelo MC e, em ambos os modelos, maiores valores de correlações genéticas foram obtidos entre os pesos em idades adjacentes. As correlações fenotípicas tanto para o modelo MC quanto para o CP3 apresentaram a mesma tendência das correlações genéticas, entretanto, com valores inferiores. Em geral, a partir desses resultados, sugere-se que a seleção para maiores pesos em qualquer idade deve ser responsável pelo aumento do peso adulto das fêmeas, principalmente quando realizada considerando pesos a partir do sobreano.

Utilizando modelos de regressão aleatória, BOLIGON et al. (2010a) reportaram resultados semelhantes, com valores de correlações genéticas acima de 0,50 entre a maioria dos pesos estudados. Utilizando informações de animais das raças Angus e Hereford, ARANGO et al. (2004) também reportaram forte associação genética entre pesos obtidos dos 840 aos 2.160 dias de idade (próximo à 0,84) e entre 2.160 a 3.090 dias de idade (próximo à 0,90).

Tabela 3 – Estimativas de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) obtidas utilizando usando o modelo multi-características e modelo ajustando três primeiros componentes principais

Modelo Multi-características									
	PN	P240	P365	P550	P2A	P3A	P4A	P5A	P6A
PN	-	0,72	0,67	0,63	0,60	0,56	0,52	0,49	0,46
P240	0,48	-	0,86	0,79	0,71	0,63	0,59	0,54	0,51
P365	0,42	0,46	-	0,82	0,77	0,64	0,60	0,57	0,53
P550	0,39	0,41	0,45	-	0,79	0,67	0,65	0,62	0,59
P2A	0,34	0,38	0,40	0,47	-	0,80	0,75	0,68	0,60
P3A	0,31	0,33	0,41	0,45	0,50	-	0,76	0,74	0,67
P4A	0,28	0,30	0,37	0,39	0,44	0,53	-	0,83	0,77
P5A	0,26	0,27	0,32	0,36	0,42	0,50	0,57	-	0,84
P6A	0,27	0,26	0,30	0,36	0,43	0,51	0,53	0,61	-

Modelo Ajustando Três Componentes Principais									
	PN	P240	P365	P550	P2A	P3A	P4A	P5A	P6A
PN	-	0,73	0,65	0,64	0,60	0,57	0,53	0,47	0,47
P240	0,49	-	0,87	0,78	0,70	0,66	0,58	0,54	0,52
P365	0,41	0,47	-	0,84	0,79	0,65	0,63	0,58	0,54
P550	0,38	0,43	0,46	-	0,80	0,66	0,65	0,61	0,59
P2A	0,34	0,39	0,40	0,48	-	0,81	0,75	0,68	0,61
P3A	0,33	0,34	0,42	0,46	0,50	-	0,77	0,73	0,66
P4A	0,29	0,33	0,37	0,38	0,44	0,54	-	0,82	0,78
P5A	0,25	0,29	0,33	0,36	0,41	0,50	0,58	-	0,85
P6A	0,25	0,27	0,31	0,35	0,43	0,52	0,52	0,60	-

PN= peso ao nascer; P240, P365 e P550 = peso obtido aos 240, 365 e 550 dias de idade, respectivamente; P2A, P3A, P4A, P5A e P6A= peso obtido aos 2, 3, 4, 5 e 6 anos de idade, respectivamente.

Os estudos desenvolvidos com o peso adulto de bovinos de corte sugerem a utilização de modelos multi-características, incluindo nas análises dados de pesos obtidos antes da seleção (MEYER, 1995; BOLIGON et al., 2009). Considerando a importância que o peso adulto das matrizes representa no desempenho produtivo dos rebanhos de corte, pesagens anuais das fêmeas em reprodução poderiam ser feitas na estação de monta ou na desmama, incluindo todas essas informações nas avaliações do peso adulto. Entretanto, à medida que informações de pesos obtidos em outras idades são incorporadas nas análises, a utilização de modelo multi-características pode tornar-se difícil devido a necessidade de maiores demandas computacionais. Dessa forma, os modelos de posto reduzido podem ser utilizados visando facilitar as análises que envolvem grande número de parâmetros, como avaliações de pesos obtidos até a idade adulta.

Conclusões

Foram obtidos resultados semelhantes com a utilização do modelo considerando três componentes principais ou dois fatores para o efeito genético aditivo direto. Os modelos utilizando componentes principais apresentaram convergência mais rápida em relação aos modelos ajustando o mesmo número de fatores, sugerindo a utilização de modelos de componentes principais em relação a modelos de fatores.

Três componentes principais foram suficientes para modelar a estrutura de (co)variâncias genéticas entre os pesos do nascimento à idade adulta nesse conjunto de dados.

O modelo de posto reduzido diminuiu consideravelmente o número de parâmetros a serem estimados, sem comprometer a qualidade de ajuste.

Referências Bibliográficas

AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON INFORMATION THEORY, 2., 1973, Budapest. **Proceedings...** Budapest: Academiai Kiado, p.267-281, 1973.

ARANGO, J.A., CUNDIFF, L.V., VAN VLECK, L.D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.

BOLIGON, A.A., ALBUQUERQUE, L.G., RORATO, P.R.N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, p.596-601, 2008.

BOLIGON, A.A., ALBUQUERQUE, L.G., MERCADANTE, M.E.Z., LOBO, R.B. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.2320-2326, 2009.

BOLIGON, A.A., MERCADANTE, M.E.Z., FORNI, S., LOBO, R.B., ALBUQUERQUE, L.G. Covariance functions for body weight from birth to maturity in Nelore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 2010a.

BOLIGON, A.A., SILVA, J.A.V., SESANA, R.C., SESANA, J.C., JUNQUEIRA, J.B., ALBUQUERQUE, L.G. Estimation of genetic parameters for weights, scrotal circumference and testicular volume measured at different ages in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.88, p.1215-1219, 2010b.

KIRKPATRICK, M., MEYER, K. Direct estimation of genetic principal components: simplified analysis of complex phenotypes. **Genetics**, v.168, p.2295-2306, 2004.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. **Livestock Production Science**, v.44, p.125-137, 1995.

MEYER, K. Genetic principal components for live ultrasound scan traits of Angus cattle. **Animal Science**, v.81, p.337-345, 2005.

MEYER, K., KIRKPATRICK, M. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.1-30, 2005.

MEYER, K. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. **Proceedings... 8th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production**. Communication No. 27-14. 2006.

MEYER, K. Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor analytic models. **Journal Animal Breeding Genetics**, v.124, p.50-63, 2007.

MEYER, K. Factor-analytic models for genotype \times environment type problems and structured covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v.41, p.21-32, 2009.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of the model. **The Annual of Statistics**, p.127-132, 1998.

REGATIERI, I.C., BOLIGON, A.A., ALBUQUERQUE, L.G. Genetic analysis of visual scores and their relationships to mature female weight in Nelore breed. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.100-105, 2011.

THOMPSON, R., CULLIS, B.R., SMITH, A.B., GILMOUR, A.R. A sparse implementation of the average information algorithm for factor analytic and reduced rank variance models. **Australian New Zealand Journal Statistics**, v.45, p.445-459, 2003.

YOKOO, M.J.I., ALBUQUERQUE, L.G., LOBO, R.B., SAINZ, R.D., CARNEIRO JÚNIOR, J.M., BEZERRA, L.A.F., ARAUJO, F.R.C. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.1761-1768, 2007.

CAPÍTULO 3 - MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EMPREGANDO FUNÇÕES B-SPLINES PARA MODELAR PESOS DO NASCIMENTO À MATURIDADE DE BOVINOS DA RAÇA NELORE

RESUMO - Este trabalho foi realizado com objetivo de estimar componentes de (co)variância utilizando modelos de regressões aleatórias sobre funções b-splines para pesos obtidos do nascimento à idade adulta. Foram utilizadas 82.064 mensurações de pesos de 8.145 fêmeas, provenientes do banco de dados do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN/Nelore Brasil). Os modelos incluíram como aleatórios os efeitos genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente de animal e materno e, como fixos, os efeitos de grupo de contemporâneos, idade da mãe ao parto dentro de classe de idade do animal à pesagem (efeitos linear e quadrático) e polinômio ortogonal de Legendre da idade do animal (regressão cúbica). Os efeitos aleatórios foram modelados por funções chamadas b-splines, considerando polinômios lineares, quadráticos e cúbicos para cada segmento individual. O resíduo foi modelado considerando cinco classes de variâncias. Para modelar os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente do animal foram utilizados até sete nós (seis segmentos). Para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno foi utilizado um único segmento, com dois nós nas extremidades da curva. Um total de 15 modelos foram estudados, com números de parâmetros variando de 17 a 81. Os modelos empregando b-splines foram comparados com um modelo multi-características, considerando nove pesos e a um modelo de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre. O modelo que considerou funções b-splines quadráticas com três segmentos para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal e, 1 segmento para os efeitos genético materno e ambiente permanente materno foi o mais adequado para modelar as mudanças nas variâncias de pesos do nascimento à idade adulta de fêmeas. Os modelos de regressão aleatória sobre funções b-splines propiciaram descrição semelhante da trajetória das variâncias e herdabilidades em relação aos modelos

de polinômios de Legendre e análise multi-características. A seleção com base em qualquer peso, como em idades jovens (da desmama ao sobreano), deve ser realizada levando em conta que esses rebanhos estariam sujeitos a aumento no peso ao nascer e no peso adulto das fêmeas. Existe pouca possibilidade para modificar a curva de crescimento em bovinos da raça Nelore, visando selecionar animais de rápido crescimento em idades jovens, mantendo o peso adulto constante.

Palavras-chave: curva de crescimento, funções de (co)variância, polinômios segmentados, raça Nelore

Introdução

Os modelos de regressão aleatória com base em polinômios de Legendre vêm sendo empregados no estudo de parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos de corte, como pesos em diferentes idades (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; NOBRE et al., 2003; ARANGO et al., 2004; MEYER, 2004, NEPHAWE, 2004; BOLIGON et al., 2010). Esses modelos apresentam as vantagens de utilizar todas as medidas do animal, eliminar a necessidade de corrigir os pesos para idades padrão, além de proporcionar estimativas de valores genéticos para qualquer idade dentro do intervalo de medidas consideradas, com maiores acurácias em relação aos modelos multi-características convencionais (TIER & MEYER, 2004).

Nos últimos anos, vários autores têm destacado que a utilização de modelos de regressão aleatória com base em polinômios de Legendre para pesos de bovinos de corte pode apresentar algumas propriedades indesejáveis, como a necessidade de utilização de polinômios de alto grau e problemas de inconsistências nas variâncias e (co)variâncias ao longo da curva (MEYER, 1999; NOBRE et al., 2003; SAKAGUTI et al., 2003), principalmente nas idades em que o número de medidas de pesos é reduzido, como pesos em idades extremas.

Segundo MEYER (2005a), análises de pesos de bovinos de corte utilizando modelos de regressão aleatória com polinômios de ordem cúbica, quártica ou mesmo de ordens mais elevadas têm levado a estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos erráticos e implausíveis. Esses problemas podem ocorrer principalmente quando existe um pequeno número de registros de pesos por animal nas idades extremas, como o peso adulto, e quando o número de registros de pesos por animal é menor em relação a ordem dos polinômios ajustados. Utilizando polinômios de Legendre para modelar mudanças nas variâncias com a idade para pesos do nascimento à idade adulta, BOLIGON et al. (2010) reportaram problemas de convergência com o aumento da ordem dos polinômios.

Atualmente, os modelos de regressão aleatória utilizando funções splines podem ser uma opção para modelar pesos até a idade adulta, uma vez que, essas funções são menos suscetíveis a problemas frequentemente observados com polinômios ortogonais de Legendre. Segundo MEYER (2000), com a utilização das funções splines é possível ajustar polinômios de menor grau em segmentos curtos da trajetória de crescimento, permitindo maior flexibilidade no ajuste das flutuações estacionais do crescimento de bovinos.

