

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP**

**CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS  
DO NASCIMENTO AOS DOIS ANOS DE IDADE PARA  
BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN UTILIZANDO MODELOS DE  
REGRESSÃO ALEATÓRIA**

**Tássia Souza Bertipaglia**

Zootecnista

2013

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP**

**CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA  
PESOS DO NASCIMENTO AOS DOIS ANOS DE IDADE  
PARA BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN UTILIZANDO  
MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

**Tássia Souza Bertipaglia**

**Orientador: Prof. Dr. Ricardo da Fonseca**

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

**2013**

Bertipaglia, Tássia Souza  
B544e Estimativas de parâmetros genéticos para pesos do nascimento aos dois anos de idade para bovinos da raça Brahman utilizando modelos de regressão aleatória / Tássia Souza Bertipaglia. – Jaboticabal, 2013  
viii, 51p. ; 29 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2013  
Orientador: Ricardo da Fonseca  
Banca examinadora: Danísio Prado Munari, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante  
Bibliografia

1. Correlação genética. 2. Efeito materno. 3. Funções de covariância. 4. Herdabilidade. 5. Heradbilidade Materna. 6. Seleção I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.2:636.082

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



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

CAMPUS DE JABOTICABAL

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS DE JABOTICABAL

### CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

**TÍTULO:** ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS DO NASCIMENTO AOS DOIS ANOS DE IDADE PARA BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

**AUTORA:** TÁSSIA SOUZA BERTIPAGLIA

**ORIENTADOR:** Prof. Dr. RICARDO DA FONSECA

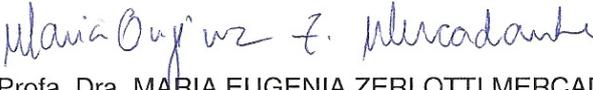
Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL , pela Comissão Examinadora:



Prof. Dr. RICARDO DA FONSECA  
Unidade Diferenciada de Dracena / Dracena/SP



Prof. Dr. DANÍSIO PRADO MUNARI  
Departamento de Ciências Exatas / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal



Profa. Dra. MARIA EUGENIA ZERLOTTI MERCADANTE  
Instituto de Zootecnia / Sertãozinho/SP

Data da realização: 31 de julho de 2013.

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

**TÁSSIA SOUZA BERTIPAGLIA** – filha de José Alipio Bertipaglia e Rosani Maria de Souza Bertipaglia, nascida em 11 de agosto de 1986, na cidade de Tupi Paulista – SP. Iniciou em agosto de 2006 o curso de graduação em Zootecnia na Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, UNESP, Campus de Dracena - SP, sendo bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, FAPESP, na iniciação científica sob orientação do Prof. Dr. Ricardo da Fonseca, obtendo o título de Zootecnista em julho de 2011. Em agosto de 2011 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 Coordenação de Aperfeiçoamento de Nível Superior, CAPES, sob orientação do Prof. Dr. Ricardo da Fonseca.

“Sabemos como é a vida: num dia dá tudo certo  
e no outro as coisas já não são tão perfeitas assim.  
Altos e baixos fazem parte da construção do nosso caráter.  
Afinal, cada momento, cada situação  
que enfrentamos em nossas trajetórias é um desafio,  
uma oportunidade única de aprender,  
de se tornar uma pessoa melhor.  
Só depende de nós, das nossas escolhas.  
Não sei se estou perto ou longe demais,  
se peguei o rumo certo ou errado.  
Sei apenas que sigo em frente,  
vivendo dias iguais de forma diferente.  
Já não caminho mais sozinho,  
levo comigo cada recordação, cada vivência, cada lição.  
E, mesmo que tudo não ande da forma que eu gostaria,  
saber que já não sou a mesma de ontem  
me faz perceber que valeu a pena.  
Procure ser uma pessoa de valor,  
em vez de procurar ser uma pessoa de sucesso.  
O sucesso é só consequência!”

Albert Einstein

Dedicatória

A todos aqueles que um dia confiaram em mim e no meu trabalho,  
A todos aqueles que torceram pela minha vitória,  
Rezaram e sonharam com este momento, assim como eu,

Dedico e ofereço

## AGRADECIMENTOS

Primeiramente, à Deus pelas vitórias concedidas, por realizar meus sonhos e por atender às minhas orações.

Aos meus pais, José Alipio e Rosani, que sempre apoiaram as minhas decisões, desde quando decidi fazer Zootecnia, Mestrado e Doutorado e que deram a oportunidade de estudar e fazer com que eu chegasse até aqui.

À irmã Camila que tanto torceu por mim e me apoiou nesta nova etapa da minha vida.

Ao meu marido Caique que sempre me ajudou e fez de tudo para que eu estudasse, sempre esteve ao meu lado, me incentivou em todo momento e não me deixou desanimar mesmo nos momentos mais difíceis.

Aos meus familiares e amigos que me aconselharam e vibraram por mim nas minhas vitórias.

Ao meu orientador Dr. Ricardo da Fonseca pela orientação, confiança no meu trabalho, pelos ensinamentos e paciência.

Aos professores da pós-graduação Dra. Lúcia Galvão de Albuquerque, Dr. João Ademir, Dr. Adhemar Sanches, Dr. Euclides Malheiros, Dr. Danisio Prado Munari, Dr. Anibal Eugênio Vercesi Filho e Dra. Sandra Aidar de Queiroz, pelos ensinamentos.

A minha amiga Dra. Arione Augusti Boligon que foi peça fundamental para este trabalho, que tanto me ajudou, mesmo estando longe, esclarecendo as minhas dúvidas com paciência e disponibilidade.

Ao Dr. Raul Aspilcueta Borquis que ministrou um mini curso de Regressão Aleatória à meu pedido e tirou todas as minhas dúvidas sempre com muita disponibilidade. À Msc. Matilde Pessoa pela ajuda essencial e esclarecimento de dúvidas.

Aos meus amigos do LuCCA-Z Michel Marques Farah, Orlando Duitama Carreño e Rafael Keith Ono, que contribuíram muito para este trabalho, à Michele Porto Pires, Adam Taiti, Patrícia Andrade, Ligia Cavani, Thamilis Menenez, Gabriela Rodrigues, Fraine Natacha Aléssio e à agregada Janaína Sá, muito obrigada pela ajuda a todo momento, pelo incentivo, pela amizade e companhia.

Aos membros da banca de qualificação Dra. Sandra Aidar de Queiroz e Dr. Fernando Sebastian Baldi Rey e aos membros da banca de defesa Dr. Danísio Prado Munari e Dra. Maria Eugênia Mercadante, que aceitaram participar da banca e pelas valiosas sugestões que ajudaram a melhorar o meu trabalho.

A Associação Brasileira de Criadores de Zebuínos (ABCZ) e funcionários por cederem os dados para as minhas análises e pela disponibilidade. Ao Lydio Cosac de Faria pelos esclarecimentos e disponibilidade para esclarecimento de dúvidas.

À UNESP, ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal, aos funcionários e à CAPES pela bolsa de estudos concedida e pela oportunidade que me proporcionaram de fazer o Mestrado.

Aos meus colegas de pós-graduação que foram ótimas companhias e pela amizade.

Aqueles que me ajudaram direta ou indiretamente, que Deus os abençoe e dê em dobro.

A todos vocês o meu agradecimento e a minha gratidão!

## SUMÁRIO

<b>CAPÍTULO 1 - REVISÃO DE LITERATURA .....</b>	<b>1</b>
<b>1 CONSIDERAÇÕES GERAIS .....</b>	<b>1</b>
<b>2 OBJETIVO GERAL .....</b>	<b>3</b>
<b>3 REVISÃO DE LITERATURA .....</b>	<b>3</b>
3.1 Panorama da pecuária de corte brasileira e a raça Brahman .....	3
3.2 Regressão Aleatória e Funções de Covariâncias .....	5
3.2.1 Polinômios de Legendre .....	9
3.2.2 Autofunções, autovalores e autovetores .....	11
3.2.3 Efeito materno .....	12
<b>4 PARÂMETROS GENÉTICOS .....</b>	<b>13</b>
4.1 Estimativas de herdabilidade direta .....	13
4.2 Estimativas de herdabilidade materna .....	15
4.3 Estimativas de correlações genéticas .....	17
<b>5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....</b>	<b>19</b>
<b>CAPÍTULO 2 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS DO NASCIMENTO AOS DOIS ANOS DE IDADE PARA BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA .....</b>	<b>24</b>
<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>24</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>26</b>
2.1 Caracterização dos dados .....	26
2.2 Análise de dados .....	28
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>33</b>
<b>4 CONCLUSÕES .....</b>	<b>48</b>
<b>5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....</b>	<b>49</b>

## **ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO DO NASCIMENTO AOS DOIS ANOS DE IDADE PARA BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

**RESUMO** – O objetivo deste trabalho foi estimar funções de covariância utilizando modelos de regressão aleatória para a análise de medidas repetidas de pesos de bovinos Brahman do Brasil. Parâmetros genéticos foram estimados para 88.788 registros de peso do nascimento aos 744 dias de idade de 17.499 animais provenientes do banco de dados da Associação Brasileira de Criadores de Zebuínos (ABCZ). Os modelos incluíram, como aleatórios, os efeitos genéticos aditivo direto e materno, e ambiente permanente do animal, como fixo o efeito de grupo contemporâneos, e como covariável a idade da vaca ao parto (quadrática) aninhada a classe de idade do animal. As análises de regressão aleatória foram realizadas utilizando polinômio ortogonal de Legendre de quarta ordem para modelar as tendências da média populacional. As variâncias residuais foram modeladas por uma função homogênea e com cinco níveis de classes de idade. Os modelos foram comparados pelos critérios de informação bayesiano de Schwarz (BIC) e Akaike (AIC). O melhor modelo indicado pelos critérios foi o que considerou o efeito genético aditivo direto ajustado por um polinômio quadrático, o efeito genético materno por cúbico, e o efeito de ambiente permanente do animal por cúbico, e a heterogeneidade de variâncias residuais (5 níveis) . As estimativas de herdabilidade para o efeito direto foram maiores ao início e ao final do período estudado, com valores de 0,47 ao nascimento, 0,38 aos 60 e 120 dias, 0,53 aos 205 dias, 0,70 aos 365 dias, 0,76 aos 550 e 0,52 aos 744 dias de idade. As estimativas de herdabilidade materna foram máximas ao nascimento (0,16). As correlações genéticas de maneira geral, exceto para pesos ao nascimento, variaram de moderadas a altas diminuindo conforme o aumento da distância entre as idades. Maior eficiência na seleção para peso pode ser obtida considerando os pesos próximos à desmama, período em que as estimativas de variância genética e herdabilidade foram crescentes.

**Palavras-chave:** correlação genética, efeito materno, funções de covariância, herdabilidade, herdabilidade materna, seleção

## **ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR WEIGHT OF BIRTH TO TWO YEARS OF AGE TO BREED BRAHMAN CATTLE USING REGRESSION MODELS RANDOM**

**ABSTRACT** - The objective of this study was to estimate covariance functions using random regression models for repeated measures analysis of weights of Brahman cattle in Brazil. Genetic parameters were estimated for 88,788 records from birth to 744 days of age of 17,499 animals from the database of the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ). The models included the random additive direct genetic effects and maternal permanent environment and the animal, as the fixed effect of contemporary group and the covariate age at calving (quadratic) nested class of the animal's age. Regression analyzes were performed using random orthogonal Legendre polynomials of fourth order to model trends in population mean. The residual variances were modeled by a homogeneous function with five levels and age classes. The models were compared by the information criteria Schwarz Bayesian (BIC) and Akaike (AIC). The best model indicated by what criteria was considered the direct genetic effect adjusted by a quadratic polynomial, the maternal genetic effect for cubic and permanent environmental effect of the animal by Cubic, and heterogeneity of residual variances (5 levels). Heritability estimates for direct effect were higher at the beginning and end of the study period, with values of 0.47 at birth, 0.38 at 60 and 120 days to 205 days 0.53, 0.70 at 365 days, 0.76 and 0.52 at 550 to 744 days of age. The maternal heritability estimates were maximal at birth (0.16). Genetic correlations in general, except for birth weights ranged from moderate to high decreases as the distance increases between the ages. Efficiency of selection for weight can be obtained by considering the weights near weaning period in which the estimates of genetic variance and heritability were growing.