Um particular tipo de funções splines são as chamadas b-splines, que são preferidas devido às suas propriedades numéricas ótimas (RUPPERT et al., 2003). De acordo com RICE & WU (2001) a utilização de b-splines é adequada para modelar efeitos aleatórios em análises de modelos mistos e também é eficiente na estimação de funções de (co)variância.

Em bovinos de corte, as funções splines estão sendo utilizadas para descrever a variação genética do crescimento, utilizando pesos do nascimento aos 820 dias de idade de animais da raça Angus (MEYER, 2005b), do nascimento a um ano de idade de animais da raça Gelbvieh (IWAISAKI et al., 2005) e, de um ano e meio aos sete anos de idade de matrizes da raça Polled Hereford (MEYER, 2005c). De modo semelhante, SÁNCHEZ et al. (2008) aplicaram modelos de regressão aleatória usando funções splines lineares para pesos do nascimento a um ano de idade de animais cruzados e comprovaram que esses modelos também podem ser utilizados em avaliações genéticas de populações multirraciais.

No Brasil, BALDI et al. (2010) compararam estimativas de funções de (co)variância para pesos do nascimento à idade adulta de fêmeas da raça Canchim utilizando modelos de regressão aleatória sob polinômios de Legendre e funções b-splines. Os resultados mostraram que as funções b-splines propiciaram melhor descrição da trajetória das variâncias em relação aos polinômios de Legendre, principalmente em idades mais avançadas. Cabe ressaltar que não foram encontrados na literatura estudos aplicando funções b-splines para estimativas de parâmetros genéticos em bovinos da raça Nelore.

Os bovinos de corte criados no Brasil são mantidos, em grande parte, em condições adversas, caracterizadas por altas temperaturas e pastagens de baixa qualidade. Nos últimos anos, têm-se discutido as consequências da seleção para maiores pesos em idades jovens sobre o tamanho das matrizes de corte, o que poderia resultar em custos mais elevados para a manutenção do rebanho de vacas. Além disso, em ambientes com restrições alimentares, vacas de tamanho médio devem ser preferidas (JENKINS & FERRELL, 1994). Neste contexto, para manter o tamanho adulto desejável é necessário considerar o peso adulto nos índices de seleção desenvolvidos para bovinos de corte. No entanto, existem dificuldades para incluir os pesos adultos em avaliações genéticas devido à escassez de registros de peso em idades avançadas e a falta de modelos adequados para estimar componentes de (co)variância para essas características. Aparentemente, os modelos de regressão aleatória ajustando funções b-spline oferecem vantagens sobre polinômios de Legendre e os tradicionais modelos de dimensão finita (TIER & MEYER, 2004) e poderiam ser usados para avaliação genética de características de crescimento.

Esse estudo foi desenvolvido com o objetivo de estimar funções de (co)variância para o efeito genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente de animal e materno e, posteriormente, estimar os parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos Nelore, do nascimento à idade adulta, utilizando modelos de regressão aleatória ajustando funções b-splines, visando obter modelos adequados e parcimoniosos para estimar parâmetros genéticos.

Material e Métodos

Dados

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de oito rebanhos localizados no estado de São Paulo, participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN/Nelore Brasil), programa de avaliação genética

que teve início em 1987. Os animais participantes são submetidos a pesagens a cada 90 dias, do nascimento ao sobreano e, aqueles que permanecem nos rebanhos como reprodutores continuam sendo pesados rotineiramente nesse intervalo. Neste conjunto de dados, os nascimentos ocorreram durante o ano todo, com maior concentração na primavera (setembro a novembro) e no verão (dezembro a fevereiro). Os animais foram desmamados, em média, aos 240 dias de idade. Somente medidas de pesos de animais criados em pastagem sem suplementação e amamentados por suas mães biológicas foram considerados nas análises.

A idade da mãe ao parto variou entre 2 e 24 anos, sendo consideradas 13 classes de idade da mãe ao parto nas análises, uma vez que, na última classe foram agrupadas as mães com idade ao parto maior ou igual a 15 anos.

Para os pesos do nascimento aos 3 anos de idade, os grupos de contemporâneos foram formados por animais nascidos na mesma fazenda, ano e estação e classe de idade à pesagem (nascimento e a cada 45 dias de idade). Como resultado, a variação de idade dentro de grupo de contemporâneos foi inferior a 45 dias. A partir de 3 anos de idade, o grupo de contemporâneos foi constituído por fazenda, ano e estação de nascimento, ano e estação da pesagem. Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos mais ou menos três desvios-padrão. Grupos de contemporâneos com menos de oito animais foram excluídos, totalizando 2.693 grupos de contemporâneos.

Animais com menos de cinco medidas de peso foram descartados do conjunto de dados. A média foi de 10,07 medidas por animal, com o máximo de 43. Existiam 813, 2.133, 1.243, 1.138, 528, 282 e 2.008 animais com 5, 6, 7, 8, 9, 10 e 11-43 medidas de peso, respectivamente. Isto resultou em 63,83%, 48,57% e 34,60% de animais com, no mínimo, 7, 8 e 9 medidas, respectivamente.

O conjunto de dados analisado consistiu de 81.712 mensurações de pesos do nascimento aos oito anos de idade de 8.144 fêmeas, filhas de 470 touros e

5.185 vacas. A matriz de parentesco foi constituída com informações de todas as gerações disponíveis e continha 12.596 animais.

Análises

Para todos os modelos foram incluídos os efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno e de ambiente permanente de animal e materno, além do resíduo. Os efeitos aleatórios foram modelados por meio de funções chamadas b-splines (MARX & EILERS, 1998). Foram considerados os efeitos fixos de GC e idade do animal dentro de classes de idade da mãe ao parto como covariável (efeitos linear e quadrático), uma vez que o peso do animal varia de acordo com a idade da mãe ao parto. Para este efeito, foram utilizadas cinco classes de idade da vaca: 2-3, 4-5, 6-8, 9-11, 12-24 anos de idade.

Para modelar a trajetória da média populacional foi utilizado polinômio ortogonal de Legendre de quarta ordem. As variâncias residuais foram modeladas considerando 5 classes de idade (1, 2-240, 241-550, 551-730, 731-2889 dias). De forma matricial o modelo pode ser representado como:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + W_1pe + W_2mpe + e$$

onde y é o vetor das observações, b é o vetor dos efeitos fixos, a é o vetor dos coeficientes aleatórios para o efeito genético aditivo direto, m é o vetor dos coeficientes aleatórios para o efeito genético materno, pe é o vetor dos coeficientes aleatórios para o efeito de ambiente permanente de animal, mpe é o vetor dos coeficientes aleatórios para o efeito de ambiente permanente materno, e é o vetor dos efeitos residuais, X , Z_1 , Z_2 , W_1 e W_2 são as matrizes de incidência. O modelo é baseado nas seguintes pressuposições:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ pe \\ mpe \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{Xb} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}; V \begin{bmatrix} a \\ m \\ pe \\ mpe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{K}_a \otimes \mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{K}_m \otimes \mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{K}_{pe} \otimes \mathbf{I}_{N_A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{K}_{mpe} \otimes \mathbf{I}_{N_M} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix}$$

onde K_a , K_m , K_{pe} e K_{mpe} são as matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos genético aditivo direto, genético materno, de ambiente permanente de animal e materno, respectivamente, A é a matriz de parentesco, I é uma matriz identidade, N_A é o número de animais com registros de peso, N_M é o número de mães com medidas de progênie, \otimes é o produto direto entre as matrizes e R é uma matriz de bloco diagonal contendo as variâncias residuais. As (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória para diferentes efeitos foram considerados como zero.

A função b-splines pode ser definida recursivamente (MEYER, 2005b) com funções bases de grau $p=0$ assumindo valores iguais à unidade para todos os pontos em um dado intervalo (t) e, caso contrário, o valor é zero.

Para k^{th} intervalo dado por nós T_k e $T_k < T_{k+1}$,

$$B_{k,0}(t) = \begin{cases} 1 & \text{se } T_k \leq t < T_{k+1}, \\ \text{caso contrário } 0. \end{cases}$$

Funções bases de alto grau, $B_{k,p}$ para $p > 0$ são então determinadas por funções bases de baixo grau, já avaliadas, e uma gama de intervalos adjacentes entre os nós (MEYER, 2005b). Dessa forma, a função pode ser representada como:

$$B_{k,p}(t) = \frac{t - T_k}{T_{k+p} - T_k} B_{k,p-1}^{(t)} + \frac{T_{k+p+1} - t}{T_{k+p+1} - T_{k+1}} B_{k+1,p-1}^{(t)}$$

Foram considerados polinômios linear (L), quadrático (Q) e cúbico (C) para cada segmento individual, com funções bases, respectivamente, de graus $p = 1, 2$ e 3 . Polinômios de mesmo grau foram considerados no modelo para todos os efeitos aleatórios. Os m nós foram escolhidos para dividir as idades à pesagem em $m-1$ intervalos equidistantes, sendo os nós extremos localizados nas idades 1 e 2.889 para todos os modelos. Até sete nós (seis segmentos) igualmente espaçados foram utilizados para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal, com o mesmo número de nós ajustados para ambos os efeitos. Para o efeito genético materno e de ambiente permanente materno foi utilizado um único segmento com dois nós nos extremos da curva.

O número de coeficientes de regressão aleatória para modelar a trajetória das funções bases lineares, quadrática e cúbica, são dados, respectivamente, por $m, m+1$ e $m+2$. A nomenclatura dos modelos de regressão aleatória segue o padrão: “BSX $k_a, k_m, k_{pe}, k_{mpe}$ ”, em que $X=L, Q$ ou C são os graus do segmento polinomial, k_a, k_m, k_{pe} e k_{mpe} especifica o número de coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genético aditivo direto, materno, de ambiente permanente de animal e materno, respectivamente. Portanto, um modelo BSL3232 constará de uma função b-spline linear, com número de coeficientes de regressão aleatória igual 3 para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal e 2 coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno.

Os componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos dos modelos foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o programa estatístico Wombat (MEYER, 2006). A comparação entre os modelos foi efetuada pelo critério de informação Bayesiana de Schwarz (BIC) (SCHWARZ, 1978) e pelo exame das variâncias e correlações estimadas entre os pesos obtidos nas diferentes idades consideradas. O critério BIC considera a falta de ajuste e o número de parâmetros estimados no modelo, podendo ser empregado para comparar modelos com os mesmos efeitos fixos,

mas diferentes estruturas de variância. O critério de informação é calculado como:

$$\text{BIC} = -2\log L + p\log(N-r),$$

em que: p é o número de parâmetros do modelo, N é o número total de observações, r é o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos no modelo e $\log L$ é o logaritmo da função de verossimilhança. Menores valores para BIC indicam melhor ajuste.

Os resultados obtidos pelas funções b-splines foram comparados com os obtidos utilizando um modelo de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre, de quarta e sexta ordens respectivamente para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal, e de terceira ordem para os efeitos genético materno e ambiente permanente materno (BOLIGON et al., 2010).

Uma análise multi-características (MC) também foi feita utilizando modelo de dimensão finita para os pesos ao nascer (PN), desmama (P240), ano (P365), sobreano (P550) e 2 (P2A), 3 (P3A), 4 (P4A), 5 (P5A) e 6 (P6A) anos de idade. O modelo para todas as características incluiu os efeitos genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente materno e residual como aleatórios. Foram considerados os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (fazenda, ano e estação de nascimento) e efeitos linear e quadrático da idade do animal à pesagem (com exceção do PN) e idade da mãe ao parto. Devido à dificuldade de obter estimativas acuradas para as (co)variâncias entre os efeitos genético aditivo direto e materno, essas (co)variâncias foram consideradas como zero (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; MEYER, 2005b).