**Keywords:** genetic correlations, maternal effects, covariance functions, heritability, maternal heritability, selection

## CAPÍTULO 1 - REVISÃO DE LITERATURA

### 1 Considerações Gerais

Programas de melhoramento genético para raças bovinas de corte têm priorizado a seleção para características de crescimento, como peso ou ganho em peso em determinadas idades, características de fácil obtenção e de herdabilidades de média a alta magnitudes, respondendo bem à seleção, o que resultará em progresso genético (BOLIGON et al., 2009; BERTIPAGLIA et al., 2012). Porém, rebanhos em que os animais são selecionados para maiores pesos em idades jovens estão sujeitos ao aumento no peso adulto das matrizes e a seleção com base nos pesos obtidos em idades jovens pode levar ao aumento do peso ao nascimento e, como consequência, elevar a incidência de partos distócicos (SOUSA JÚNIOR et al., 2010).

Nas últimas décadas tem se discutido sobre as consequências do aumento indiscriminado do tamanho da vaca sobre a produtividade do rebanho. A tendência atual de mercado é buscar animais precoces, com maior velocidade de crescimento, os quais são mais viáveis economicamente por permanecerem menos tempo em pastagens ou confinamentos, encurtando o ciclo de produção, já que a energia necessária para atingir e manter o peso adulto da vaca pode até representar o maior custo no sistema de produção de carne. Dessa forma, a seleção de animais para características de crescimento obtidas em idades jovens é fundamental para promover benefícios econômicos ao sistema de produção.

Boligon et al. (2009), que estimaram (co)variância genéticas de pesos do nascimento à idade adulta de bovinos Nelore, ressaltam que em avaliações genéticas de bovinos de corte, os pesos medidos em diferentes idades são características de crescimento amplamente utilizadas pelos programas de melhoramento genético. Visando antecipar a escolha dos genótipos superiores, esses programas geralmente consideram os pesos obtidos em idades jovens como critério de seleção. Características biológicas como tamanho corporal ou de crescimento medidas no mesmo indivíduo em várias idades são comumente referidos como dados longitudinais

(KIRKPATRICK, HILL, THOMPSON, 1994; MEYER, 1999). Potencialmente, há infinitos registros por indivíduo e que são geralmente altamente correlacionados quanto mais próximos entre si (SAKAGUTI et al., 2003; MOTA, 2012). O modelo de características múltiplas é bastante utilizado, porém pode ser muito parametrizado quando se têm medidas em várias idades. Além disto, a matriz de covariâncias não é estruturada, e, para que se possam fazer inferências sobre estes tipos de dados, é importante modelar a estrutura de covariâncias (VAN der WERF, 2001; ALBUQUERQUE, 2004).

Outro método que tem sido utilizado ultimamente são as funções de covariância e os modelos de regressão aleatória (MRA). Características que se alteram com a idade podem ser representadas por uma trajetória em função do tempo, apresentando um determinado valor em cada uma das possíveis infinitas idades, onde registros repetidos da mesma característica medidas em idades diferentes passam a representar diferentes características. Tais trajetórias são denominadas de características de “dimensão infinita” (KIRKPATRICK, LOFSVOLD, BULMER, 1990; KIRKPATRICK, HILL, THOMPSON, 1994; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a; MEYER & HILL, 1997), desenvolvida por meio de um modelo matemático, regressão sobre o tempo, para que se possa estimar os parâmetros e funções da curva.

Sousa Júnior et al. (2010), que estimaram funções de covariâncias de bovinos da raça Canchim, destacaram que a utilização de modelos de regressão aleatória em características de pesos obtidos em diferentes idades possibilita a obtenção de DEP (diferenças esperadas na progênie) para qualquer idade do animal, além de aumentar a acurácia da avaliação devido, principalmente, à eliminação de pré-ajustes nos dados e à possibilidade de se trabalhar com todas as pesagens disponíveis e com covariâncias adequadas, já que estas estarão bem estruturadas.

Portanto, ao ajustar uma função de covariância para uma característica é possível separar mais eficientemente a variação de efeitos genéticos e não genéticos, refletindo em estimativas de herdabilidades mais acuradas e menos viesadas. Diante do exposto, não foi encontrado nenhum estudo na literatura em bovinos de corte da raça Brahman visando estimar parâmetros genéticos para características de

crescimento via regressão aleatória, o que torna este estudo importante para o melhoramento genético da raça Brahman no Brasil.

## **2 Objetivo Geral**

O objetivo do presente trabalho foi estimar parâmetros genéticos para pesos do nascimento aos dois anos de idade de bovinos da raça Brahman utilizando modelos de regressão aleatória com o objetivo de fornecer subsídios para programas de melhoramento genético da raça.

## **3 Revisão de Literatura**

### **3.1 Panorama da pecuária de corte brasileira e a raça Brahman**

O Brasil é a sétima maior economia mundial (IBGE, 2012) e, em 2011, o produto interno bruto (PIB) atingiu R\$ 4.143 trilhões, sendo que o agronegócio representou 22,74% deste montante (Beef Point, 2012), evidenciando a importância deste setor na economia brasileira. A bovinocultura de corte tem se destacado na economia nacional e vem assumindo posição de liderança no mercado mundial de carnes. Hoje, o Brasil tem posição de destaque na economia mundial, classificando-se como o segundo maior rebanho mundial, com mais de 212 milhões de cabeças (IBGE, 2011).

Esses números evidenciam a potencialidade de produção de carne no Brasil que, somados ao baixo custo de produção, grande extensão territorial e ao tamanho do rebanho, lidera o mercado internacional de carne bovina. Em contrapartida, a produtividade ainda é inferior em relação a outros países. Lôbo, Bittencourt e Pinto (2010), destacaram que para o Brasil manter o status de um dos líderes mundiais em produção de animais de interesse zootécnico é preciso investir grandemente em pesquisas que visem aumentar a produtividade animal.

O melhoramento genético animal pode contribuir para o aumento da produtividade da bovinocultura de corte, por meio de seleção de animais geneticamente

superiores à média da população e pela disseminação desse material genético. Existem diversos programas de melhoramento genético animal no país, possibilitando o alcance do progresso genético. As avaliações genéticas de bovinos de corte no Brasil, normalmente contemplam características de crescimento, por serem de fácil mensuração e interpretação, além de que geralmente apresentam herdabilidade de magnitudes médias a altas, indicativo de que a seleção poderá resultar em progresso genético (BOLIGON, et al. 2009; BERTIPAGLIA et al., 2012).

A raça bovina Brahman teve sua origem no século XIX, nos Estados Unidos da América, a partir do cruzamento entre as raças Nelore, Gir, Guzerá e Krishna Valley. No Brasil, sua introdução ocorreu no ano de 1994, com a importação de animais originários desse país, e posteriormente, da Argentina, Colômbia e Paraguai, totalizando 976 animais importados (ACBB, 2012).

Felício (2010) relatou que o objetivo fundamental de seus formadores era criar uma raça que fosse resistente ao calor, umidade, insetos, parasitas e doenças típicas do Golfo do México. Esses pioneiros eram criadores que apreciavam as características de raças inglesas como produtoras de carne (Angus, Hereford e Shorthorn), mas não podiam fazer com que elas tivessem sucesso e prevalecessem na inóspita região subtropical do Sul dos Estados Unidos.

Após a sua obtenção e disseminação ao longo dos anos, a raça Brahman está presente em mais de 70 países e apresentou crescimento no número de registros para nascimentos em mais de 81% junto à ABCZ nos últimos seis anos. De acordo com a (ACBB, 2012), desde a sua introdução, a raça está em crescimento e, em 2012, o Brahman brasileiro era o terceiro maior rebanho Brahman do mundo, atrás de Austrália e Colômbia, respectivamente. Brahman significa “novo ciclo”, sendo utilizada como grupo étnico ou em cruzamentos com as raças europeias especializadas.

Para o melhoramento genético animal a raça Brahman é atrativa e promissora, sendo no Brasil utilizado em cruzamentos com Nelore, Tabapuã e Hereford, incrementando no cruzamento taxa de crescimento devido à melhor eficiência de conversão alimentar, produção de carne magra, precocidade e bom acabamento de carcaça, devido à seleção realizada em seu país de origem. No entanto, devido a sua

recente introdução no Brasil, poucos estudos foram efetuados com o intuito de subsidiar a elaboração de diretrizes ao programa de melhoramento da raça.

### **3.2 Regressão Aleatória e Funções de Covariâncias**

As características relacionadas ao crescimento têm sido trabalhadas, sendo o peso corporal e a taxa de crescimento em idades jovens o critério de seleção mais utilizado pelos criadores de bovinos de corte no Brasil. 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. Em avaliações genéticas de gado de corte, os pesos corporais tomados durante a vida dos animais são as principais fontes de informação. Para padronizar as análises, os programas de melhoramento estabelecem determinadas idades às quais os pesos são ajustados antes de serem avaliados, sendo conhecidas como idades-padrão, porém este procedimento pode diminuir a precisão de avaliação genética dos animais.

Segundo Kirkpatrick, Hill e Thompson (1994), Sakaguti et al. (2003) e Albuquerque (2004), cada caracter assume um valor em número infinito de idades, e o seu valor em cada idade pode ser considerado uma característica distinta. A utilização de modelos de características múltiplas em análises conjuntas de pesos ajustados às idades-padrão fornece informações sobre as relações lineares existentes entre cada par de idades, porém nenhuma inferência pode ser feita a respeito dos pesos nas idades intermediárias.

De acordo com Albuquerque (2003), que utilizou características de crescimento de animais Nelore, os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para a curva de crescimento como um todo, para qualquer idade desejada. Nos modelos de regressão aleatória, os coeficientes de regressão aleatórios que representam a trajetória de crescimento de um animal são utilizados na obtenção das funções de covariância, por meio de variâncias e covariâncias entre os coeficientes aleatórios de cada animal avaliado (MEYER, 1998a). Um modelo básico de regressão em notação matricial foi descrito por Meyer & Hill (1997):

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + W_1p + e$$

em que,  $y$  é o vetor de observações,  $b$  é o vetor de efeitos fixos,  $a$  é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos genético aditivo direto,  $m$  é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos genético materno,  $p$  é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos de ambiente permanente do animal,  $X$ ,  $Z_1$ ,  $Z_2$ ,  $W_1$  são as matrizes de incidência correspondentes;  $e$  é o vetor de resíduos.

Os modelos de regressão aleatória, denominados modelos de “dimensão infinita”, possibilitam trabalhar com medidas tomadas inúmeras vezes durante a vida de um indivíduo e estas estão mais fortemente correlacionadas quanto mais próximas forem tomadas. Esses modelos permitem estimar diretamente os coeficientes das funções de covariância pelo método da máxima verossimilhança restrita (MEYER & HILL, 1997; MEYER, 1998b).

Uma função de covariâncias que fornece a covariância entre as idades  $m$  e  $l$  pode ser representada como:

$$f(a_m^*, a_l^*) = \sum_{m=0}^{k-1} \sum_{l=0}^{k-1} \phi_i(a_m^*) \phi_i(a_l^*) K_{lm}$$

onde,  $\phi_i$  é o  $i$ -ésimo polinômio;  $k$  é a ordem do polinômio que está sendo ajustado;  $a^*$  são as idades padronizadas para a amplitude em que o polinômio é definido e  $K_{ij}$  são os elementos da matriz  $K$ , que é a matriz de coeficientes da função de covariâncias.

Além disso, de acordo com Baldi, Albuquerque e Alencar (2010), que estimaram parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Canchim utilizando modelos de regressão aleatória, é possível descrever o comportamento dos componentes de variância ao longo da trajetória de crescimento, estimar e prever com maior acurácia os parâmetros e valores genéticos e identificar as fases do crescimento

do animal em que há maior variabilidade genética para provocar alterações na curva de crescimento dos animais.

Com estes modelos não há necessidade de se criar classes de desempenho arbitrárias ou de utilizar fatores de ajuste para uma determinada idade, já que está incluída na matriz de delineamento. Além disto, permitem uma melhor utilização dos dados, já que todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas, com potencial aumento da acurácia de seleção (ALBUQUERQUE, 2004), além de melhorar a precisão da avaliação genética e as possibilidades de seleção.

Com a utilização de modelos de regressão aleatória, é possível ajustar uma curva de regressão fixa, que leva em conta a tendência média da população e, no mínimo, mais duas equações de regressão aleatória, uma para o efeito genético direto e outra para o ambiente permanente do animal, sendo que a curva genética de cada animal é predita como um desvio da curva média, fixa. Desta forma, em lugar de valores genéticos para determinados pontos da curva (idades padrão), são obtidos valores genéticos para os coeficientes de regressão aleatórios (ALBUQUERQUE, 2004).

Os modelos de regressão aleatórios, metodologia inicialmente proposta por Henderson Jr. (1982), são considerados casos especiais de funções de covariância. Esta metodologia permite a descrição da mudança gradual das covariâncias em função do tempo e a predição de variâncias e covariâncias para pontos ao longo da curva de crescimento, mesmo existindo pouca informação entre os pontos (KIRKPATRICK, LOFSVOLD, BULMER, 1990; MEYER, 1998a, 1999, EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003), podendo-se obter DEP's para qualquer idade desejada desde que esta esteja dentro da amplitude de idades existente nos dados.

Avaliando trajetórias de crescimento, Kirkpatrick, Lofsvold e Bulmer (1990) descreveram que as funções de covariância permitem uma previsão mais exata de resposta à seleção e cada uma tem um conjunto de autovalores e autofunções associadas, sendo estas análogos aos infinito-dimensionais para o autovetores de uma matriz de covariância. A abordagem de dimensão infinita pode fornecer estimativas mais precisas da variação nos traços e melhorar as estimativas de sua resposta à

seleção natural ou artificial, em comparação com os métodos convencionais (KIRKPATRICK, HILL, THOMPSON, 1994).

As funções de covariância fornecem informações valiosas sobre as direções das curvas de crescimento e que são susceptíveis de mudar mais rapidamente sob pressão de seleção, porque eles exibem uma variação mais genética. Além disso, de acordo com Kirkpatrick, Hill e Thompson (1994), o modelo de função de covariância permite o cálculo de uma função gradiente de seleção contínua, que descreve a modificação de significância devido a uma geração de seleção.

Uma família de funções adequadas para funções de covariância são polinômios ortogonais, os quais fornecem a covariância entre as medidas em quaisquer duas idades como uma ordem mais elevada de polinômio das idades registradas (MEYER & HILL, 1997), sendo utilizados em modelos de regressão aleatória, para estimar funções de covariância em estudos de crescimento de bovinos de corte (MEYER, 1999; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a,b; MEYER, 2001b; MEYER, 2003; NOBRE et al., 2003).

Existem algumas desvantagens na utilização de polinômios ortogonais em dados de crescimento de bovinos, tais como de inconsistências nas variâncias e covariâncias em idades extremas, em razão do maior ênfase que os polinômios colocam nas observações localizadas nos extremos da curva (MEYER, 1999) e problemas com polinômios de alto grau, principalmente para modelar os efeitos de ambiente permanente do animal, o que eleva o número de parâmetros a serem estimados e conseqüente aumento nas exigências da capacidade computacional e nos erros das estimativas (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a). No Brasil, há vários trabalhos utilizando modelos de regressão aleatória com a finalidade de estudar características de crescimento em bovinos de corte, porém nada foi encontrado com a raça Brahman. Sakaguti et al. (2003) aplicaram modelos de regressão aleatória para estimar funções de covariância para pesos entre 365 e 550 dias de idade em bovinos da raça Tabapuã, concluindo que tais modelos permitiram estimar componentes de variâncias em qualquer idade.

Para a raça Nelore, Albuquerque & Meyer (2001b) estimaram funções de

covariância empregando um conjunto de modelos de regressões aleatória a três conjuntos de dados de pesos do nascimento aos 600 dias de idade, concluindo que a regressão aleatória descreveu adequadamente as mudanças de covariâncias com a idade. De maneira semelhante, Dias et al. (2006) estimaram parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade em bovinos da raça Tabapuã através de modelos de regressão aleatória e concluíram que tais modelos mostraram-se adequados para descrever as mudanças de variâncias dos pesos.

Mota (2012), após o trabalho realizado com um rebanho Simental indicou o uso dos modelos de regressão aleatória nas avaliações genéticas dos programas de melhoramento de bovinos da raça. Por outro lado, Nobre et al. (2003), analisando curva de crescimento através de modelos de regressão aleatória e de característica múltiplas, considerando pesos do nascimento aos 733 dias de idade para a raça Nelore, observaram que os modelos de regressão aleatória foram sensíveis a problemas amostrais.

### **3.2.1 Polinômios de Legendre**

Os polinômios ortogonais de Legendre são ideais para as funções contínuas, pois são normalizados e ortogonais, sendo indicados para analisar padrões de variações genéticas em trajetórias de crescimento em razão dos coeficientes estimados possuírem, de maneira geral, menores correlações. Além disso, as matrizes dos polinômios ortogonais possuem colunas que são mutuamente ortogonais, evitando o problema de matrizes singulares, comum nos polinômios ordinários (BALDI, ALBUQUERQUE, ALENCAR, 2010), não requerendo pressuposição sobre a forma da curva e refletindo em vantagens computacionais (ALBUQUERQUE, 2004).

Polinômios podem ser montados em forma total ou reduzida, sendo o primeiro equivalente a uma análise multivariada que estima componentes de covariância. Já um ajuste de ordem reduzida envolve menores parâmetros e reduz as diferenças nas estimativas de covariâncias, além de fornecer as matrizes de covariância preditas de igual categoria da ordem de ajuste (MEYER & HILL, 1997).

Kirkpatrick, Lofsvold e Bulmer (1990) e Kirkpatrick, Hill e Thompson (1994) modelaram as funções de covariância usando polinômios ortogonais de Legendre ( $\phi_k$ ), que apresentam a fórmula descrita abaixo.

$$\phi_n(a^*) = \frac{1}{2} \sqrt{\frac{2k+1}{2}} \sum_{m=0}^{\lfloor k/2 \rfloor} (-1)^m \binom{k}{m} \binom{2k-2m}{k} (a^*)^{k-2m},$$

onde,  $a^*$  são as idades padronizadas para a amplitude em que o polinômio é definido [-1 a +1], sendo os valores das fração arredondados para baixo, assumindo o valor inteiro mais próximo.

Então,

$$\phi_0(a^*) = \sqrt{\left(\frac{1}{2}\right)} P_0(a^*) = 0,7071$$

$$\phi_1(a^*) = \sqrt{\left(\frac{3}{2}\right)} P_1(a^*) = 1,2247x$$

sendo,  $P_k(a^*)$  polinômio de  $k$ -ésimo grau.

Vários trabalhos foram desenvolvidos por meio de regressão aleatória utilizando os polinômios ortogonais de Legendre (MEYER, 1999; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a; MEYER, 2001a,b; SAKAGUTI et al., 2003; MEYER, 2003; NOBRE et al., 2003; MEYER, 2005; DIAS et al., 2006; BOLIGON et al., 2009; PELICIONI, ALBUQUERQUE, QUEIROZ, 2009; BALDI, ALBUQUERQUE, ALENCAR, 2010; SOUSA JÚNIOR et al., 2010; MOTA, 2012).

A partir da estimação da matriz de coeficientes estimados (H), polinômios de menor ordem podem ser escolhidos por diferentes critérios, como o teste da razão de verossimilhança (LRT), critério do máximo logaritmo da função de verossimilhança (ln

L), critério de informação de AIC (AKAIKE, 1973) e BIC (WOLFINGER, 1993), número de condição (NC), dentre outros, e posteriormente, utilizados para o ajuste dessas funções (MOTA, 2012).

### **3.2.2 Autofunções, autovalores e autovetores**

Autofunções são funções contínuas, cujos coeficientes são formados pelos elementos dos autovetores das matrizes de coeficientes das funções de covariâncias. Para cada autofunção existe um autovalor, que representa a proporção de variação total que ela explica. A partir dos autovalores, trajetórias descritas pelas autofunções podem ser utilizadas na avaliação das idades em que a seleção poderia ser mais eficiente.

As análises dos autovalores e autovetores da matriz de correlações podem ser usadas como critério de avaliação devido à ocorrência de correlação entre as variáveis independentes no modelo de regressão, ou seja, problemas de multicolinearidade na matriz de correlações (MOTA, 2012). Boligon et al. (2009), descreveram três autovalores principais da matriz de coeficientes para o efeito genético aditivo que foram responsáveis por 99,30% da variação genética aditiva total, sendo o primeiro autovalor responsável por 90,56% dessa variação. A primeira autofunção foi positiva em todas as idades, indicando que existe correlação positiva entre os pesos do nascimento aos oito anos de idades, porém a segunda autofunção foi negativa até os 400 dias de idade e depois se tornou positiva, o que indica que a seleção sobre este componente terá efeitos contrários no início e final da trajetória.

A grande dominância dos primeiros autovalores foi também observada por Meyer (1999), ao analisar peso adulto a partir dos dois anos de idade de vacas das raças Polled Hereford e Wokalup através de modelos de regressão aleatória, sendo o primeiro autovalor responsável por 91,8% e 97,3% da variação genética aditiva, respectivamente. De maneira semelhante, Baldi, Albuquerque e Alencar (2010) verificaram que os três autovalores principais da matriz de coeficientes para o efeito genético aditivo foram responsáveis por 99,9% da variação genética aditiva total, sendo

o primeiro autovalor responsável por 88,9% dessa variação.

Meyer (2005) obteve resultados semelhantes para pesos tomados do nascimento até os dois anos e meio de idade por meio de modelos de regressão aleatória de bovinos Angus. Os três primeiros autovalores explicaram também a maior parte da variação independentemente da ordem do polinômio utilizado, sendo o primeiro autovalor explicando 92% a 95% da variação genética total. Sakaguti et al. (2003), ao analisar os autovalores das matrizes de coeficientes de funções de covariância observaram que o primeiro autovalor foi igualmente dominante sobre os demais, obtendo resultados entre 78 e 97,88% da variação genética total.

### **3.2.3 Efeito materno**

O efeito materno pode ser definido como qualquer influência de meio que a mãe fornece ao fenótipo do seu filho. De acordo com Perotto (2008), a contribuição da mãe pode ser de duas maneiras: por meio da amostra de metade de seus genes que são transmitidos ao bezerro na formação do genótipo e por meio do ambiente materno que ela promove ao filho na forma de leite, sendo o principal, defesa imunológica, cuidados e proteção. Portanto, apesar do ambiente materno ser um fator de meio para o bezerro, as diferenças entre mães para este efeito são determinadas por causas tanto genéticas como ambientais.

Quando uma característica é influenciada pelo efeito materno, o valor fenotípico do animal deve ser decomposto em um fenótipo proveniente da expressão do genótipo do próprio animal, que foi herdado em igual proporção do pai e da mãe, e um fenótipo que é expressão do genótipo da mãe (LOURENÇO, 2011). Em bovinos de corte, o peso ao nascimento, peso à desmama e ganho de peso no período entre o nascimento até a desmama são características que sofrem forte influência do efeito materno, portanto devem ser considerados. A não inclusão do efeito materno como causa de variação em uma característica de importância econômica pode ocasionar em erros na estimação dos parâmetros genéticos, o que causará uma superestimação da variância genética direta e, conseqüentemente, da herdabilidade (MEYER, 1992 *apud* MOTA,

2012).