Resultados e Discussão

Os pesos aumentaram com a idade, com decréscimo na taxa crescimento após à desmama e, aparentemente, com taxa de crescimento praticamente linear a partir dos 800 dias de idade (Figura 1). Houve um decréscimo acentuado no número de animais a partir dos 600 dias de idade, sugerindo que grande parte das fazendas só pesaram fêmeas até a entrada da primeira monta.

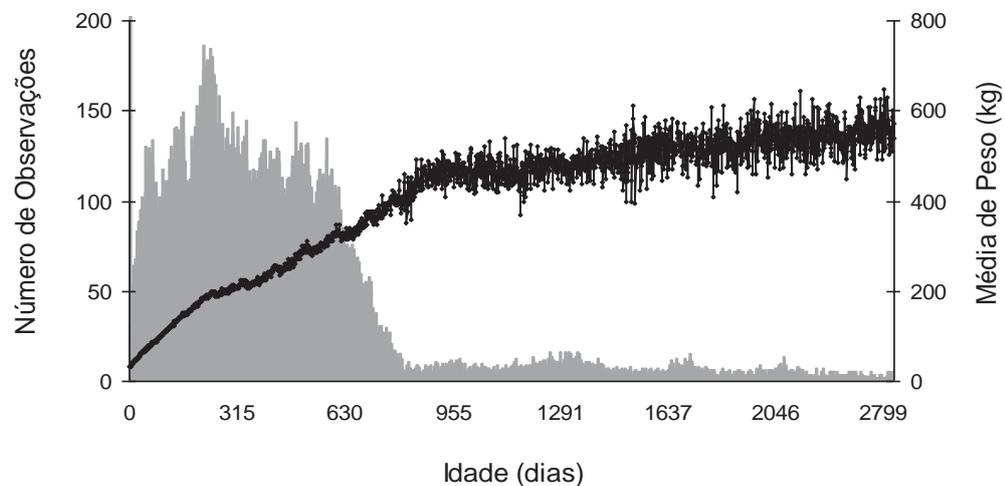


Figura 1 - Número de observações e média de pesos por idade

Na Tabela 1 está descrito o resumo das análises com logaritmo da função de verossimilhança (log) e do critério de informação Bayesiano (BIC) para os diferentes modelos estudados. Foram ajustados modelos b-splines, com segmentos lineares, quadráticos e cúbicos, considerando polinômios de mesma ordem para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente direto e, da mesma forma, para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno. Os modelos estudados apresentaram o número de parâmetros variando de 17 a 81.

Tabela 1 - Modelos, número de parâmetros (n) do modelo, posição dos nós (dias), números de segmentos (s), função de verossimilhança (Log) e critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC), para os modelos de regressão aleatória empregando b-splines e polinômios de Legendre

Modelos ¹	n	Nós (efeito genético aditivo direto)	s	Log	BIC
b-splines linear (BSL)					
BSL2222	17	1, 2889	1	-259921	520034
BSL3232	23	1, 1445, 2889	2	-254460	509179
BSL4242	31	1, 964, 1927, 2889	3	-245791	491932
BSL5252	41	1, 723, 1445, 2172, 2889	4	-231487	463437
BSL6262	53	1, 578, 1156, 1734, 2314, 2889	5	-224011	448620
BSL7272	67	1, 483, 964, 1445, 1927, 2409, 2889	6	-219917	440590
b-splines quadrática (BSQ)					
BSQ3333	29	1, 2889	1	-249946	500219
BSQ4343	37	1, 1444, 2889	2	-234460	469337
BSQ5353	47	1, 963, 1926, 2889	3	-228741	458012
BSQ6363	59	1, 723, 1445, 2172, 2889	4	-220934	442534
BSQ7373	73	1, 579, 1156, 1734, 2311, 2889	5	-218714	438252
b-splines cúbica (BSC)					
BSC4444	45	1, 2889	1	-225146	450800
BSC5454	55	1, 1425, 2889	2	-222349	445319
BSC6464	67	1, 950, 1914, 2889	3	-219045	438846
BSC7474	81	1, 713, 1435, 2157, 2889	4	-215107	431128
Polinômios de Legendre (Leg)					
Leg4363	48			-221382	443305

¹ Número de coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genético aditivo direto, genético materno, de ambiente permanente de animal e ambiente permanente materno, respectivamente.

Os valores do logaritmo da função de verossimilhança (log) melhoraram com o aumento no número de parâmetros dos modelos, não importando o grau da

função b-spline. Resultados semelhantes foram relatados por MEYER (2005b) e BALDI et al. (2010) utilizando funções b-splines (linear, quadrática e cúbica) para modelar a trajetória de crescimento do nascimento aos 821 dias de idade em bovinos da raça Angus e do nascimento aos 8 anos de idade de animais da raça Canchim, respectivamente.

Nenhum dos modelos de regressão aleatória utilizando funções b-splines com um número semelhante ou menor de parâmetros em relação ao modelo Leg4363, com 48 parâmetros, promoveu um melhor ajuste de acordo com o BIC. Assim, um maior número de parâmetros nos modelos b-splines foi necessário para chegar a um ajuste similar ao obtido com Leg4363 (Tabela 1). De acordo com MEYER (2005a), mesmo considerando relativamente poucos nós, os modelos de regressão aleatória ajustando funções b-splines tendem a envolver um maior número de coeficientes em relação às análises considerando outras funções polinomiais.

O valor do logaritmo da função de verossimilhança e os resultados do critério estatístico BIC indicam que o modelo BSC7474, com 81 parâmetros, foi o melhor. Entretanto, esse modelo apresentou variâncias fenotípicas implausíveis nas idades extremas, quando comparado ao modelo multi-características e Leg4363 (Figura 2). Alternativamente, o modelo BSQ5353, com um total de 47 parâmetros, apresentou componentes de variâncias com magnitudes e tendências semelhantes às obtidas no modelo de regressão aleatória empregando polinômios de Legendre (Leg4363) e na análise multi-características considerando nove pesos em diferentes idades. O aumento no número de nós ou na ordem dos polinômios melhorou o BIC, entretanto, as estimativas de variância mostraram valores inesperados para pesos obtidos em idades mais avançadas (resultados não mostrados).

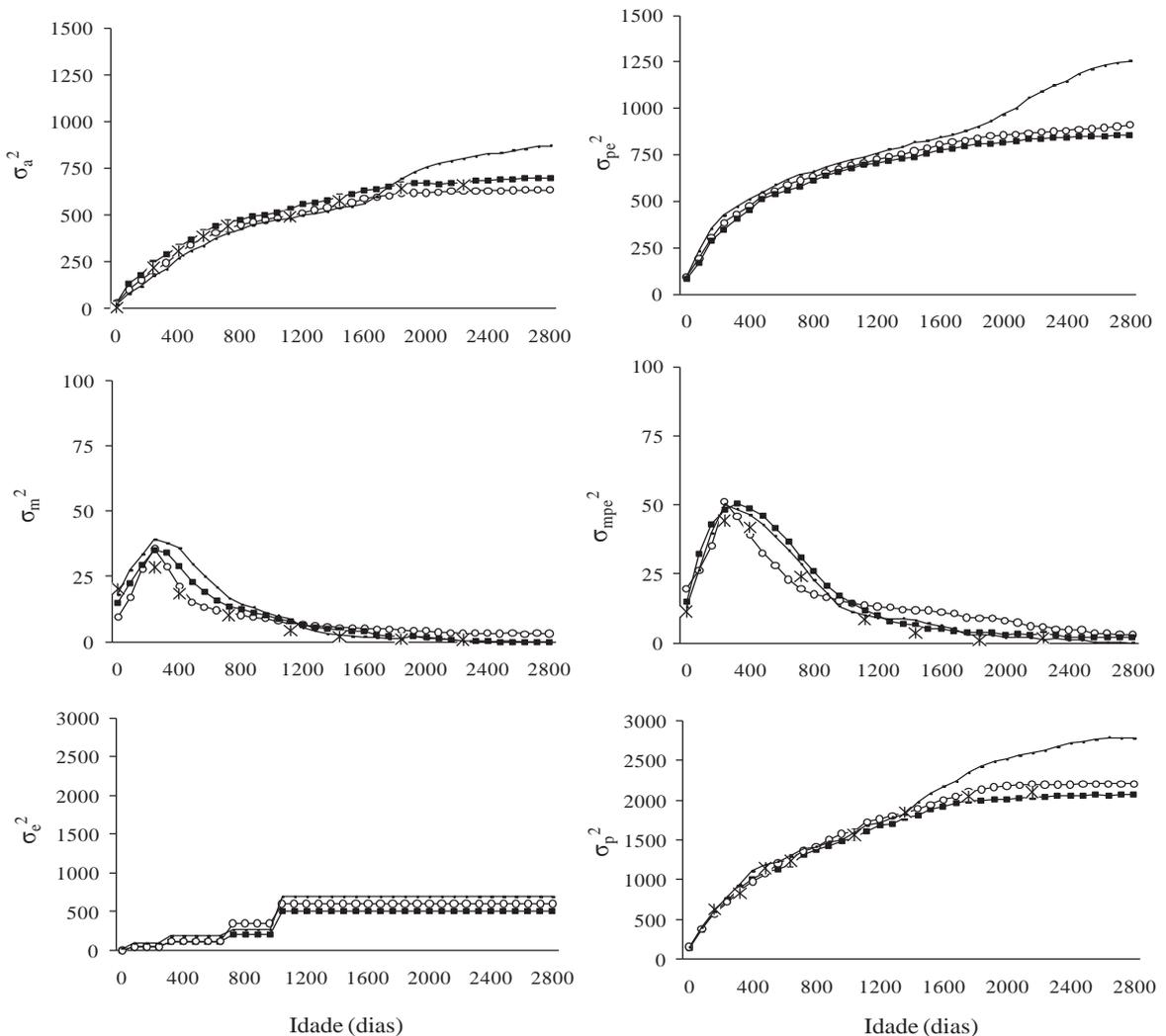


Figura 2 - Estimativas de componentes de variância aditiva genética direta (σ_a^2), genética materna (σ_m^2), ambiente permanente de animal (σ_{pe}^2), ambiente permanente materno (σ_{mpe}^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2), obtidas com os modelos BSC7474 (-), BSQ5353 (■), Leg4363 (○) e por análise multi-características (✕)

Semelhante ao observado nesse estudo, MEYER (2005b) relatou variâncias residuais e fenotípicas altas e implausíveis nas idades mais avançadas quando os pesos foram ajustados utilizando função b-splines cúbica. Segundo o autor, esse

resultado indica que foram estimadas variâncias super estimadas em modelos que utilizam polinômios cúbicos para ajustar os segmentos individuais. É importante ressaltar que, quando se utiliza funções b-splines, um bom ajuste dos dados depende, além da ordem considerada nos segmentos individuais, da estrutura dos dados, podendo ocorrer problemas principalmente quando os mesmos estão distribuídos irregularmente.

As variâncias genéticas aditivas diretas obtidas utilizando os modelos BSC7474, BSQ5353, Leg4363 e multi-características foram semelhantes até próximo aos 5 anos de idade (Figura 2). No final da trajetória de crescimento, foi observado aumento na variância genética aditiva direta com a utilização do modelo BSC7474, quando comparado com os demais modelos. Utilizando pesos do nascimento à idade adulta de bovinos da raça Canchim, BALDI et al. (2010) relataram que, para pesos obtidos após os 6 anos de idade, a utilização de funções b-spline cúbicas mostraram menores estimativas de variância genética aditiva direta em relação às obtidas ajustando modelos de regressão aleatória com funções b-spline quadráticas ou utilizando polinômios de Legendre.

Utilizando pesos do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos da raça Gelbvieh, IWASAKI et al. (2005) relataram estimativas de variâncias genéticas aditivas diretas semelhantes, tanto utilizando modelo de regressão aleatória sobre funções splines linear como análise multi-características (pesos ao nascer, à desmama e ao ano). Segundo MEYER (2005b), em idades que apresentam um número suficiente de medidas de peso, não se espera encontrar diferenças importantes nas estimativas obtidas quando são utilizados modelos de regressão aleatória sobre funções b-splines ou polinômio de Legendre.

As estimativas de ambiente permanente de animal obtidas utilizando modelos de regressão aleatória foram semelhantes até próximo aos cinco anos de idade. Após essa idade, o BSQ5353 mostrou menores variações no efeito de ambiente permanente de animal em relação às obtidas com o modelo BSC7474 (Figura 2). Semelhante ao descrito por MEYER (2005b) e BALDI et al. (2010), o uso de função b-spline quadrática permitiu um melhor controle das variações do ambiente

permanente de animal em relação aos ajustes obtidos com funções b-spline cúbicas e polinômios de Legendre.

As estimativas de variância genética materna e de ambiente permanente materno obtidas com os modelos BSC7474, BSQ5353 e empregando polinômios de Legendre (Leg4363) ou análise multi-características mostraram tendência semelhante (Figura 2). Para esses modelos, maiores variâncias foram estimadas para pesos próximos aos 240 dias de idade, mostrando redução a partir dessa idade e tornando-se nulas em idades avançadas. Semelhante ao obtido no presente estudo, ALBUQUERQUE & MEYER (2001) observaram, em animais da raça Nelore, que as estimativas de variância genética materna aumentaram até os 150 dias de idade, mantendo-se praticamente constantes até os 240 dias e diminuindo após esta idade.

Com exceção do início do período estudado (primeiros 60 dias), as herdabilidades estimadas para o efeito genético aditivo direto utilizando os modelos BSC7474, BSQ5353, Leg4363 e análise multi-características mostraram a mesma tendência (Figura 3). Entretanto, para todos os pesos, as herdabilidades diretas obtidas com o modelo BSC7474 foram ligeiramente inferiores em relação à utilização dos demais modelos. As herdabilidades do efeito direto estimadas usando modelo multi-características variaram de 0,23 (para peso ao nascer) a 0,35 (para peso aos 5 e 6 anos de idade). Já as obtidas utilizando o modelo BSQ5353 mostram um acréscimo do nascimento (0,28) ao sobreano (0,38), mantendo-se praticamente constante até os 8 anos de idade (0,35). No Brasil, utilizando modelo de regressão aleatória sobre funções b-splines para pesos do nascimento aos oito anos de idade de fêmeas da raça Canchim, BALDI et al. (2010) observaram aumento nas estimativas de herdabilidade direta do nascimento aos 450 dias de idade; posteriormente, essas estimativas mostraram um pequeno decréscimo e, tornaram-se praticamente constantes a partir dos 3 anos de idade.

No presente estudo, as herdabilidades diretas estimadas em todas as idades apresentaram valores superiores com a utilização do modelo BSQ5353 em

relação ao modelo multi-características. Utilizando modelos de regressão aleatória sobre funções b-splines, MEYER (2005b) descreveu herdabilidades direta superiores às obtidas em análises uni-característica, principalmente para pesos obtidos da desmama aos 365 dias de idade. Por outro lado, IWASAKI et al. (2005) relataram estimativas de herdabilidade direta superiores em análise multi-características para pesos ao nascer, desmama e ao ano (0,52; 0,36 e 0,59, respectivamente), em relação à utilização de função splines linear, as quais foram de 0,51 (peso ao nascer); 0,28 (peso à desmama) e 0,48 (peso ao ano).

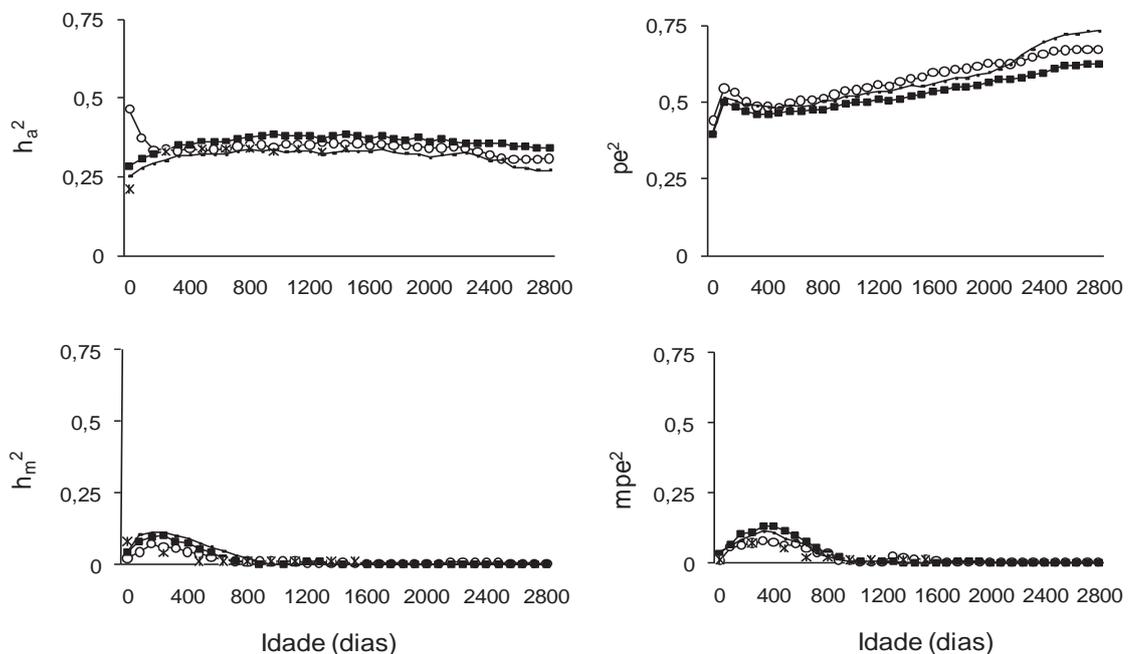


Figura 3 - Estimativas de herdabilidade direta (h_a^2), herdabilidade materna (h_m^2), estimativa da variância de ambiente permanente de animal (pe^2) e materno (mpe^2) como proporção da variância fenotípica total obtidas com os modelos BSC7474 (-), BSQ5353 (■), Leg4363 (○) e por análise multi-características (⋈)

Com exceção do final do período estudado, as estimativas de variâncias de ambiente permanente de animal como proporção das variâncias fenotípicas totais

foram semelhantes quando foi utilizado o modelo de regressão aleatória sobre funções b-splines (BSC7474 e BSQ5353) e considerando polinômios de Legendre (Leg4363) (Figura 3). Para pesos obtidos a partir dos cinco anos de idade, o modelo BSC7474 mostrou um pequeno aumento nas variâncias de ambiente permanente de animal como proporção das variâncias fenotípicas. Com a utilização do modelo BSQ5353, as variâncias de ambiente permanente de animal como proporção das variâncias fenotípicas aumentaram do nascimento (0,39) até próximo aos 120 dias de idade (0,50), apresentando pequena redução até em torno dos 300 dias de idade e posteriormente, tenderam a aumentar levemente até o final. De modo semelhante, BALDI et al. (2010) relataram incremento na variância de ambiente permanente de animal como proporção da variância fenotípica no final do período estudado. Entretanto, diferente do observado no presente estudo, maiores oscilações no início do período estudado foram descritas pelo autor. De acordo com MEYER (2005b), para modelar a trajetória do crescimento em gado de corte, as funções b-splines são menos susceptíveis à problemas de estimação de componentes de variância nos extremos da curva, sobretudo para o efeito de ambiente permanente de animal, em relação ao uso de polinômios ortogonais.

Para o peso ao nascimento, as herdabilidades materna estimadas por meio de modelos de regressão aleatória empregando funções b-splines ou polinômios de Legendre foram inferiores à obtida pela análise multi-características (Figura 3). Após o nascimento, as herdabilidades maternas obtidas por meio de modelos de regressão aleatória sobre funções b-splines (BSC7474 e BSQ5353) aumentaram até próximo a desmama (240 dias de idade), diminuindo posteriormente, atingindo valores praticamente nulos a partir dos 365 dias de idade. Diferente do observado nesse estudo, MEYER (2005b) e IWASAKI et al. (2005) relataram valores de herdabilidade genética materna inferiores com a utilização de funções splines em relação às obtidas utilizando modelo de dimensão finita (análises uni e multi-características).

As estimativas da variância de ambiente permanente materna como proporção da variância fenotípica estimadas com modelos de regressão aleatória sobre funções b-splines seguiram a mesma tendência das obtidas na análise multi-características (Figura 3). Já as estimativas obtidas utilizando modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre foram, no geral, inferiores e próximas a zero. Usando modelos de regressão aleatória ajustando funções b-spline, MEYER (2005b) reportou menores estimativas de variância de ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica em relação às obtidas com modelos de dimensão finita.

As estimativas de correlações genéticas direta e materna entre pesos do nascimento à idade adulta obtidas com ambos os modelos ajustando funções b-spline foram semelhantes. Assim, apenas as correlações genéticas direta e materna obtidas com o modelo BSQ5353 são apresentadas na Tabela 2. As estimativas de correlação genética decresceram com o aumento da distância entre os pesos. As correlações genéticas diretas obtidas foram superiores a 0,5 na maior parte das idades. Esses resultados sugerem que, a seleção para pesos em qualquer idade deve alterar o peso adulto de fêmeas na mesma direção. Dessa forma, o peso adulto estaria sujeito a aumentos acentuados, como resposta à seleção para maiores pesos em idades mais jovens, como à desmama e ao sobreano, pois essas características geralmente recebem maior peso nos índices de seleção utilizados para bovinos de corte no Brasil.

Utilizando informações de pesos do nascimento aos 365 dias de idade de animais da raça Gelbvieh, IWASAKI et al. (2005) relataram correlações genéticas diretas semelhantes quando utilizada análise multi-características e de regressão aleatória sobre funções splines. Entretanto, as correlações estimadas entre todos os pesos foram inferiores às obtidas no presente estudo. No Brasil, utilizando funções b-splines, BALDI et al. (2010) também relataram maiores correlações genéticas diretas entre pesos adjacentes e, no geral, as correlações estimadas entre os pesos do nascimento aos 8 anos de idade de fêmeas foram semelhantes aos valores relatados nesse estudo.

Utilizando funções b-splines para pesos do nascimento aos 820 dias de idade, MEYER (2005b) relatou pequenas oscilações nos valores das correlações genética direta e de ambiente permanente direto nas idades em que foram inseridos os nós. Segundo IWASAKI et al. (2005), os modelos de regressão aleatória sobre funções splines permitem obter estimativas de parâmetros genéticos com trajetórias mais suaves, em razão do melhor ajuste, principalmente em idades com menor número de observações.

As estimativas de correlação genética materna foram altas entre pesos do nascimento aos 365 dias de idade, variando de 0,61 a 0,84. As estimativas obtidas entre pesos após os 365 dias de idade até o final do período estudado também apresentaram de moderada a alta magnitudes (Tabela 2).

Em geral, os valores de correlações genética materna sugerem que efeitos maternos nas idades iniciais sejam controlados pelos mesmos genes. Usando funções b-splines, BALDI et al. (2010) relataram maiores correlações genéticas maternas, principalmente entre pesos obtidos a partir da desmama, as quais foram 0,99. Por outro lado, ALBUQUERQUE & MEYER (2001), utilizando modelo de regressão aleatória ajustando polinômios de Legendre, estimaram baixas estimativas de correlações genética materna entre peso ao nascer com pesos obtidos da desmama aos 550 dias de idade, porém, estimativas altas entre essas outras idades padrão (de 240 aos 550 dias).