Lourenço (2001) relatou que os estágios de crescimento do animal são dependentes da influência da mãe e o efeito da idade da vaca que não é constante ao longo da vida dela, portanto deve ser considerada como fonte de variação materna e não apenas um efeito fixo no modelo. Uma maneira de considerar esta variação é aninhar a idade da vaca com as classes de idade do animal, o que permite a mensuração da influência que a idade da mãe provoca no fenótipo do filho ao longo do tempo.

Sendo assim, tanto o genótipo do animal quanto o genótipo de sua mãe afetam o desempenho do indivíduo, fazendo com que esses efeitos sejam considerados na estimação de parâmetros genéticos do crescimento e nos modelos que descrevem tais características.

## **4 Parâmetros Genéticos**

### **4.1 Estimativas de herdabilidade direta**

As estimativas de herdabilidade direta encontradas na literatura para a raça Brahman em geral variaram de magnitude baixa a alta. Faria et al. (2011) em análises bicaracterísticas estimaram para bovinos Brahman no Brasil médias de herdabilidade para PN, P120, peso aos 120 dias, P365 e P550 de magnitude moderada a alta (0,32 a 0,41). Estimativas de herdabilidade direta de magnitude superior (0,48) foram obtidas por Bertipaglia et al. (2012) em análises bivariadas para P550 para a raça Brahman do Brasil. Mostert et al. (1998) em análise multicaracterística para pesos de bovinos Brahman do Sul da África obtiveram herdabilidade direta para PN (0,45), peso a desmama (0,25) e P550 (0,22). Plasse et al. (2002b) trabalhando com bovinos da raça Brahman da Venezuela estimaram via análises bivariadas herdabilidade de média magnitude para PN (0,33), baixas para P205 (0,08) e peso ao sobreano (0,16, respectivamente). Pico (2004), para bovinos Brahman da África do Sul, estimou

herdabilidade direta para PN (0,28), peso ao desmame (0,14) e P550 (0,18). Parra-Bracamonte et al. (2006) obtiveram herdabilidade média para PN de bovinos Brahman do México (0,37), corroborando o estudo de Kriese, Bertrand e Benyshek (1991) em análise multicaracterística para pesos ajustados em bovinos Brahman para PN (0,37) e P205 (0,22).

Por meio da metodologia regressão aleatória, porém para outras raças, as estimativas de herdabilidade direta também oscilaram. Dias et al. (2006) relataram que as estimativas de herdabilidade para efeito aditivo direto decresceram do nascimento (0,28) até próximo a desmama (0,21), e por volta dos 240 dias de idade e após essa idade, apresentaram tendência de aumento (0,24) até 550 dias de idade para a raça Tabapuã, o que comprova as mudanças na variância ao longo do crescimento do animal. Para características de crescimento em bovinos Nelore, Albuquerque & Meyer (2001b) relataram maior estimativa de herdabilidade para o peso ao nascer (0,26), diminuindo até 150 dias de idade (0,14) e, posteriormente, aumentaram conforme a idade (0,25), corroborando os estudos de Albuquerque & Meyer (2001a), que estimaram herdabilidade direta para pesos do nascimento aos 600 dias de idade de bovinos Nelore, que diminuíram após o nascimento (0,32) até 120 - 180 dias de idade (0,14), aumentando lentamente até 270 dias de idade (0,17).

Nobre et al. (2003) observaram comportamento diferente. Estimativas mais baixas para o peso ao nascimento (0,10 e 0,14) para dois rebanhos Nelore, e que posteriormente aumentaram conforme a idade (0,27 e 0,34). Semelhante a esses resultados, Boligon et al. (2009) obtiveram herdabilidades superiores que apresentaram um acréscimo do nascimento (0,34) até o sobreano (0,42), mantendo-se praticamente constante até os 8 anos de idade (0,39).

Meyer (2001b) descreveu diminuição das estimativas de herdabilidade direta após o nascimento e aumento das estimativas após o período da desmama para duas raças. Para Polled Hereford e Wokalup, as estimativas para peso ao nascimento foram altas (0,40 e 0,55, respectivamente), havendo queda e um leve aumento em torno dos 150 dias, com redução novamente próximo dos 200 dias de idade. De maneira semelhante para a raça Tabapuã, Sousa Júnior et al. (2010), obtiveram via regressão

aleatória estimativas de herdabilidade com pequena tendência de queda do nascimento (0,15) até os 20 dias (0,11) e, após esta idade apresentaram acréscimo (0,45) aos 660 dias de idade. Estes resultados sugerem haver variabilidade genética suficiente para a obtenção de ganho genético mais acentuado se a seleção individual for realizada considerando pesos após à desmama.

Meyer (2003) estimou funções de covariância para pesos visando modelar a trajetória completa de crescimento de fêmeas da raça Angus do nascimento até os 3.000 dias de idade. As estimativas de herdabilidade para pesos diminuíram gradualmente do nascimento (0,40) até próximo aos 200 dias (0,10), apresentando acréscimo com a idade do animal (0,25 aos 200 dias; 0,35 aos 400 dias e 0,38 aos 600 dias de idade, respectivamente, e valores acima de 0,50 para peso adulto). Em contrapartida, Baldi, Albuquerque e Alencar (2010), trabalhando com a raça Canchim, estimaram herdabilidade para PN (0,18), havendo aumento até cerca de um ano de idade (0,30), com leve redução aos 708 dias. Mota (2012), em estudos com a raça Simental, observou o mesmo comportamento de crescimento contínuo das herdabilidades diretas para peso aos 100 dias (0,16), P205 dias (0,14), P365 dias (0,36), P550 dias (0,46), com exceção da ligeira queda observada a partir do peso ao sobreano (0,45), possivelmente, em razão dos modelos de regressão aleatória promoverem ajustes menos adequados quando há reduzido número de registros de pesos.

## **4.2 Estimativas de herdabilidade materna**

Em gado de corte, os efeitos maternos são importantes para as características de crescimento até o desmame, embora haja autores que encontraram efeitos significativos que permaneceram após o desmame (DIAS et al., 2006; MOTA, 2012). Neste sentido, os efeitos maternos devem ser considerados na estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento, já que tanto o genótipo do próprio animal como o genótipo da sua mãe afetam o crescimento do animal (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001b). Os modelos que não levam em consideração o

efeito aditivo materno conduzem a superestimação nas estimativas de herdabilidade direta.

Plasse et al. (2002b), em análises bivariadas para pesos da raça Brahman da Venezuela, obtiveram herdabilidade materna utilizando todos os bezerros e em bezerros com touros conhecidos para PN (0,07 e 0,06), para P205 (0,14 e 0,13, respectivamente) e peso ao sobreano (0,04). Estimativa de maior magnitude foi obtida por Pico (2004) para PN de bovinos Brahman da África do Sul (0,11) e menor para P205 (0,06). Kriese, Bertrand e Benyshek (1991) também estimaram para a raça Brahman herdabilidade materna para PN ajustado (0,18) e para P205 (0,12).

As estimativas de herdabilidade materna via regressão aleatória para pesos de bovinos Canchim obtidas por Baldi, Albuquerque e Alencar (2010) foram máximas ao nascimento (0,05), havendo uma queda abrupta após este período (0,02), incrementando-se até os 400 dias de idade (0,034) e diminuindo gradualmente até o final do período estudado. Meyer (2003) obteve estimativas de herdabilidade materna sendo, porém, máxima (0,06) aos 200 dias de idade, diminuindo gradualmente a zero até próximo dos 600 dias de idade.

Albuquerque & Meyer (2001b) obtiveram estimativas de herdabilidade materna para dois conjuntos de dados, que aumentaram de nascimento (0,01) aos 180 a 210 dias de idade (0,07), que em seguida, diminuíram lentamente com a idade, decrescendo mais rapidamente depois de 300 dias de idade. Nobre et al. (2003) observaram para um primeiro conjunto de dados de rebanho Nelore, herdabilidade materna máxima ao nascimento (0,11), reduzindo aos 683 dias (0,02), porém para outro conjunto de dados de Nelore, a herdabilidade materna do nascimento (0,08) até a desmama aumentou (0,12), reduzindo até os 683 dias (0,07).

A herdabilidade materna estimada por Albuquerque & Meyer (2001a) apresentou-se diferente. Após o nascimento (0,02) incrementou até 120 dias de idade (0,25) e diminuiu ao desmame (0,20). Corroborando estes resultados, Dias et al. (2006) obtiveram estimativas que aumentaram do nascimento (0,05) até próximo ao desmame (0,10) e diminuíram aos 550 dias de idade (0,02). Estes resultados comprovam que o efeito materno esteve presente após o desmame, provavelmente por um efeito residual.

Com resultados de magnitudes inferiores, Mota (2012) estimou herdabilidade materna para peso aos 100 dias (0,08), com aumento próximo ao desmame (0,11), havendo queda aos 365 dias (0,09), mantendo-se constante aos 550 dias (0,09), com acréscimo no peso aos 730 dias (0,12), corroborando os estudos de Sousa Júnior et al. (2010), que obtiveram estimativas crescentes até os 150 dias de idade.

### **4.3 Estimativas de correlações genéticas**

Geralmente, em gado de corte, as estimativas de correlações genéticas entre pesos em diferentes idades são positivas e com magnitude de moderada a alta, indicando que a seleção de animais para maior peso a idades jovens deve resultar em progresso genético em idades subsequentes.

Para bovinos Brahman, Faria et al (2011), estimaram correlações entre PN, P120, peso ao desmame, P365 e P550 (0,51 a 0,98), indicando que ao selecionar animais para qualquer peso, as respostas correlacionadas nos demais devem ser favoráveis e nos mesmos sentidos. Kriese, Bertrand e Benyshek (1991) também estimaram para a raça Brahman correlação genética entre PN e P205 ajustados (0,63), sendo assim, se ocorrer seleção para aumento de peso à desmama em Brahman, o PN deve ser monitorado para evitar problemas com distocia. Pico (2004) também estimou altas correlações para Brahman entre PN, P205, P365, P550 (0,47 a 0,91). Plasse et al. (2002b) obtiveram estimativa semelhante entre P205 e peso ao sobreano de bezerros sem e com identificação paterna (0,66 e 0,59, respectivamente).

Albuquerque & Meyer (2001a) obtiveram, em geral, correlações entre pesos que diminuíram com o espaçamento entre as idades, apresentando picos pequenos nos pesos iniciais e tardios, entre 30 e 40 dias e 540 e 560 dias de idade (mínimo de 0,42), porém entre PN, peso a desmama, peso aos 360 dias e P550 foram de maior magnitude (0,44 e 0,97). Dias et al. (2006) relataram moderadas estimativas de correlação genética aditiva direta entre PN e peso a desmama, P365 e P550 (0,58, 0,50 e 0,32, respectivamente), e alta entre as demais idades (0,98, 0,78 e 0,88,

respectivamente). Corroborando estes resultados, Baldi, Albuquerque e Alencar (2010), obtiveram correlações entre PN até os dois anos de idade (0,39 a 0,52), entre o peso a desmama e peso aos dois anos (0,86 a 0,98), entre peso a um ano e peso aos dois anos (0,93 a 0,97), e entre o peso ao sobreano e peso aos dois anos (0,98).

Boligon et al. (2009) obtiveram estimativas entre PN, P120, a desmama, P365, ao sobreano e aos dois anos de média a alta (0,54 a 0,86), sendo as altas estimativas de correlações entre pesos a idades jovens e o peso adulto indicativo de que a seleção de animais para maior peso a idades jovens provavelmente levará a aumento no peso à idade adulta (BOLIGON et al., 2009; BALDI, ALBUQUERQUE, ALENCAR, 2010; BERTIPAGLIA et al., 2012).

Estimativas de correlações genéticas de maior magnitude foram obtidas por Sousa Júnior et al. (2010) para a raça Tabapuã entre PN e os pesos aos 240, 365, 540 e 660 dias de idade, variando de moderada a alta magnitudes (0,79 a 0,95), sendo um indicativo de que a maior parte dos genes responsáveis pelos maiores pesos nesse período são os mesmos. Dias et al. (2006) obtiveram estimativas de correlação genética aditiva direta entre o peso ao nascimento e às demais idades foram, em geral, moderadas entre o PN, peso aos 240, 365 e 550 dias de idade de moderada a alta (0,32 a 0,98).