Para ambos os modelos de regressão aleatória ajustando funções b-spline (BSC7474 e BSQ5353), as correlações de ambiente permanente de animal decresceram quanto maior a distância em tempo entre os pesos, sendo menores entre os pesos ao nascer e a partir dos 730 dias de idade (resultados não mostrados). Altas estimativas de correlações de ambiente permanente direto foram obtidas entre pesos do nascimento aos 540 dias de idade e dos 730 dias de idade até o final do período estudado. As correlações de ambiente permanente materno obtidas entre o peso ao nascer e demais pesos variaram de média a alta magnitude, sendo maiores entre as idades finais.

Tabela 2 - Estimativas de correlações genética aditiva direta (acima da diagonal) e materna (abaixo da diagonal) para pesos do nascimento à idade adulta, para o modelo BSQ5353

Pesos	PN	P120	P240	P365	P540	P730	P1095	P1460	P1825	P2190	P2555	P2920
PN	-	0,78	0,70	0,69	0,56	0,56	0,43	0,48	0,43	0,38	0,32	0,34
P120	0,79	-	0,83	0,60	0,56	0,62	0,54	0,50	0,52	0,53	0,49	0,43
P240	0,72	0,73	-	0,82	0,62	0,60	0,61	0,57	0,55	0,52	0,45	0,47
P365	0,61	0,74	0,84	-	0,87	0,76	0,70	0,61	0,62	0,63	0,50	0,52
P540	0,50	0,54	0,66	0,78	-	0,89	0,74	0,60	0,65	0,60	0,64	0,63
P730	0,40	0,50	0,54	0,71	0,79	-	0,80	0,60	0,61	0,63	0,67	0,57
P1095	0,41	0,48	0,44	0,58	0,69	0,82	-	0,81	0,76	0,77	0,67	0,60
P1460	0,34	0,31	0,33	0,49	0,57	0,57	0,81	-	0,80	0,78	0,69	0,62
P1825	0,29	0,24	0,32	0,50	0,55	0,49	0,79	0,83	-	0,77	0,87	0,89
P2190	0,21	0,26	0,29	0,54	0,57	0,55	0,77	0,71	0,82	-	0,95	0,90
P2555	0,20	0,22	0,20	0,39	0,52	0,57	0,67	0,74	0,72	0,93	-	0,92
P2920	0,21	0,18	0,20	0,35	0,50	0,50	0,69	0,63	0,88	0,94	0,97	-

peso ao nascer (PN), aos 120 (P120), 240 (P240), 365 (P365), 540 (P540), 730 (P730), 1095 (P1095), 1460 (P1460), 1825 (P1825), 2190 (P2190), 2555 (P2555) e aos 2920 (P2920) dias de idade

As três principais autofunções para o efeito genético aditivo direto obtidas com o modelo BSQ5353 são apresentadas na Figura 4. Os três autovalores principais da matriz de coeficientes para o efeito genético aditivo direto foram responsáveis por 98,7% da variação genética aditiva direta total, sendo o primeiro e segundo autovalor responsável por 59,22% dessa variação. A primeira e a segunda autofunção foram positivas em toda a trajetória, indicando que a seleção com base nessas autofunções irá afetar, na mesma direção, os pesos em todas as idades. A terceira autofunção foi negativa dos 60 aos 300 dias de idade, sendo positiva no restante do período. A mudança de sinal indica que a seleção sobre este componente terá efeitos contrários no início e final da trajetória. Entretanto, a possibilidade de mudança genética por seleção sobre o mesmo é pequena, uma vez que este foi responsável por apenas 5,38% da variância genética aditiva. Esses resultados assemelham-se aos descritos por BALDI et al. (2010) para pesos do nascimento aos 8 anos de idade de fêmeas da raça Canchim.

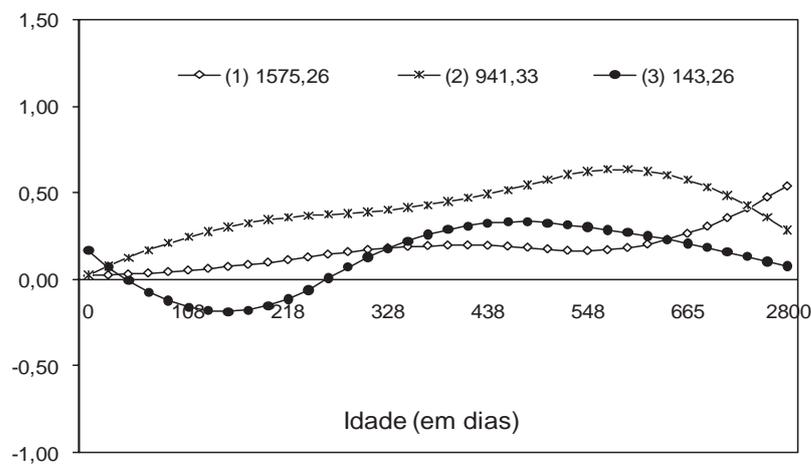


Figura 4 - Autofunções (1, 2 e 3) estimadas para o efeito genético aditivo direto e seus respectivos autovalores (1575,26; 941,33 e 143,26), obtidas com o modelo BSQ5353 (ordens de ajuste 5 para o efeito genético direto e de ambiente permanente do animal e 3 para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno, com 5 classes de variâncias residuais).

Utilizando pesos de fêmeas da raça Angus a partir dos 365 dias de idade, MEYER (2005c) relatou maior flutuação na trajetória das duas primeiras autofunções em modelos com maior número de segmentos ou nós. Segundo MEYER (2005b), as autofunções para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente direto obtidas por modelos de regressão aleatória sobre funções b-splines foram mais consistentes ou regulares em relação àquelas obtidas sobre polinômios de Legendre, em razão do melhor ajuste das funções b-splines.

Os modelos de regressão aleatória ajustando função b-spline quadrática como função base ajustou os dados de forma similar à utilização de polinômios de Legendre, porém foi necessário um maior número de parâmetros. Entretanto, a convergência foi atingida de forma mais rápida com a utilização de funções b-splines em relação ao modelo com polinômio de Legendre.

Em avaliações genéticas com grandes conjuntos de dados e considerando um amplo período, quando os registros de peso são distribuídos aleatoriamente ao longo das idades e a maioria dos animais apresentam poucas informações de peso, a utilização de modelos de regressão aleatória utilizando funções b-splines pode ser ainda mais vantajosa em comparação com a utilização de polinômios de Legendre. Com as funções b-splines, as equações dos modelos mistos são esparsas e assim, os requisitos computacionais são menores e a convergência é alcançada de forma mais rápida. Um modelo ajustando funções b-splines quadráticas, com quatro nós e três segmentos para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal e dois nós para o efeito genético materno e de ambiente permanente materno foi mais parcimonioso, sendo capaz de descrever a estrutura de (co)variâncias do conjunto de dados de forma adequada.

Conclusões

Os modelos de regressão aleatória sobre funções b-splines atingiram a convergência de forma mais rápida em relação a utilização de polinômios de Legendre e propiciaram descrição da trajetória das variâncias e herdabilidades levemente superiores em relação aos polinômios de Legendre e análise multi-características.

A seleção com base em qualquer peso, mesmo em idades jovens como à desmama e ao sobreano deve ser realizada levando em conta que esses rebanhos estariam sujeitos a um aumento no peso ao nascer e adulto das fêmeas.

Existe pouca possibilidade para modificar a curva de crescimento em bovinos da raça Nelore, visando selecionar animais de rápido crescimento em idades jovens, mantendo o peso adulto constante.

Referências Bibliográficas

ALBUQUERQUE, L.G., MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001.

ARANGO J.A., CUNDIFF L.V., VAN VLECK L.D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.

BALDI, F.S., ALENCAR, M.M., ALBUQUERQUE, L.G. Random regression analyses using B-splines functions to model growth from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.127, p.433-441, 2010.

BOLIGON, A.A., MERCADANTE, M.E.Z., FORNI, S., LOBO, R.B., ALBUQUERQUE, L.G. Covariance functions for weights from birth to maturity in Nelore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 2010.

- IWAISAKI, H., TSURUTA, S., MISZTAL, I., BERTRAND, J.K. Genetic parameters estimated with multi-trait and linear splines-random regression models using Gelbvieh early growth data. **Journal of Animal Science**, v.83, p.499-506, 2005.
- JENKINS, T.G., FERRELL, C.L. Productivity through weaning of nine breeds of cattle under varying feed availabilities: I. Initial evaluation. **Journal of Animal Science**, v.72, p.2787-2797, 1994.
- MARX, B.D.; EILERS, P.H.C. Direct generalized additive modelling with penalized likelihood. **Computational Statistic & Data Analysis**, v.28, p.193-209, 1998.
- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for post weaning growth and mature weight of beef cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116, p.181-205, 1999.
- 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. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MEYER, K. Estimates of genetic covariance functions for growth of Angus cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.73-85, 2005a.
- MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.473-500, 2005b.
- MEYER, K. Advances in methodology for random regression analyses. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v.45, p.847-859, 2005c.
- MEYER, K. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. **Proceedings... 8th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production**. Communication No. 27-14. 2006.
- NEPHAWE K.A. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. **South African Journal of Animal Science**, v.34, n.3, p.166-173, 2004.

NOBRE P.R.C., MISZTAL I., TSURUTA S., BERTRAND J.K., SILVA L.O.C., LOPES P.S. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003.

RICE J.A., WU C.O. **Nonparametric mixed effects models for unequally sampled noisy curves**. *Biometrics* 57, p.253–259, 2001.

RUPPERT D., WAND M.P., CARROLL R.J. **Semiparametric Regression**, Cambridge University Press, New York, 2003.

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 (co)variâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.864-874, 2003.

SÁNCHEZ, J.P., MISZTAL, I., AGUILAR, I., BERTRAND, J. K. Genetic evaluation of growth in a multibreed beef cattle population using random regression-linear splines models. **Journal of Animal Science**, v. 86, p.267-277, 2008.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. *Annals of Statistics*. V.6, p.461-464, 1978.

TIER, B., MEYER, K. Approximating prediction error covariances among additive genetic effects within animals in multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.121, p.77-89, 2004.

CAPÍTULO 4 - ACURÁCIA DOS VALORES GENÉTICOS PREDITOS DE PESOS DO NASCIMENTO À IDADE ADULTA DE FÊMEAS DA RAÇA NELORE UTILIZANDO DIFERENTES MODELOS

RESUMO- O presente estudo foi desenvolvido com o objetivo de prever valores genéticos e acurácias de pesos do nascimento à idade adulta, preditos com modelo multi-características considerando nove pesos (MC), modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre (MRA-PL) e ajustando funções b-splines (MRA-Spline). Inicialmente, as análises de regressão aleatória foram realizadas considerando todos os pesos de fêmeas disponíveis do nascimento aos oito anos de idade. A partir desse arquivo de dados (arquivo I), um segundo arquivo foi obtido, contendo informações de pesos de fêmeas em idades-padrão (peso ao nascer, desmama, ano, sobreano e aos 2, 3, 4, 5 e 6 anos de idade). Nesse segundo arquivo (arquivo II) foram realizadas análises utilizando MC, MRA-PL e MRA-Spline. Foram utilizados 81.712 pesos de 8.144 fêmeas da raça Nelore, obtidos do nascimento aos oito anos de idade. Todos os modelos incluíram o efeito de grupo contemporâneo como fixo e a idade da mãe (efeitos linear e quadrático) como covariável. As análises de regressão aleatória foram realizadas utilizando polinômio ortogonal de Legendre de quarta ordem para modelar as tendências da média populacional e cinco classes de variâncias residuais. Na análise de MRA-PL foram utilizados polinômios de quarta e sexta ordens para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal, respectivamente, e de terceira ordem para os efeitos genético materno e ambiente permanente materno. No modelo MRA-Spline, foram considerados três segmentos ou cinco coeficientes para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal e, um segmento ou três coeficientes para os efeitos genético materno e ambiente permanente materno. Comparações dos valores genéticos preditos considerando todas as informações de pesos disponíveis (arquivo I) e utilizando apenas pesos em idades-padrão (arquivo II) mostram diferenças importantes na classificação dos animais. Ganhos médios em acurácia

associados aos valores genéticos obtidos com MRA em relação a análises MC variaram de 22 a 33% (arquivo I) e de 4 a 14% (arquivo II), sendo maiores para pesos com um menor número de medidas. As acurácias associadas aos valores genéticos obtidas utilizando MRA-Spline foram ligeiramente superiores às obtidas no MRA-PL, sugerindo que as funções b-spline podem ser utilizadas como alternativa aos polinômios de Legendre para modelar funções de (co)variância para pesos do nascimento à maturidade de fêmeas da raça Nelore.

Palavras-chave: correlação de posto, funções b-spline, modelo multivariadas, polinômios de Legendre, modelos de regressão aleatória, parâmetros genéticos

Introdução

Em bovinos de corte, os valores genéticos preditos para as características de crescimento geralmente são obtidos utilizando modelos de dimensão finita por meio de análises multi-características (MC). Com esses modelos, as medidas de pesos são ajustadas às idades-padrão, excluindo das análises os pesos que se encontram fora do intervalo de idades pré-estabelecidas. Atualmente, os modelos de regressão aleatória (MRA) podem ser utilizados para a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos de características de crescimento em bovinos de corte. Com a utilização de MRA é possível prever valores genéticos para pesos em qualquer idade disponível, diferente da utilização de modelos de dimensão finita, com os quais é possível prever valores genéticos somente de pesos obtidos em idades pontuais, às quais os pesos foram ajustados (MEYER, 2004).

Recentemente, as funções splines têm sido propostas como funções alternativas aos polinômios ortogonais para modelagem da trajetória de crescimento de bovinos de corte. MEYER (2005) reportou que os MRA ajustando funções b-splines foram menos susceptíveis a problemas frequentemente observados com polinômios ortogonais. Além disso, aplicando funções b-splines menores requerimentos computacionais são necessários em relação à utilização de análises correspondentes com o mesmo número de coeficientes, porém usando polinômios de Legendre (MEYER, 2005; MISZTAL, 2006).

As acurácias associadas aos valores genéticos são preditas visando determinar o risco associado às decisões de seleção. As acurácias são baseadas na quantidade e qualidade dos dados usados para prever o valor genético dos animais. Utilizando medidas de peso adulto de fêmeas da raça Nelore, BOLIGON et al. (2008) relataram que maiores valores de acurácias associadas aos valores genéticos foram obtidos com a utilização de modelos de repetibilidade. Existem evidências que os MRA promovem predições de valores genéticos com maiores acurácias em relação aos modelos de dimensão finita convencionais, uma vez que, com os MRA todas as medidas disponíveis de cada animal podem ser

utilizadas na avaliação genética (MEYER, 2004; BOHMANOVA et al., 2005). Entretanto, não foram encontrados na literatura estudos comparando acurácias associadas aos valores genéticos preditos com MRA e modelos de dimensão finita utilizando dados reais. Com a utilização de dados reais, principalmente em situações em que as medidas de peso apresentam-se em intervalos irregulares, esperam-se maiores diferenças nos resultados obtidos utilizando os diferentes modelos (MRA e MC).

A seleção considerando características de interesse econômico tem sido responsável por mudanças importantes na produção de bovinos de corte no Brasil. A taxa de crescimento e o tamanho adulto dos animais têm aumentado nos últimos anos como resultado da seleção para características de crescimentos em idades jovens (MERCADANTE et al., 2003). Criadores e pesquisadores têm debatido se o peso adulto das fêmeas já atingiu valores extremos. Um consenso sobre esse fato é que a energia de manutenção das vacas é o maior custo no sistema de produção de bovinos de corte (FERRELL & JENKINS, 1985). Dessa forma, torna-se importante adequar o peso adulto dos animais em relação às condições ambientais, de manejo e alimentação. Esse fato é de fundamental importância principalmente em sistemas de produção desenvolvidos no Brasil, onde o rebanho de vacas é mantido a pasto.

A seleção para manter ou diminuir o peso adulto das fêmeas e para aumentar o peso dos animais à desmama e ao abate, requer valores genéticos precisos e acurados para os pesos em diferentes idades. Entretanto, existem algumas dificuldades em incorporar as medidas de peso adulto em avaliações genéticas, principalmente devido à escassez de medidas obtidas a partir dos dois anos de idades. Além disso, não existe um consenso sobre qual a melhor idade para se avaliar o peso adulto.

Como os MRA oferecem muitas vantagens em relação aos modelos de dimensão finita tradicionais, torna-se crucial estudos visando implementá-los em programas de avaliações genéticas. Até o momento, pouco se sabe se os valores

genéticos preditos com a utilização de MRA ajustando funções b-splines são mais precisos em relação a utilização de polinômios de Legendre.

Esse estudo foi desenvolvido com o objetivo de quantificar o potencial aumento em acurácia associada aos valores genéticos para pesos de animais da raça Nelore, obtidos do nascimento à idade adulta, empregando-se modelos multi-características, de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre e ajustando funções b-spline.

Material e Métodos

Dados

Os dados utilizados neste trabalho pertencem a oito fazendas participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN). Do conjunto original de pesos, foram mantidos dados de fêmeas criadas a pasto, sem suplementação alimentar e que foram amamentadas por suas mães biológicas. As fêmeas nasceram após 1976 e eram filhas de vacas com idade entre 2 e 24 anos. Os nascimentos ocorreram durante o ano todo, com maior concentração na primavera e no verão. Os animais eram submetidos a pesagens a cada 90 dias, do nascimento ao sobreano e, aqueles que permaneceram nos rebanhos como reprodutores continuaram sendo pesados rotineiramente nesse intervalo.

As análises de regressão aleatória (MRA-PL e MRA-Spline) foram realizadas considerando todos os pesos de fêmeas disponíveis do nascimento aos oito anos de idade. A partir desse arquivo de dados (arquivo I), um segundo arquivo foi obtido, contendo informações de pesos de fêmeas em idades-padrão (peso ao nascer, desmama, ano, sobreano e aos 2, 3, 4, 5 e 6 anos de idade). Nesse segundo arquivo (arquivo II), foram realizadas análises utilizando modelos multi-características (MC) e de regressão aleatória (MRA-PL e MRA-Spline). Em todas as análises, foi utilizado um arquivo de genealogia contendo identificação do animal, pai e mãe, totalizando 12.596 animais na matriz de parentesco. O resumo da estrutura dos arquivos utilizados nas análises é apresentado na Tabela 1.

Tabela 1 - Resumo da estrutura dos dados no arquivo considerando todas as informações de pesos disponíveis (Arquivo I) e considerando apenas medidas de pesos em idades-padrão (Arquivo II)

Análises	Arquivo I	Arquivo II
Número total de animais		12.596
Número de touros		530
Número de vacas		2.978
Número de animais com medidas	8.144	8.026
Número de animais com até 4 medidas	0	5.744
Número de animais com 5 medidas	813	1.389
Número de animais com 6 medidas	2.133	577
Número de animais com mais de 6 medidas	5.198	416

A distribuição das medidas de pesos obtidos em diferentes idades nos arquivos I e II é mostrada na Figura 1. Observa-se decréscimo acentuado no número de animais a partir dos 600 dias de idade, sugerindo haver seleção dos animais em idades jovens.

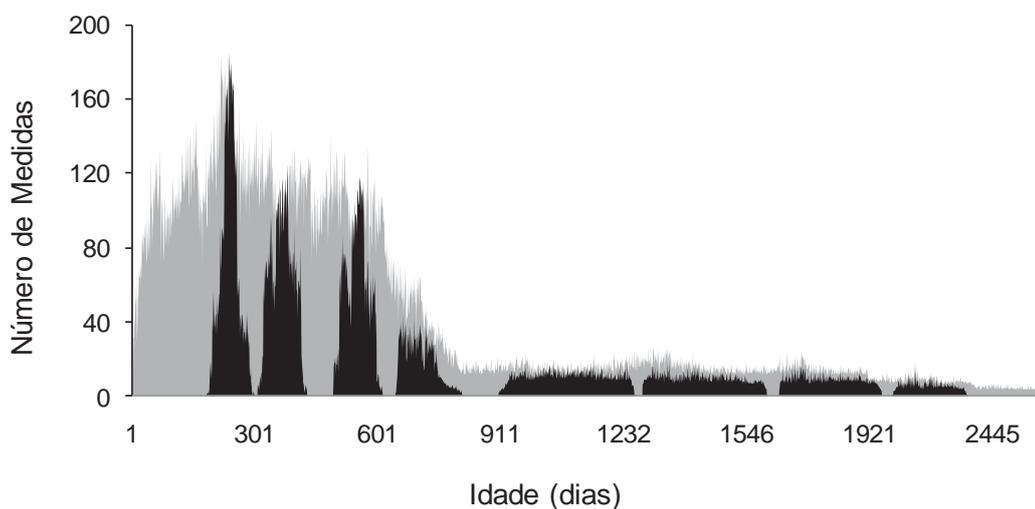


Figura 1 – Número de medidas de pesos de acordo com a idade. Arquivo I (cinza) e arquivo II (preto). Pesos ao nascer não mostrados.

Análises

Os valores genéticos e suas respectivas acurácias foram preditos considerando os seguintes modelos: MC: modelo multi-características utilizando nove pesos; MRA-PL: modelo de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre; MRA-Spline: modelo de regressão aleatória ajustando funções b-spline. No modelo MC foram utilizados os pesos ao nascer, desmama, ano, sobreano e aos 2, 3, 4, 5 e 6 anos de idade. Para todos os pesos foram considerados, como aleatórios, os efeitos genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente materno e residual. Foram considerados os efeitos fixos de grupo de contemporâneo - GC (rebanho, ano e estação de nascimento) e, os efeitos linear e quadrático da idade do animal na pesagem (exceto para peso ao nascer) e idade da mãe ao parto, como covariáveis. As (co)variâncias entre os efeitos genético aditivo direto e materno foram consideradas como zero.

As análises de regressão aleatória foram realizadas utilizando polinômio ortogonal de Legendre de quarta ordem para modelar as tendências da média populacional e cinco classes de variâncias residuais, agrupadas da seguinte forma: 0, 1-216, 217-660, 661-960, 961-2.889 dias de idade, respectivamente. Os GC foram constituídos por fazenda, ano e estação de nascimento e classes de idade à pesagem, garantindo que medidas de pesos obtidas com diferença superior a 45 dias não pertencessem ao mesmo GC. A partir de 3 anos de idade, os GC foram constituídos por fazenda, ano e estação de nascimento, ano e estação da pesagem. Foram considerados os efeitos fixos de GC e idade do animal dentro de classes de idade da mãe ao parto como covariável (efeitos linear e quadrático), uma vez que o peso do animal varia de acordo com a idade da mãe ao parto. Para este efeito, foram utilizadas cinco classes de idade da vaca: 2-3, 4-5, 6-8, 9-11, 12-24 anos de idade.

Na análise de MRA-PL foram utilizados polinômios Legendre de quarta e sexta ordens para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal, respectivamente, e de terceira ordem para os efeitos genético materno e ambiente permanente materno. No modelo MRA-Spline, os efeitos aleatórios

foram modelados aplicando funções b-spline quadráticas. Os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal foram modelados considerando-se 4 nós (2 internos e 2 externos), dividindo a amplitude de idade dentro de intervalos equidistantes de 963 dias, ou seja, com 3 segmentos quadráticos. Os efeitos genético materno e ambiente permanente materno foram modelados com 2 nós externos (apenas um segmento). Para maiores detalhes veja BOLIGON et al. (2010).

Os componentes de (co)variância foram estimados pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando o programa WOMBAT (MEYER, 2006). Para comparar as predições obtidas nas diferentes análises, foram estimadas as correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para os pesos obtidos do nascimento à idade adulta nos modelos estudados (MC, MRA-PL e MRA-Spline).