Mota (2012) estimou para raça Simental correlações entre pesos aos 100 dias, P205, P365, P550 e dois anos de idade (P730) e, com exceção das correlações obtidas entre P100 e as demais idades, que foram negativas e de baixa magnitude (0,05, -0,42, -0,48, -0,42, respectivamente), em geral foram altas e positivas (0,46 e 0,99), indicando que parte dos genes de ação aditiva que influenciam uma característica, também influenciam as outras. O autor relatou que os resultados das estimativas entre P100 e as demais idades estimadas pode ser explicado por problemas oriundos da função polinomial, uma vez que correlações entre essas medidas, predominantemente positivas, são esperadas pelo fato de o peso dos animais ser o resultado da soma acumulada do ganho ao longo da vida, o que cria uma dependência estrutural entre os mesmos.

## 5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ACBB, Associação Criadores de Brahman do Brasil. **A História da Raça Brahman**. 2012. Disponível em: <<http://www.brahman.com.br/index.php/raca-brahman/a-historia-da-raca-brahman.html>>. Acesso em: 18 fev. 2013.

AKAIKE, H. Information Theory and an Extension of the Maximum Likelihood Principle. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON INFORMATION THEORY, 2., 1973, Budapest. **Proceedings...** Budapest: Akademiai Kiado, 1973. p. 267-281.

ALBUQUERQUE, L. G. **Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça Nelore**. 2003. 83f. Tese (Livre-Docência) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2003.

ALBUQUERQUE, L.G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004.

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, 2001a.

\_\_\_\_\_. Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from birth to 600 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 118, p. 83-92, 2001b.

BALDI F.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M. Random regression models on Legendre polynomials to estimate genetic parameters for weights from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 127, n. 4, p. 289-299, 2010.

Beef Point. 2012. **CEPEA: Agronegócio cresce 5,7% em 2011, o dobro da economia brasileira**. Disponível em: <<http://www.beefpoint.com.br/cadeia-produtiva/giro-do-boi/pibcepea-agronegocio-cresce-o-dobro-da-economia-geral-em-2011/>>. Acesso em: 04 abr. 2013.

BERTIPAGLIA, T. S.; CARREÑO, L. O. D.; MACHADO, C. H. C.; ANDRIGHETTO, C.; FONSECA, R. Estimates of genetic parameters for visual scores and their correlation with production and reproductive traits in Brahman cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 6, p. 1407-1411, 2012.

BOLIGON, A. A.; MERCADANTE, M. E. Z.; BALDI, F.; LÔBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Multi-trait and random regression mature weight heritability and breeding value estimates in Nelore cattle. **South African Journal of Animal Science**, v. 39, n. 5, p. 145-148, 2009.

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, n. 5, p. 1915-1925, 2006.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia de controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 5, p. 1104-1113. 2003.

FARIA, L. C.; QUEIROZ, S. A.; VOZZI, P. A.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; MAGNABOSCO, C. U.; OLIVEIRA, J. A. Quantitative genetic study on growth traits of Brahman cattle in Brazil. **Ars Veterinaria**, v. 27, n. 1, p. 30-35. 2011.

FELÍCIO, P. E. **Raças e cruzamentos de bovinos 2**. Disponível em: <[http://www.sic.org.br/PDF/Racas\\_Bovinas.pdf](http://www.sic.org.br/PDF/Racas_Bovinas.pdf)>. 2010. Acesso em: 04 fev. 2013.

HENDERSON Jr., C. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v. 38, p. 623-640, 1982.

IBGE. **Em 2011, PIB cresce 2,7% e totaliza R\$4,143 trilhões**. 2012. Disponível em: <[http://www.ibge.gov.br/home/presidencia/noticias/noticia\\_visualiza.php?id\\_noticia=209](http://www.ibge.gov.br/home/presidencia/noticias/noticia_visualiza.php?id_noticia=209)>. 3. Acesso em nov. 2012.

IBGE. **PPM 2011: rebanho bovino cresce 1,6% e chega a 212,8 milhões de cabeças**. 2011. Disponível em: <<http://saladeimprensa.ibge.gov.br/noticias?view=noticia&id=1&busca=1&idnoticia=2241>>. Acesso em 20 fev. 2013.

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

KIRKPATRICK, M.; HILL, W. G.; THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and aging, illustrated with lactations in dairy cattle. **Genetic and Molecular Research**, v. 64, p. 57-69, 1994.

KRIESE, L. A.; BERTRAND, J. K.; BENYSHEK, L. L. Genetic and environmental growth trait parameter estimates for Brahman and Brahman-derivative cattle. **Journal of Animal Science**, v. 69, p. 2362-2370. 1991.

LÔBO, R. B.; BITTENCOURT; T. C. B. S. C.; PINTO, L. F. B. Progresso científico em melhoramento animal no Brasil na primeira década do século XXI. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 223-235, 2010.

LOURENÇO, D. A. L. **Modelagem do efeito materno por meio de modelos de regressão aleatória**. 2011. 61f. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2011.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using random regression model. **Genetics Selection Evolution**, v. 30, p. 221-240, 1998a.

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

MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariances functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. **Genetics Selection Evolution**, v. 33, p. 487-514, 2001b.

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

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. Modeling 'repeated' records: covariance functions and random regression models to analyze animal breeding data. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale, 1998b, p. 517-520.

MEYER, K.; HILL, W. G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v. 47, p. 185-200, 1997.

MOSTERT, B. E.; GROENEVELD, E.; RUST, T.; VAN DER WESTHUIZEN, J., 1998. Multitrait variance component estimation of South African beef breeds for growth traits. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED OF LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale, v. 23, p. 145-152, 1998.

MOTA, R. R. **Avaliação genética do crescimento de bovinos da raça Simental utilizando modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória.** 2012. 112f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2012.

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.

PARRA-BRACAMONTE, G. M.; MARTINEZ-GONZÁLES, J. C.; TEWOLDE-MEDHIN, A.; GONZÁLEZ-REYNA, A.; BIONES-ENCINIA, F.; GARCIA-ESQUIVEL, F.; CIENFUEGOS-RIVAS, E. G. Alternative models in genetic parameter estimation of weaning weight of registry Brahman cattle from México. In: WORD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte, Brasil. **Proceedings...** 2006.

PELICIONI, L. C.; ALBUQUERQUE, L. G.; QUEIROZ, S. A. Estimação de componentes de co-variância para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzerá empregando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 1, p. 50-60, 2009.

PEROTTO, D. Habilidade materna em bovinos de corte. In: CONGRESSO BRASILEIRO DAS RAÇAS ZEBUÍNAS, 7., 2008, Uberaba. **Anais...** Uberaba: 7º Congresso Brasileiro das Raças Zebuínas, 2008.

PICO, B. A. **Estimation of genetic parameters for growth traits in South African Brahman cattle.** 2004. 73f. Dissertação (Mestrado) - University of the Free State, Bloemfontein, South Africa. 2004.

PLASSE, D.; VERDE, O.; ARANGO, J.; CAMARIPANO, L.; FOSSI, H.; ROMERO, R.; RODRIGUEZ, C. M.; RUMBOS, J. L. (Co)variance components, genetic parameters and annual trends for calf weights in a Brahman herd kept on floodable savanna. **Genetics and Molecular Research**, v. 1, n. 4, p. 282-297. 2002b.

SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M. A.; QUAAS, R. L.; MARTINS, E. N.; LOPES, P. S.; SILVA, L. O. C. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 4, p. 864-874, 2003.

SOUSA JÚNIOR, S.C.; OLIVEIRA, S. M. P.; ALBUQUERQUE, L. G.; BOLIGON, A. A.; MARTINS FILHO, R. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 5, p. 1037-1045, 2010.

VAN DER WERF, J. **Random Regression in Animal Breeding**. 2001. Disponível em: <<http://www-personal.une.edu.au/~jvanderw/CFcoursenotes.pdf>>. Acesso em: nov. 2012.

WOLFINGER, R.D. Covariance structure in general mixed models. **Communications in Statistics**, n. 22, v. 4, p. 1079-1106, 1993.

## **CAPÍTULO 2 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS DO NASCIMENTO AOS DOIS ANOS DE IDADE PARA BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

### **1 INTRODUÇÃO**

O melhoramento genético para a raça Brahman é atrativo e promissor e desde a sua introdução no Brasil a raça não parou de crescer, sendo o terceiro maior rebanho Brahman do mundo. No Brasil, o Brahman é utilizado como raça pura, embora não seja a forma mais frequente, e em cruzamentos com Nelore, Tabapuã e Hereford, incrementando na progênie taxa de crescimento devido à melhor eficiência de conversão alimentar, rendimento de carcaça, precocidade e bom acabamento de carcaça (ACBB, 2012).

Em avaliações genéticas de bovinos de corte, os pesos corporais tomados ao longo da vida dos animais são as principais fontes de informação. Para padronizar as análises, os programas de melhoramento estabelecem determinadas idades às quais os pesos são ajustados antes de serem avaliados, sendo conhecidas como idades-padrão (BOLIGON et al, 2009). Este procedimento pode facilitar a seleção no rebanho e permite comparações com outros rebanhos ou regiões, porém este procedimento pode diminuir a precisão na avaliação genética dos animais.

Recentemente, os modelos de regressão aleatória têm despertado interesse de pesquisadores da área de melhoramento genético animal em análises de dados que são tomados repetidamente ao longo da vida produtiva. Esta metodologia permite a predição de valores genéticos para a curva de crescimento como um todo, em qualquer idade desejada, sem que se precise fazer o pré-ajuste dos pesos (ALBUQUERQUE, 2003).

De acordo com Baldi, Albuquerque e Alencar (2010), através da regressão aleatória é possível descrever o comportamento dos componentes de variância ao longo da trajetória de crescimento, estimar e predizer com maior acurácia os parâmetros e valores genéticos e identificar as fases de crescimento do animal em que

há maior variabilidade genética para provocar alterações na curva de crescimento. No Brasil, a regressão aleatória vem sendo utilizada com frequência em estudos de populações da raça Nelore e alguns autores relataram que esta metodologia mostrou-se adequada para descrever as mudanças nas variâncias dos pesos corporais com a idade para as raças Tabapuã, Nelore, Canchim e Simental (DIAS et al., 2006; BOLIGON et al., 2009; BALDI, ALBUQUERQUE, ALENCAR, 2010; SOUSA JÚNIOR et al., 2010; MOTA, 2012).

No entanto, devido a sua recente introdução no Brasil, não há estudos científicos que envolvem análises de dados repetidos de características de crescimento utilizando a metodologia regressão aleatória para a raça Brahman, um fato que torna este estudo importante para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético da raça. Portanto, o objetivo do presente estudo foi estimar parâmetros genéticos para pesos do nascimento aos dois anos de idade para bovinos da raça Brahman utilizando modelos de regressão aleatória, com o objetivo de fornecer subsídios para a elaboração de diretrizes aos programas de melhoramento genético da raça.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Caracterização dos dados

Foram utilizadas medidas de peso de animais da raça Brahman provenientes da Associação Brasileira de Criadores de Zebu – ABCZ, do nascimento aos 744 dias de idade, criados no Brasil nos estados do sudeste, São Paulo, Rio de Janeiro, Minas Gerais, Espírito Santo e Centro-Oeste, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás, além do Distrito Federal, nascidos entre abril de 2001 e abril de 2013. Os dados analisados continham registros de genealogia e de pesagens feitas, em média, a cada três meses, variando entre 35 e 430 kg e desmama realizada em média aos 205 dias de idade. No conjunto de dados foram mantidos apenas os animais PO (puro de origem) com registro, oriundos de inseminação artificial, monta dirigida ou natural controlada, criados a pasto e amamentados por suas mães biológicas. Foram considerados somente os animais que estavam mamando sem ordenha ou animais desmamados, todos com identificação paterna.

O grupo de contemporâneo (GC) foi definido por fazenda (5 propriedades), sexo (45.661 fêmeas e 39.709 machos), estação de nascimento (57.357 mensurações na estação das águas e 28.013 na seca), ano de nascimento, estação de pesagem (52.774 mensurações na estação das águas e 32.596 na seca) e ano da pesagem, em um total de 592 níveis de GC. Para melhorar a qualidade do arquivo de dados foram estabelecidas algumas restrições. Para isso foram considerados apenas os animais com mais de quatro mensurações de peso, mínimo de três animais por idade e dentro de cada grupo de contemporâneo os mínimos de dois touros e oito animais. Toda a manipulação do arquivo de dados e as estatísticas obtidas foram realizadas pelo software R (Development Core Team, 2010). Após a consistência do banco de dados permaneceram ao final os registros que seguem nas Tabelas 1, 2 e 3.

Tabela 1 – Descrição do número de registros de 4, 5, 6 e 7 – 9 pesagens, média e desvio-padrão (DP) para pesos de bovinos Brahman

<b>Pesagens</b>	<b>Descrição</b>
4	5.960 (34,99%)
5	6.254 (36,71%)
6	3.524 (20,69%)
7 – 9	1.296 (7,61%)
Média (kg)	220,41
DP (kg)	79,62

Tabela 2 – Número de registros, médias e desvios-padrão (DP) de pesos nas idades-padrão de bovinos Brahman

<b>Pesos</b>	<b>Número de registros</b>	<b>Mé s (kg)ia</b>	<b>DP (kg)</b>
PN	5	41,20	8,40
P60	126	85,70	17,94
P120	163	134,30	22,73
P205	183	192,23	28,99
P365	197	238,01	41,01
P550	112	321,56	45,68
P744	3	359,33	4,93

peso ao nascimento (PN), 60 (P60), 120 (P120), 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) e 744 (P744) dias de idade

Tabela 3 – Número de registros de matrizes, touros, grupo de contemporâneos (GC), total de animais, matriz de parentesco e total de observações para pesos de bovinos Brahman

<b>Informações</b>	<b>Número de registros</b>
Matrizes	10.236
Touros	781
GC	592
Total de animais	17.034
Matriz de parentesco	27.360
Gerações	4
Total de observações	85.370

## 2.2 Análise de dados

Inicialmente, foram testados os efeitos de ambiente que poderiam influenciar os pesos antes e após a desmama, sendo observado que as variáveis que influenciavam os pesos antes da desmama são as mesmas que influenciaram os pesos após a desmama. Sendo assim, foram considerados nos modelos os efeitos do grupo de contemporâneos como fixos. Como covariáveis, a idade do animal à pesagem (quarto grau) e idade da vaca ao parto (IVP) aninhada à classe de idade do animal (segundo grau), sendo formadas dez classes de idade com 8.252 a 9.970 mensurações cada. A IVP foi aninhada à classe de idade do animal para poder estimar a influência da idade da mãe sobre o estágio de crescimento da progênie, que não é constante ao longo do tempo. Como aleatórios foram considerados os efeitos genético aditivo direto (a), genético materno (m) e de ambiente permanente do animal (p).

Para as análises de regressão aleatória foram utilizados polinômios ortogonais de Legendre sobre a idade à pesagem, sendo efeito fixo no modelo para modelar a

curva média da população. Para as análises dos três efeitos aleatórios, genético aditivo, genético materno e de ambiente permanente do animal, foram utilizadas as ordens 3, 4, 5 e 6 de polinômios de Legendre. Os modelos podem ser observados na Tabela 4.

Tabela 4 – Modelos e ordens do polinômio para efeitos genéticos aditivo direto ( $k_a$ ), genético materno ( $k_m$ ), de ambiente permanente do animal ( $k_p$ ), e classes de resíduo ( $r$ )

Modelos	Ordens de Polinômio			
	$k_a$	$k_m$	$k_p$	$r$
leg333_1	3	3	3	1
leg333_5	3	3	3	5
leg334_5	3	3	4	5
leg343_5	3	4	3	5
leg344_5	3	4	4	5
leg345_5	3	4	5	5
leg445_1	4	4	5	1
leg445_5	4	4	5	5
leg455_5	4	5	5	5
leg456_5	4	5	6	5

As variâncias residuais foram modeladas utilizando classes com 1 e 5 níveis. A classe com 5 níveis foi construída agrupando-se as idades padrão 1-120, 121-205, 206-365, 366-550 e 551-744 dias, com o objetivo de verificar se as variâncias residuais alteram com a idade. O modelo de regressão aleatória segue descrito abaixo.

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{kb-1} \beta_m \phi_m(t_i) + \sum_{m=0}^{ka-1} \alpha_m \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{km-1} \gamma_m \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{kp-1} \delta_m \phi_m(t_{ij}) + E_{ij}$$

em que,  $y_{ji}$  é o peso real na  $i$  –ésima idade do  $j$  –ésimo animal;  $F$  é o conjunto de efeitos fixos;  $\beta_m$  é o coeficiente de regressão para modelar a trajetória média da população;  $\phi_m(t_i)$  é a função de regressão que descreve a curva média da população de acordo com a idade do animal ( $t_i$ );  $\phi_m(t_{ij})$  são as funções que descrevem a trajetória de cada indivíduo  $j$  de acordo com a idade ( $t_i$ ) para os efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético materno e ambiente permanente do animal;  $\alpha_m$ ,  $\gamma_m$ ,  $\delta_m$  são os regressores aleatórios genético aditivo, materno e de ambiente permanente do animal para cada animal;  $kb$ ,  $ka$ ,  $km$ ,  $kp$  são as ordens dos polinômios utilizadas para os efeitos descritos anteriormente;  $E_{ij}$  é o erro aleatório associado a cada idade  $i$  do animal  $j$ .

O modelo em notação matricial é representado abaixo.

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + W_1p + e$$

sendo,  $y$  o vetor de observações;  $b$  o vetor dos efeitos fixos (incluindo  $F_{ij}$  e  $\beta_m$ );  $a$  o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos genético aditivo direto;  $m$  o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos genético materno;  $p$  o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos de ambiente permanente do animal;  $X, Z_1, Z_2, W_1$  as matrizes de incidência correspondentes;  $e$  o vetor de resíduos.

As pressuposições em relação aos componentes são:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ p \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad V \begin{bmatrix} a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & K_m \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & K_p \otimes I_{N_A} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix};$$

em que,  $K_a$ ,  $K_m$  e  $K_p$  são as matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genético aditivo direto, genético materno e de ambiente permanente do animal;  $A$  é a matriz de parentesco entre os indivíduos;  $I$  é a matriz identidade;  $N_A$  é o número de animais com registro;  $N_M$  é o número de mães;  $\otimes$  é o produto de *Kroneker* entre matrizes;  $R$  representa uma matriz bloco diagonal, contendo as variâncias residuais. Assume-se, neste modelo, que não há correlação entre os coeficientes de regressão aleatórios para efeitos genético aditivo direto, materno e de ambiente permanente do animal.

Dado o modelo de regressão aleatória e as pressuposições associadas aos momentos, seguem abaixo as equações de modelos mistos (EMM).

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 & X'R^{-1}W_1 \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + K_a \otimes A^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 & Z_1'R^{-1}W_1 \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1} + K_m \otimes A^{-1} & Z_2'R^{-1}W_1 \\ W_1'R^{-1}X & W_1'R^{-1}Z_1 & W_1'R^{-1}Z_2 & W_1'R^{-1} + K_p \otimes I_{N_A} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ a \\ m \\ p \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_1'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \\ W_1'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Os componentes de covariâncias foram estimados utilizando modelo animal empregando modelos de regressão aleatória pelo método de máxima verossimilhança restrita com o critério de convergência padrão ( $10^{-8}$ ), utilizando o programa estatístico WOMBAT (MEYER, 2007), sendo escolhido o algoritmo AIREML por calcular os erros-padrão das estimativas.

Os resultados de cada critério de seleção de modelos são expressos por meio da comparação entre os mesmos, uma vez que menores valores para AIC (AKAIKE, 1973) e BIC (WOLFINGER, 1993) indicam o melhor ajuste. Os critérios AIC e BIC

consideram a falta de ajuste e o número de parâmetros estimados no modelo. O AIC e BIC podem ser empregados para comparar modelos com mesmos efeitos fixos, mas com diferentes estruturas de variância, sendo o BIC mais rigoroso por atribui maior penalidade aos modelos com maior número de parâmetros. Os critérios de informação estão representados abaixo.

$$AIC = -2 \ln L + 2p, \text{ e}$$

$$BIC = -2 \ln L + p \ln(N - r [X])$$

em que,  $p$  é o número de parâmetros do modelo;  $N$  é o número total de observações;  $r [X]$  é o posto da matriz de incidência de efeitos fixos;  $\ln L$  o logaritmo neperiano da função de máxima verossimilhança restrita.

A citação dos modelos de regressão aleatória neste estudo segue o padrão:  $legk_a k_m k_p r$  referindo-se à ordem da função de covariâncias para os efeitos genético aditivo direto ( $k_a$ ), genético materno ( $k_m$ ), de ambiente permanente do animal ( $k_p$ ) e a estrutura de variâncias residuais ( $r$ ).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os números de registros e média de pesos corporais por idade são apresentados na Figura 1. Houve maior concentração de registros entre os 100 e 240 dias de idade. Observou-se decréscimo no número de registros principalmente a partir dos 550 dias, o que pode ser indicativo de seleção dos animais próximo do peso ao sobreano. As médias de peso aumentaram linearmente do nascimento aos 744 dias de idade (aproximadamente dois anos), variando de 35 a 430 kg, respectivamente. Por volta dos 300 dias de idade há uma redução de crescimento na média de pesos, podendo este período corresponder à estação seca.

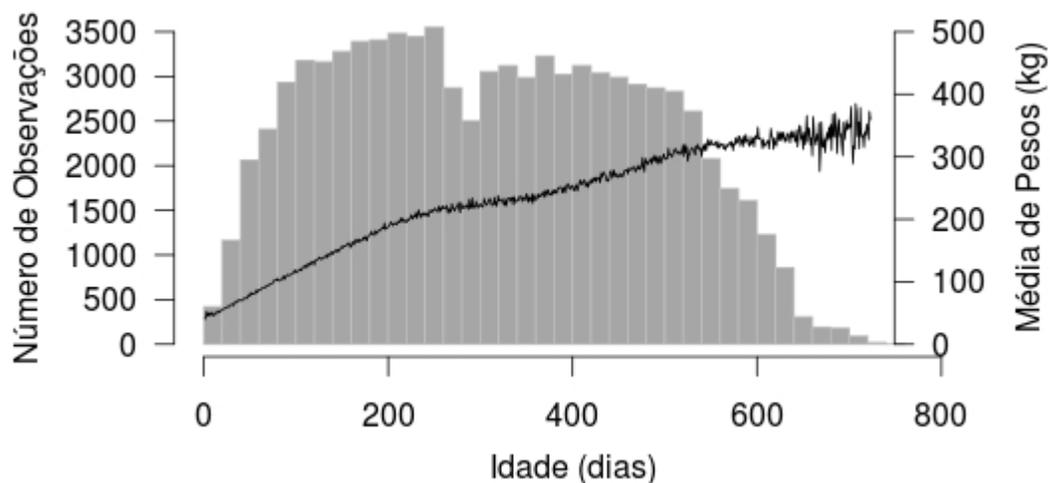


Figura 1 – Número de observações (barra) e média de pesos corporais (linha) por idade

Os desvios-padrão e os coeficientes de variação estão apresentados na Figura 2. Os desvios-padrão mostraram tendência de crescimento dos animais com a idade. Os coeficientes de variação apresentaram valores praticamente constantes, mostrando maiores oscilações no início do período estudado e principalmente nas idades

posteriores, próximos dos 700 dias de idade.