Acurácia Estimada

No modelo MC, as acurácias associadas aos valores genéticos de pesos do nascimento à maturidade foram calculadas utilizando as variâncias do erro de predição, obtidas a partir dos elementos da diagonal da inversa da matriz do efeito genético aditivo direto, nas equações dos modelos mistos. Para os MRA, o bloco diagonal de cada conjunto de coeficientes de regressão aleatória proporciona a estimativa das variâncias e (co)variâncias do erro de predição entre os coeficientes para cada animal (MEYER, 2004). Uma vez obtidas as variâncias e (co)variâncias do erro de predição para os coeficientes de regressão aleatória do efeito genético aditivo direto, os valores genéticos e a variância do erro de predição dos valores genéticos para cada idade foram obtidas por meio da utilização das funções polinomiais de idade usando os coeficientes de regressão aleatória preditos e as variâncias e (co)variâncias do erro de predição. Finalmente, para MC e ambos os MRA, as acurácias associadas aos valores genéticos de pesos do nascimento à maturidade foram obtidas utilizando a seguinte fórmula (MEYER, 2004): $\sqrt{(1 - PEV_i / Var_i)}$, em que a PEV_i corresponde a variância do

erro de predição dos valores genéticos na idade i e a Var_i é a variância genética de medidas de pesos na idade i . Isso foi realizado para cada animal presente na matriz de parentesco.

Resultados e Discussão

No arquivo I, as estimativas de herdabilidade obtidas utilizando ambos os MRA foram semelhantes. Em geral, utilizando o arquivo II, as herdabilidades estimadas para pesos obtidos da desmama aos 2 anos de idade, obtidas com modelos MC, MRA-PL e MRA-Spline foram similares. Entretanto, as herdabilidades estimadas para peso ao nascer e pesos obtidos a partir dos 3 anos de idade obtidas utilizando o modelo MC foram ligeiramente inferiores em relação às obtidas em ambos os MRA. Para todos os pesos, as herdabilidades estimadas no arquivo I foram levemente superiores em relação às estimadas no arquivo II (resultados não mostrados).

Nos dois arquivos estudados, as médias dos valores genéticos preditos com os modelos MRA-PL e MRA-Spline para pesos da desmama à idade adulta foram maiores em relação ao modelo MC (Tabela 2). Essas diferenças provavelmente ocorreram devido a maior herdabilidade estimada e melhor ajuste dos dados quando se utiliza MRA. Utilizando medidas de pesos compreendidos entre o nascimento e o sobreano de animais da raça Nelore, ALBUQUERQUE & EL FARO (2008) relataram maiores médias de valores genéticos preditos para os modelos bi-características em relação ao MRA.

Tabela 2 - Médias e respectivos desvios-padrão (DP), mínimos (Mín.) e máximos (Máx.) dos valores genéticos preditos para pesos do nascimento à maturidade de fêmeas da raça Nelore usando diferentes modelos

Características ¹	Arquivo I					
	MRA-PL			MRA-Spline		
	Médias±DP	Mín.	Máx.	Médias±DP	Mín.	Máx.
PN	0,38 ± 1,09	-4,15	5,21	0,36 ± 1,12	-4,18	5,30
P240	1,39±2,04	-7,84	14,97	1,41±2,09	-7,67	15,01
P365	2,17±2,57	-8,58	22,54	2,11±2,42	-8,33	21,89
P550	3,98±3,02	-8,22	33,56	3,77±2,94	-7,97	32,90
P2A	5,28±6,81	-12,27	41,68	5,19±6,64	-12,08	41,05
P3A	4,34±5,99	-10,18	39,87	4,57±5,63	-9,37	39,24
P4A	7,08±12,24	-22,57	43,09	6,88±11,45	-20,87	44,17
P5A	6,14±10,26	-20,09	44,28	6,24±10,31	-20,19	44,55
P6A	6,57±9,87	-23,01	43,69	6,99±10,02	-23,26	43,57

Características ¹	Arquivo II								
	MC			MRA-PL			MRA-Spline		
	Médias±DP	Mín.	Máx.	Médias±DP	Mín.	Máx.	Médias±DP	Mín.	Máx.
PN	0,24±1,09	-4,74	5,37	0,37±1,24	-4,21	5,45	0,35 ± 1,10	-4,11	5,34
P240	1,04±2,19	-8,01	15,22	1,33±2,05	-7,98	15,03	1,36±2,11	-7,72	14,89
P365	1,98±2,82	-8,87	23,19	2,09±2,37	-8,21	22,71	2,01±2,39	-8,41	21,09
P550	3,08±3,27	-8,36	34,07	3,43±2,78	-7,09	32,07	3,03±2,65	-7,19	33,04
P2A	3,99±7,25	-11,55	42,09	5,26±6,89	-12,21	42,24	5,29±6,33	-12,32	40,34
P3A	4,20±6,11	-10,58	41,32	4,37±5,61	-10,22	38,12	4,30±5,04	-10,01	37,38
P4A	5,85±13,08	-24,06	43,51	6,39±10,87	-20,46	40,81	6,04±10,70	-19,09	43,98
P5A	4,78±12,07	-24,74	46,24	5,46±09,72	-19,33	40,19	5,98±10,08	-20,39	40,23
P6A	5,04±11,25	-25,41	45,03	6,08±9,22	-22,43	41,07	6,51±09,76	-22,54	42,69

¹ PN: peso ao nascer; P240: peso à desmama; P365: peso ao ano; P550: peso ao sobreano; P2A, P3A, P4A, P5A e P6A: peso aos dois, três, quatro, cinco e seis anos de idade, respectivamente. MC: modelo multi-características utilizando nove pesos; MRA-PL: modelo de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre; MRA-Spline: modelo de regressão aleatória ajustando funções b-spline

No arquivo considerando todas as informações de peso disponíveis (arquivo I), as estimativas de correlação entre a classificação dos touros em ambos os MRA foram ligeiramente superiores (variando de 0,90 a 0,98) às obtidas com os mesmos modelos no arquivo II (variando de 0,87 a 0,96) (Tabela 3). No arquivo II, as correlações estimadas entre a classificação dos touros em função dos valores genéticos provenientes do modelo MC e de MRA variaram de 0,53 a 0,76. Por outro lado, para todos os pesos considerados, correlações de posto acima de 0,87 foram observadas entre os valores genéticos preditos utilizando MRA-PL e MRA-Spline. Esses resultados indicam que praticamente os mesmos touros seriam selecionados, independente do MRA utilizado nas avaliações genéticas.

Os resultados obtidos no presente estudo sugerem que a utilização do modelo MC levaria a seleção de animais diferentes em relação à utilização de MRA. Maiores diferenças na classificação dos animais em análises MC e de regressão aleatória são esperadas, uma vez que, com os modelos MC os pesos precisam ser ajustados para idades-padrão, o que não se faz necessário em MRA, pois a idade do animal está incluída na matriz de delineamentos (NOBRE et al., 2003). Além disso, os efeitos aleatórios podem ser melhor modelados com MRA (MEYER, 1998), o que pode ter contribuído para as diferenças observadas.

No presente estudo, as diferenças obtidas na classificação dos touros utilizando diferentes modelos foram mais evidentes para o peso ao nascer e pesos obtidos a partir dos três anos de idade, o que também pode ser decorrente de um menor número de observações disponíveis nessas idades. Para animais da raça Nelore, ALBUQUERQUE & EL FARO (2008) relataram correlações de posto para pesos do nascimento aos 550 dias de idade em análises MC e MRA-PL variando de 0,64 a 0,87 (considerando todos os animais) e 0,59 a 0,87 (considerando somente touros). Em pesquisa com um grande conjunto de dados de animais da raça Nelore (pesos do nascimento aos 733 dias de idade), NOBRE et al. (2003) relataram correlações entre os valores genéticos preditos em análises MC e MRA-PL superiores às encontradas no presente estudo, com valores variando de 0,80 a 0,89. Trabalhando com dados de animais da raça Gelbvieh, SÁNCHEZ et al.

(2008a) compararam valores genéticos preditos por análises multi-características (incluindo peso ao nascer, à desmama e ao ano) ou por MRA que ajustaram funções spline linear e indicaram pequenas mudanças na classificação dos touros com a inclusão de medidas extras de peso fora da amplitude de idades-padrão considerada.

Tabela 3 - Correlações de posto (Spearman) entre os valores genéticos preditos para o efeito genético aditivo direto de touros estimadas por análises multi-características (MC), modelos de regressão aleatória ajustando polinômios de Legendre (MRA-PL) e funções b-spline (MRA-Spline)

Características ¹	Arquivo I (530 touros)		Arquivo II (530 touros)		
	MRA-PL		MC	MC	MRA-PL
	x		x	x	x
	MRA-Spline		MRA-PL	MRA-Spline	MRA-Spline
PN	0,93		0,69	0,67	0,90
P240	0,94		0,72	0,71	0,91
P365	0,96		0,70	0,74	0,93
P550	0,98		0,74	0,76	0,96
P2A	0,96		0,69	0,70	0,94
P3A	0,95		0,62	0,63	0,92
P4A	0,94		0,64	0,62	0,90
P5A	0,91		0,55	0,56	0,89
P6A	0,90		0,53	0,50	0,87

¹ PN: peso ao nascer; P240: peso à desmama; P365: peso ao ano; P550: peso ao sobreano; P2A, P3A, P4A, P5A e P6A: peso aos dois, três, quatro, cinco e seis anos de idade, respectivamente.

Na Tabela 4 são mostradas as acurácias médias associadas aos valores genéticos preditos dos touros para pesos do nascimento à maturidade nos dois arquivos estudados. No arquivo considerando pesos em idades-padrão (arquivo II)

observam-se maiores acurácias associadas aos valores genéticos preditos para pesos na utilização de MRA ajustando diferentes funções em relação ao modelo MC. Esses resultados podem ser atribuídos a um melhor ajuste das variâncias e parâmetros genéticos para os pesos do nascimento à maturidade com a utilização de MRA (BOLIGON et al., 2010).

Quando foram incluídas todas as medidas de pesos disponíveis (arquivo I), consideravelmente maiores valores de acurácia foram obtidos nos MRA em relação ao modelo MC, sendo essas diferenças ainda maiores para pesos com um menor número de medidas (até 67%), tais como peso ao nascimento e pesos obtidos em idades mais avançadas. Dessa forma, os MRA resultaram em valores genéticos mais acurados devido a possibilidades de inclusão de todas as medidas de pesos disponíveis e a melhor modelagem da estrutura de (co)variância dos dados.

Utilizando dados simulados de pesos em quatro arquivos diferentes, BOHMANOVA et al. (2005) mostraram que as acurácias médias preditas utilizando modelo MC, MRA-PL e MRA-Spline foram semelhantes no arquivo considerando três pesos em idades-padrão (peso ao nascer, aos 205 e 365 dias de idade). Quando foram consideradas três medidas de pesos distribuídos em diferentes idades, as acurácias médias obtidas nos modelos de regressão aleatória (MRA-PL e MRA-Spline) foram praticamente as mesmas, entretanto, como esperado, menores valores médios de acurácias foram relatados no modelo MC. Além disso, os autores mostraram que com a utilização de cinco pesos em idades-padrão e cinco pesos distribuídos aleatoriamente, as acurácias aumentaram em relação aos arquivos considerando três medidas de pesos, comprovando ganhos em acurácias devido à inclusão de medidas adicionais nas análises.

Utilizando dados simulados e pesos de animais da raça Wokalup (peso ao nascer, peso aos 200, 400 e 600 dias de idade), MEYER (2004) relatou resultados semelhantes aos obtidos no presente estudo. Entretanto, comparando modelos

MRA e MC, o autor relatou acurácias médias associadas aos valores genéticos levemente superiores (até 8,3%) com o MRA.