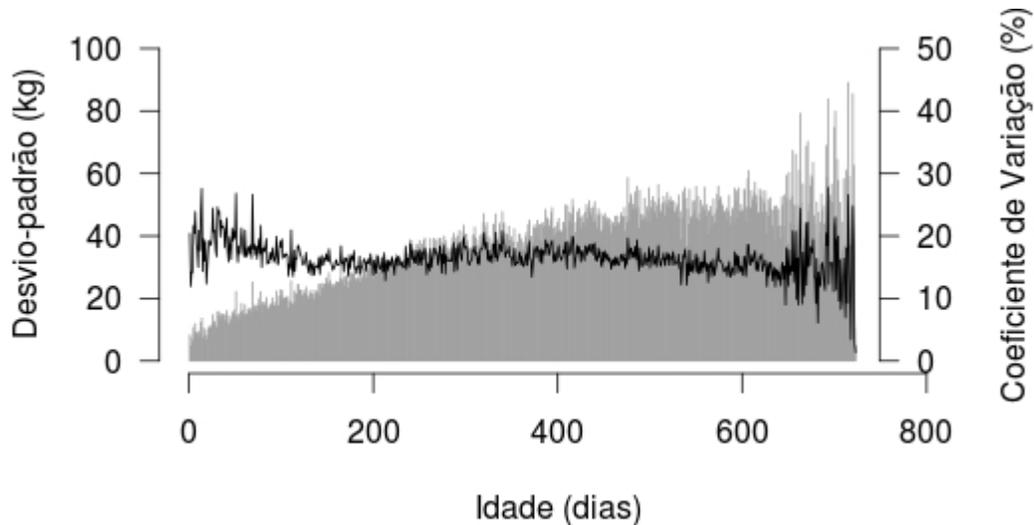


Figura 2 - Desvio-padrão (barra) e coeficiente de variação (cinza) para pesos de acordo com a idade

Na Tabela 5 estão descritos alguns dos modelos testados. As convergências dos demais modelos (Tabela 4) provavelmente se estabilizaram em um máximo local e em outros se obteve dificuldade em atingir a convergência (máximo global). Como já era previsto, o modelo considerando homogeneidade de variâncias residuais promoveu o pior ajuste segundo os critérios de AIC e BIC, indicando que as variâncias residuais foram distintas no decorrer do crescimento de bovinos da raça Brahman.

Tabela 5 – Modelos, ordens do polinômio para efeitos genéticos aditivo direto ( $k_a$ ), genético materno ( $k_m$ ), de ambiente permanente do animal ( $k_p$ ), classes de resíduo ( $r$ ); número de parâmetros ( $np$ ); logaritmo da função de verossimilhança ( $\log$ ); critério de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC)

Modelos	Ordens de polinômio					Critério Estatístico		
	$k_a$	$k_m$	$k_p$	$r$	$np$	$\log$	AIC	BIC
leg333_1	3	3	3	1	19	-311699,351	623436,702	623614,304
leg333_5	3	3	3	5	23	-311106,997	622259,994	622474,986
leg334_5	3	3	4	5	27	-310483,282	621020,564	621272,944
leg343_5	3	4	3	5	27	-310541,538	621137,076	621389,458
<b>leg344_5</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>31</b>	<b>-310318,816</b>	<b>620699,632</b>	<b>620989,404</b>

De acordo com os critérios de AIC e BIC, o modelo mais adequado para os efeitos genéticos direto, genético materno, de ambiente permanente do animal e variância residual é o de 3, 4 e 4 ordens com 5 níveis (leg344\_5), respectivamente). Ou seja, ajustado por polinômios quadrático, cúbico e cúbico, respectivamente, e 5 níveis de classes residuais, sendo o modelo mais parcimonioso (modelo que envolve o mínimo de parâmetros possíveis a serem estimados e que explique bem o comportamento da variável resposta), com 31 parâmetros.

As estimativas de (co)variâncias e correlações entre o intercepto e os coeficientes de regressão aleatória e seus autovalores, para o modelo leg344\_5 são apresentados na Tabela 6.

Tabela 6 - Estimativas de componentes de variância (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal), correlações entre os coeficientes de regressão aleatória (acima da diagonal) e autovalores correspondentes ( $\lambda$ ) para os efeitos genético aditivo direto, genético materno e de ambiente permanente do animal para leg344\_5

Efeitos aleatórios	Ordens do polinômio				Autovalores	
	0	1	2	3	$\lambda$	
Genético Aditivo	0	2084,40	0,90	-0,42	2737,80	
	1	1116,00	735,64	-0,14	208,89	
	2	-254,48	-52,52	172,16	45,50	
Genético Materno	0	232,60	0,84	-0,36	0,19	282,81
	1	97,11	56,50	0,07	0,55	92,46
	2	-32,70	3,27	35,16	0,84	5,60
	3	22,70	31,08	37,43	56,61	0,00
Ambiente Permanente do Animal	0	258,12	0,41	0,16	0,14	343,06
	1	74,27	125,60	0,84	0,25	197,69
	2	29,98	111,06	137,91	0,68	75,43
	3	21,78	27,41	77,94	94,54	0,00

Em todos os efeitos aleatórios estudados, o intercepto apresentou a maior estimativa de variância associada e maiores autovalores. Esse resultado evidencia que, mesmo sendo o modelo mais parametrizado (31 parâmetros) e o melhor segundo os critérios de AIC e BIC, os coeficientes de regressão de ordens superiores tendem a acrescentar menores proporções de variâncias para os efeitos aleatórios. As correlações entre o intercepto e coeficientes de regressão linear foram positivas para efeito genético aditivo (0,90), genético materno (0,84) e de ambiente permanente do animal (0,41). As correlações entre o intercepto e os coeficientes de regressão quadráticos foram de magnitude média negativas e baixa positiva (-0,42; -0,36; 0,16).

Resultados semelhantes utilizando regressão aleatória foram relatados por Albuquerque & Meyer (2001a), utilizando pesos do nascimento aos 630 dias de idade de bovinos Nelore; Dias et al. (2006), utilizando registros de pesos do nascimento aos 550 dias de idade de Tabapuã; Boligon et al. (2009), que utilizaram pesos do nascimento à idade adulta de Nelore; Baldi, Albuquerque e Alencar (2010) que avaliaram pesos do nascimento à idade adulta de Canchim; e Sousa Júnior et al. (2010) que utilizaram pesos do nascimento aos 660 dias de Tabapuã.

Os autovalores de quarto grau igual à zero para o efeito aleatório genético materno e de ambiente permanente do animal sugerem que estes graus não estão influenciando nas estimativas dos parâmetros, porém este modelo foi mantido por conter o melhor ajuste, segundo AIC e BIC. As estimativas de componentes de variância para os pesos do nascimento aos dois anos de idade utilizando o modelo (leg344\_5) são apresentadas na Figura 3.

As estimativas de variância genética aditiva apresentaram aumento conforme a idade a partir dos 100 dias de idade. As altas estimativas, mesmo nos pesos ao nascimento, pode ser pelo fato da raça Brahman ser relativamente nova e, por ter havido pouca seleção, é uma raça que possui grande variabilidade genética, e que, provavelmente, poderá responder bem à seleção para características de crescimento.

As estimativas de variância genética materna tiveram uma pequena queda logo após o nascimento até os 70 dias de idade, aumentando a partir desta idade até o final do período estudado, principalmente a partir dos 700 dias de idade.

As estimativas de variância para o efeito de ambiente permanente do animal foram semelhantes durante todo o período estudado, ocorrendo também aumento mais acentuado por volta dos 700 dias de idade, sendo linear em função da idade. O aumento acentuado ao final do período estudado pode ter ocorrido pela menor quantidade de informações, o que pode ter gerado maior variação.

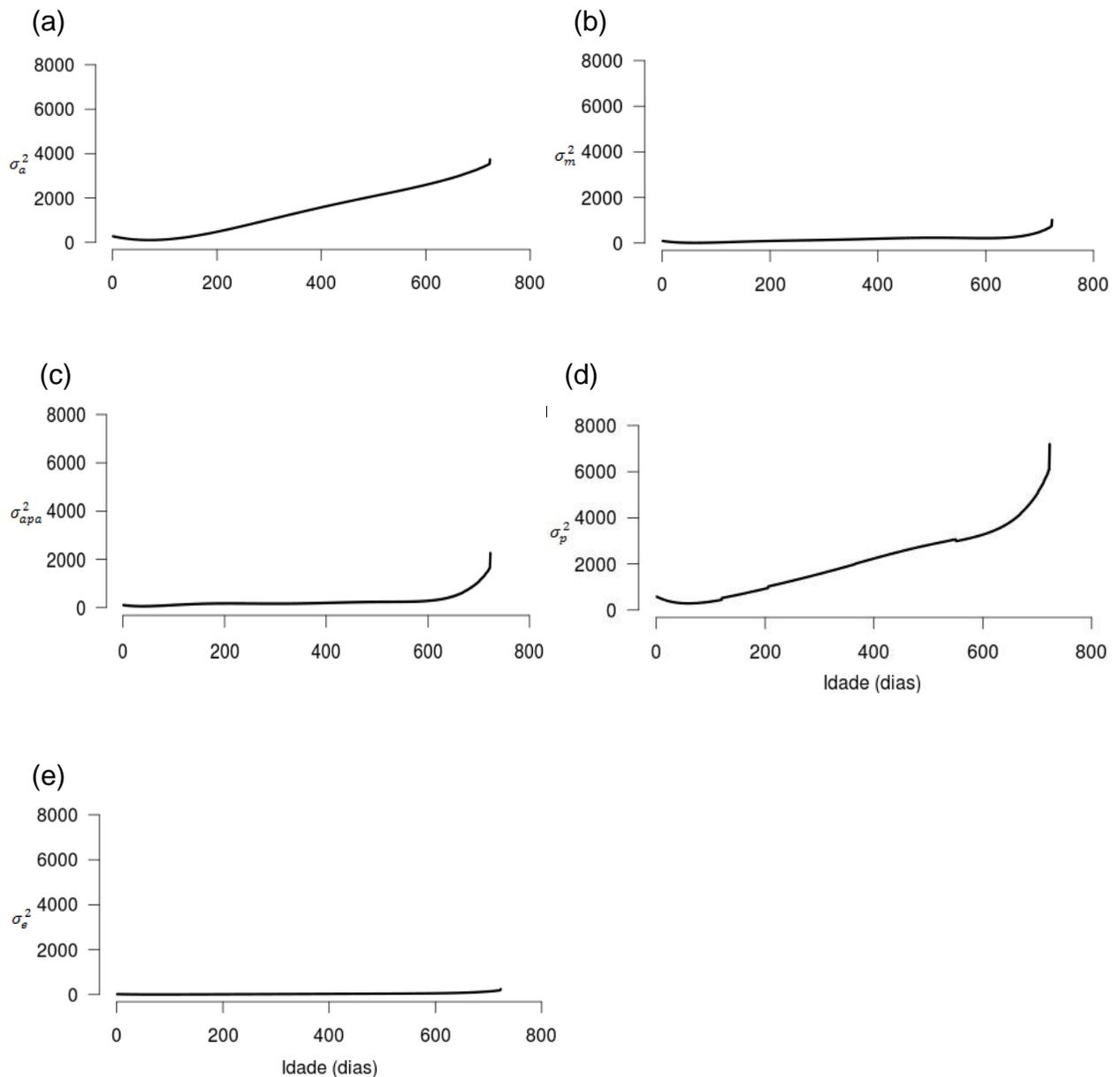


Figura 3 - Estimativas de componentes de variância genética aditiva direta  $\sigma_a^2$  (a), genética materna  $\sigma_m^2$  (b), de ambiente permanente do animal  $\sigma_{apa}^2$  (c), fenotípica  $\sigma_p^2$  (d) e residual  $\sigma_e^2$  (e), obtidas por meio do modelo de regressão aleatória leg344\_5

O rápido aumento observado na variância genética aditiva após 700 dias de idade, como já citado anteriormente, refletiu nas estimativas de variância fenotípica, apresentando tendência semelhante, sendo crescente durante todo o período estudado pelo fato do peso dos animais serem resultado da soma acumulada do ganho de peso ao longo da vida, o que cria uma dependência estrutural entre os mesmos.