Tabela 4 - Valores médios, mínimos (Min.) e máximos (Máx.) de acurácia associada aos valores genéticos de touros em análise multi-características (MC) e de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre (MRA-PL) e funções b-spline (MRA-Spline)

Arquivo I (530 touros)									
	MRA-LP			MRA-Spline					
	Média	Min.	Max.	Média	Min.	Max.			
PN	0,75	0,67	0,89	0,79	0,68	0,89			
P240	0,82	0,72	0,96	0,84	0,74	0,94			
P365	0,80	0,69	0,91	0,82	0,71	0,93			
P550	0,76	0,65	0,93	0,78	0,67	0,92			
P2A	0,72	0,67	0,92	0,73	0,66	0,94			
P3A	0,71	0,64	0,94	0,72	0,67	0,95			
P4A	0,80	0,73	0,95	0,82	0,72	0,94			
P5A	0,80	0,68	0,92	0,83	0,70	0,99			
P6A	0,78	0,64	0,90	0,81	0,68	0,96			

Arquivo II (530 touros)									
	MC			MRA-PL			MRA-Spline		
	Média	Min.	Max.	Média	Min.	Max.	Média	Min.	Max.
PN	0,51	0,30	0,71	0,57	0,44	0,70	0,61	0,50	0,78
P240	0,59	0,37	0,81	0,64	0,54	0,81	0,67	0,56	0,79
P365	0,58	0,35	0,76	0,62	0,53	0,76	0,64	0,56	0,78
P550	0,54	0,38	0,78	0,58	0,48	0,77	0,59	0,48	0,79
P2A	0,49	0,27	0,76	0,53	0,46	0,72	0,54	0,47	0,75
P3A	0,47	0,24	0,74	0,52	0,44	0,71	0,53	0,49	0,70
P4A	0,54	0,22	0,76	0,60	0,51	0,77	0,62	0,53	0,78
P5A	0,52	0,27	0,79	0,60	0,50	0,79	0,62	0,53	0,81
P6A	0,48	0,25	0,75	0,59	0,46	0,74	0,62	0,46	0,76

PN: peso ao nascer; P240: peso à desmama; P365: peso ao ano; P550: peso ao sobreano; P2A, P3A, P4A, P5A e P6A: peso aos dois, três, quatro, cinco e seis anos de idade, respectivamente.

Em ambos os arquivos estudados, as acurácias médias associadas aos valores genéticos preditos para pesos do nascimento à maturidade utilizando MRA-Spline foram iguais ou superiores aos preditos no MRA-PL (Tabela 4),

particularmente em idades extremas em que o MRA-Spline proporcionou acurácias variando de 5 a 15% maiores, sugerindo que MRA-Spline promoveu um melhor ajuste dos dados em relação ao MRA-LP, principalmente em idades que apresentavam um menor número de medidas de peso.

Segundo MEYER (2005), funções b-spline são menos susceptíveis a problemas de estimação obtidos geralmente em idades extremas, devido a possibilidade de utilizar polinômios de menores graus para ajustar os segmentos individuais. Esses resultados discordam dos obtidos por BOHMANOVA et al. (2005) e SÁNCHEZ et al. (2008b). Os primeiros autores usaram dados simulados de pesos do nascimento aos 410 dias de idade e relataram valores genéticos ligeiramente mais acurados com MRA-PL em relação à utilização do MRA-Spline. SÁNCHEZ et al. (2008b), trabalhando com pesos (ao nascer, à desmama e ao ano) de animais da raça Gelbvieh reportaram valores semelhantes de acurácia associada aos valores genéticos com a utilização de MRA ajustando polinômios de Legendre ou funções spline.

O ganho genético é dependente, entre outros fatores, da disponibilidade de valores genéticos acurados para animais jovens candidatos à seleção. Normalmente, os valores genéticos obtidos para características de crescimento de animais nenhuma informação de progênes apresentam baixas acurácias. No presente estudo, as acurácias associadas aos valores genéticos de animais jovens, sem informação de progênes, variaram de 0,76 a 0,79 com MRA (arquivo I) e de 0,61 a 0,66 com a utilização do modelo MC (arquivo II). Os resultados obtidos no presente estudo são ainda mais importantes para touros jovens com nenhuma ou pouca informação de progênie. Portanto, utilizando MRA, incluindo todas as informações de pesos disponíveis, pode-se mudar o nível de acurácia das predições dos valores genéticos de animais jovens em relação ao modelo MC, melhorando sensivelmente a acurácia de seleção e, conseqüentemente, aumentando o ganho genético. Semelhante ao obtido no presente estudo, considerando diferentes formas de incluir o peso adulto em avaliações genéticas, BOLIGON et al. (2008) mostraram que para jovens candidatos a touros (sem

informações de progênie), acurácias associadas aos valores genéticos preditos para o peso adulto da vaca variaram de 0,39 a 0,44 (considerando medida única de peso) e de 0,64 a 0,76 (considerando medidas repetidas de peso).

No Brasil, nos últimos anos têm se observado maior preocupação em relação ao aumento do tamanho adulto das fêmeas de corte. Dessa forma, visando selecionar animais para maiores pesos em idades jovens, mantendo constante o peso adulto, os valores genéticos preditos para pesos obtidos em idades mais avançadas poderiam ser incluídos nos índices de seleção. Como demonstrado nesse estudo, diferenças consideráveis nos valores genéticos e nos ganhos em acurácia de pesos de fêmeas em idades avançadas foram verificadas quando se utilizam MRA em relação ao modelo MC, indicando que a utilização de MRA em avaliação genética de bovinos de corte tende a ser mais vantajosa para pesos que geralmente apresentam um menor número de medidas, como é o caso do peso adulto.

Segundo BOHMANOVA et al. (2005), a implementação de modelos de regressão aleatória para pesos requer estudos para assegurar que problemas numéricos ou parâmetros imprecisos não diminuam a acurácia dos valores genéticos. No presente estudo, as acurácias associadas aos valores genéticos preditos utilizando modelos MC tradicionais e MRA apresentaram valores próximos quando existe número suficiente de medidas de pesos nas idades-padrão (Tabela 4). Caso contrário, ou seja, quando grande parte dos pesos não está distribuída em idades específicas, as acurácias associadas aos valores genéticos preditos utilizando modelos MC pode ser reduzida, o que não acontece com a utilização de modelos de regressão aleatória. Com a utilização desse último, a acurácia tende a aumentar à medida que pesos adicionais são incorporados nas análises, independente da idade em que os mesmos são medidos.

As acurácias associadas aos valores genéticos obtidos utilizando MRA-Spline foram iguais ou superiores às estimadas com MRA-PL. Segundo MEYER (2005), as funções b-spline são mais adequadas para descrever a estrutura de

(co)variância principalmente na extremidade dos dados em relação ao ajuste realizado com polinômios de Legendre. Provavelmente, as melhores propriedades das funções b-spline explicam as diferenças obtidas entre os dois modelos de regressão aleatória.

Conclusões

São esperadas diferenças de classificação dos animais quando os modelos de regressão aleatória são comparados ao método usual empregado em avaliações genéticas de bovinos de corte.

Maiores ganhos em acurácia associada aos valores genéticos devem ser obtidos com a utilização de modelos de regressão aleatória quando comparados às análises multi-características, principalmente para pesos com um menor número de medidas.

As funções b-spline podem ser utilizadas como alternativa aos polinômios de Legendre para modelar funções de (co)variância para pesos do nascimento à maturidade de fêmeas.

Referências Bibliográficas

ALBUQUERQUE, L.G., EL FARO, L. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.2, p.238-246, 2008.

BOHMANOVA J., MISZTAL, I., BERTRAND J.K. Studies on multiple trait and random regression models for genetic evaluation of beef cattle for growth. **Journal of Animal Science**, v.83, p.62-67, 2005.

- BOLIGON, A.A., ALBUQUERQUE, L.G., MERCADANTE, M.E.Z., LOBO, R.B. 2008. Models for genetic evaluation of Nelore cattle mature body weight. **Journal of Animal Science**, v.86, p.2840-2844, 2008.
- BOLIGON, A.A., MERCADANTE, M.E.Z., FORNI, S., LOBO, R.B., ALBUQUERQUE, L.G. Covariance functions for weights from birth to maturity in Nelore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 2010.
- FERRELL, C.L., JENKINS, T. G. Cow Type and the Nutritional Environment: Nutritional Aspects. **Journal of Animal Science**, v.61, 725-741, 1985.
- MERCADANTE, M.E.Z., PACKER, I.U., RAZOOK, A.G. Direct and correlated responses to selection for yearling weight on reproductive performance of Nelore cows. **Journal of Animal Science**, v.81, p.376-384, 2003.
- MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetic Selection Evolution**, v.30, p.221-240, 1998.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.473-500, 2005.
- MEYER, K. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. **Proceedings... 8th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production**. Communication No. 27-14. 2006.
- MISZTAL, I. Properties of random regression models using linear splines. **Journal of Animal Science**, v.123, n.74-80, 2006.
- NOBRE, P.R.C., MISZTAL, I., TSURUTA, S., BERTRAND, J.K., SILVA, L.O.C., LOPES, P.S. Genetic evaluation of growth in Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, n.4, p.927-932, 2003.

SÁNCHEZ, J.P., MISZTAL, I., BERTRAND, J.K. Genetic evaluation of growth in a multibreed beef cattle population using random regression-linear spline models. **Journal of Animal Science**, 86, 267-277, 2008a.

SÁNCHEZ, J.P., MISZTAL, I., BERTRAND, J.K. Evaluation of methods for computing approximate accuracies of predicted breeding values in maternal random regression models for growth traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.86, p.1057-1066, 2008b.

CAPÍTULO 5- CONSIDERAÇÕES FINAIS

A seleção de animais considerando pesos obtidos em idades jovens é uma prática comum adotada pelos programas de melhoramento genético de bovinos de corte. Entretanto, nos últimos anos têm se questionado sobre as consequências desse tipo de seleção em relação ao aumento do peso adulto das matrizes de corte. Dessa forma, em rebanhos que se deseja monitorar o tamanho adulto dos animais, medidas de pesos obtidas em idades mais avançadas, como o peso adulto, devem ser incluídas nos índices de seleção.

As estimativas de parâmetros genéticos para pesos do nascimento à idade adulta podem ser obtidas com a utilização de diferentes modelos, como multi-características e de regressão aleatória. Além desses, análises de fatores e de componentes principais também podem ser utilizadas visando reduzir o número de parâmetros a serem estimados. Foram obtidas estimativas de (co)variâncias semelhantes para pesos do nascimento à idade adulta utilizando modelos multi-características padrão e ao considerar somente três componentes principais para o efeito genético aditivo direto, indicando que a estrutura das (co)variâncias genéticas entre pesos do nascimento à idade adulta pode ser modelada considerando apenas três componentes principais, com a vantagem de reduzir o número de parâmetros nas análises.

Modelos de regressão aleatória ajustando funções b-splines podem ser utilizados visando reduzir os requerimentos computacionais necessários para as estimativas de (co)variâncias de pesos obtidos em diferentes idades. No presente estudo, os modelos de regressão aleatória sobre funções b-splines propiciaram descrição semelhante da trajetória das (co)variâncias e herdabilidades em relação à utilização de polinômios de Legendre e análise multi-características.

Até o momento, não existiam estudos comparando as acurácias associadas aos valores genéticos preditos para pesos do nascimento à idade adulta utilizando modelos multi-características e de regressão aleatória. Os resultados mostraram maiores acurácias associadas aos valores genéticos com a utilização de modelos

de regressão aleatória em relação ao modelo multi-características, principalmente para pesos com um menor número de observações.

Assim, o presente trabalho pode proporcionar subsídios importantes não apenas na análise dos dados e na adoção de modelos para pesos obtidos em diferentes idades, mas também, na indicação de alternativas para incluir pesos obtidos em idades mais avançadas em programas de melhoramento genético de gado de corte.