Quanto às variâncias residuais, durante todo o período estudado houve constante aumento, o que evidencia um efeito constante que está presente ao longo da vida da progênie. O aumento acentuado a partir de 700 dias de idade provavelmente ocorreu por haver poucas informações no final do período estudado.

As estimadas de herdabilidade aditiva direta, herdabilidade materna e da variância de ambiente permanente do animal como proporção da variância fenotípica total ( $p^2$ ) para os pesos do nascimento aos dois anos de idade utilizando o modelo leg344\_5 são apresentadas na Figura 4. Os erros-padrão das estimativas de herdabilidades variaram de 0,018 a 0,035.

As herdabilidades para o efeito genético aditivo direto foram, em geral, superiores às estimativas encontradas na literatura. As estimativas decresceram do nascimento (0,47) aos três meses de idade (0,34), havendo aumento até 600 dias (0,79), e depois queda até 744 dias de idade (0,52), sendo a alta herdabilidade reflexo dos altos valores de variância genética aditiva. Estes resultados corroboram os estudos de Albuquerque & Meyer (2001a) e Dias et al. (2006), que trabalharam com regressão aleatória para pesos de bovinos da raça Nelore e Tabapuã, respectivamente, porém discordam dos resultados de Pelicioni, Albuquerque e Queiroz (2009), que trabalhando com modelos de regressão aleatória para pesos de bovinos da raça Guzerá, obtiveram herdabilidades crescentes até 200 dias (0,03 a 0,52). Para a raça Brahman da África do Sul, Mostert et al. (1998) em análise multicaracterística estimaram herdabilidade direta de magnitude semelhante para PN (0,45), porém diminuindo no peso desmama (0,25) e P550 (0,22). Faria et al. (2011), em análises bicaracterísticas, estimaram para bovinos Brahman no Brasil médias de herdabilidades para PN, P120, P210, P365 e P550 de magnitude moderada (0,32 a 0,43). Estimativas de herdabilidade direta de magnitude

superior foram obtidas por Bertipaglia et al. (2012) em análises bivariadas para P550 para a raça Brahman no Brasil (0,48).

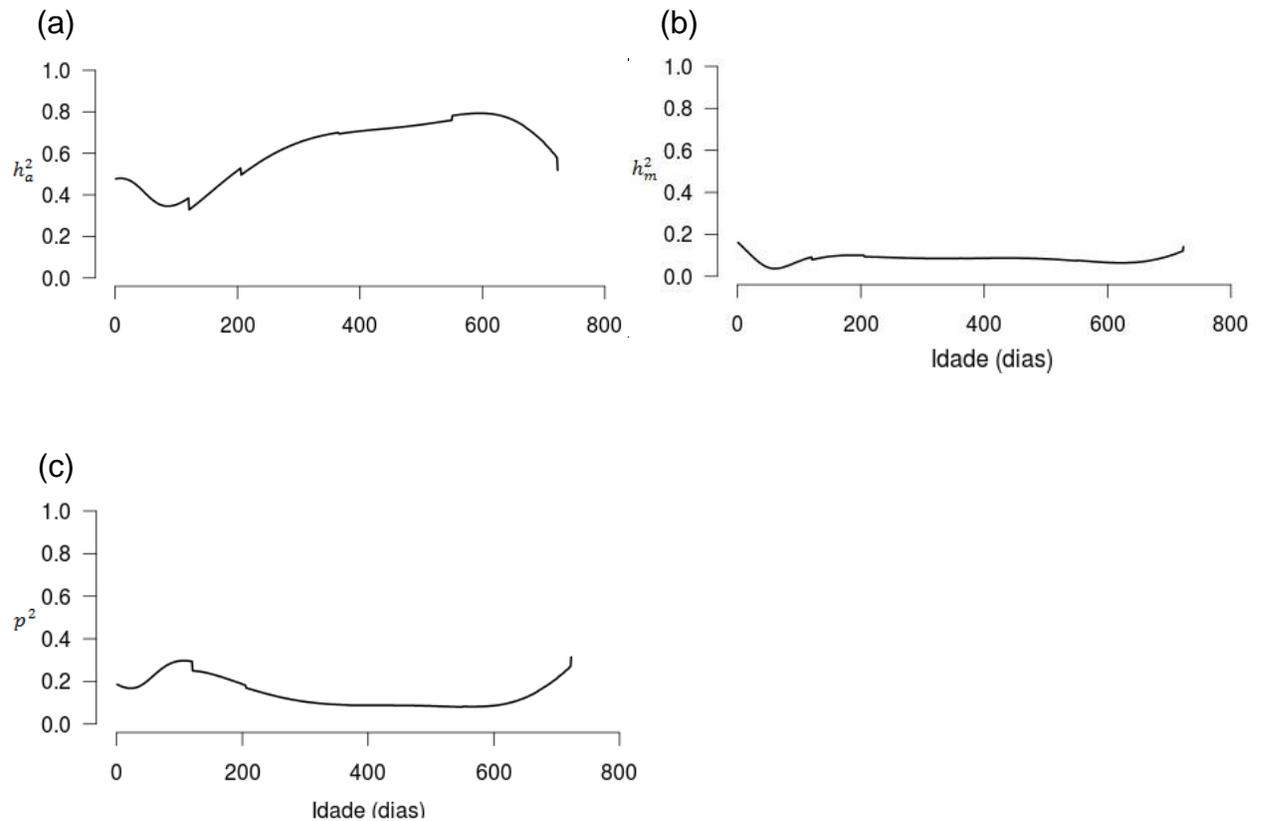


Figura 4 - Estimativas de herdabilidade aditiva direta  $h_a^2$  (a), herdabilidade materna  $h_m^2$  (b) e estimativas da variância de ambiente permanente do animal como proporção da variância fenotípica total  $p^2$  (c), obtidas por meio do modelo de regressão aleatória leg344\_5.

A estimativa de herdabilidade materna foi máxima ao nascimento (0,16) com posterior queda após este período até 60 dias de idade (0,037), apresentando acréscimo até o período da desmama (0,10), mantendo-se praticamente constante até haver um pequeno acréscimo ao final do período estudado (0,14). Ou seja, a herdabilidade materna foi maior nos extremos, coincidindo com os menores valores de herdabilidade aditiva direta. Albuquerque e Meyer (2001a) relataram que a herdabilidade direta tende a ser menor nas idades em que a herdabilidade materna apresenta maiores valores. Estimativa de herdabilidade materna máxima ao nascimento foi observada por Pico (2004), que trabalhou com bovinos Brahman da África do Sul (0,11), reduzindo aos P205 (0,06). Comportamento semelhante foi observado por Kriese, Bertrand e Benyshek (1991), que estimaram para a raça Brahman herdabilidade materna máxima para PN ajustado (0,18), com queda no P205 (0,12). Estes resultados concordam com os estudos de Baldi, Albuquerque e Alencar (2010) que também obtiveram via regressão aleatória herdabilidade materna máxima para pesos de bovinos Canchim ao nascimento (0,05), diminuindo após este período (0,02), incrementando-se aos 400 dias de idade (0,03) e diminuindo gradualmente até o final do período estudado. Porém, Plasse et al. (2002b) observaram comportamento diferente em análises bivariadas para pesos de bovinos Brahman da Venezuela, os quais obtiveram herdabilidade materna utilizando todos os bezerros do arquivo em estudo e bezerros com touros conhecidos para PN (0,07 e 0,06), P205 (0,14 e 0,13, respectivamente), reduzindo no peso ao sobreano (0,04).

Os resultados observados neste estudo comprovaram que os efeitos maternos começam a apresentar queda após o nascimento com posterior acréscimo e se mantém praticamente constante provavelmente pelo efeito residual ao longo da vida da progênie. Maior resposta à seleção para habilidade materna pode ser esperada se a seleção for realizada com base nos pesos próximos à desmama, pois neste período as estimativas de variância genética materna e herdabilidade materna passam a ser crescentes. Tendência semelhante foi relatada por Dias et al. (2006) para animais da raça Tabapuã.

As estimativas de variância de ambiente permanente do animal como proporção

da variância fenotípica total incrementaram-se do nascimento (0,18) aos 120 dias de idade (0,29), com posterior redução até os 600 dias (0,08) com rápido aumento até o final do período estudado (0,31). Ocorre o aumento desta variância no início da vida da progênie, pois nesta fase há mais susceptibilidade às variações ambientais, que com vão reduzindo com o passar do tempo.

As estimativas de correlação genética aditiva direta, genética materna e de ambiente permanente do animal entre os pesos nas idades estudadas para o modelo leg344\_5 estão apresentadas na Tabela 7 e Figura 5.

As estimativas de correlação genética aditiva direta entre pesos ao nascimento e as demais idades são de magnitude baixa negativa a alta positiva (0,73, -0,02, -0,41, -0,52, -0,43, -0,19) entre PN e as idades 60, 120, 205, 365, 550 e 744 dias, respectivamente. Estes resultados se assemelham aos de Mota (2012), entre pesos aos 100 dias e as demais idades (-0,48 a 0,05), porém discordam de Faria et al. (2011) para a raça Brahman do Brasil, que obtiveram correlações genéticas entre PN e P120, peso a desmama, P365 e P550 (0,51 a 0,79).

As estimativas negativas são inesperadas e podem ser reflexo da menor quantidade de informações de PN, uma vez que se espera que essas correlações sejam positivas. Outro problema que poderia estar associado é no uso de polinômios ortogonais em dados de crescimento de bovinos, tais como de inconsistências nas variâncias e covariâncias em idades extremas, em razão da maior ênfase que os polinômios colocam nas observações localizadas nos extremos da curva (MEYER, 1999).

As estimativas de correlação genética aditiva direta entre os pesos aos 60 (0,66; 0,31; 0,14; 0,13; 0,16), 120 (0,91; 0,81; 0,70; 0,50), 205 (0,97; 0,86; 0,60), 365 (0,94 e 0,73) e 550 dias de idade (0,91) com as idades subsequentes foram de magnitude baixa a alta, sugerindo que os efeitos genéticos nestas idades sejam controlados pelos mesmos genes e a seleção para pesos nessas idades pode alterar o peso em idades avançadas na mesma direção, entretanto, quanto mais tarde a seleção for realizada, maior a correlação com os pesos em idades avançadas, o que para as matrizes é indesejável.

Tabela 7 - Estimativas de correlação genética aditiva direta (acima da diagonal da tabela superior), genética materna (abaixo da diagonal da tabela superior) e de ambiente permanente do animal na tabela inferior para pesos do nascimento aos dois anos de idade utilizando o modelo leg344\_5

Correlações Genética Aditiva Direta e Genética Materna							
Pesos	PN	P60	P120	P205	P365	P550	P744
PN	-	0,73	-0,02	-0,41	-0,52	-0,43	-0,19
P60	0,33	-	0,66	0,31	0,14	0,13	0,16
P120	-0,54	0,59	-	0,91	0,81	0,70	0,50
P205	-0,51	0,55	0,97	-	0,97	0,86	0,60
P365	-0,005	0,64	0,68	0,80	-	0,94	0,73
P550	-0,05	0,54	0,64	0,78	0,99	-	0,91
P744	-0,95	-0,05	0,76	0,74	0,25	0,27	-

Correlação de Ambiente Permanente do Animal							
Pesos	PN	P60	P120	P205	P365	P550	P744
PN	-	0,43	0,04	0,085	0,74	0,90	-0,21
P60	-	-	0,91	0,90	0,80	0,61	0,32
P120	-	-	-	0,98	0,59	0,25	0,37
P205	-	-	-	-	0,67	0,23	0,22
P365	-	-	-	-	-	0,66	-0,24
P550	-	-	-	-	-	-	0,23

peso ao nascimento (PN), 60 (P60), 120 (P120), 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) e 744 (P744) dias de idade

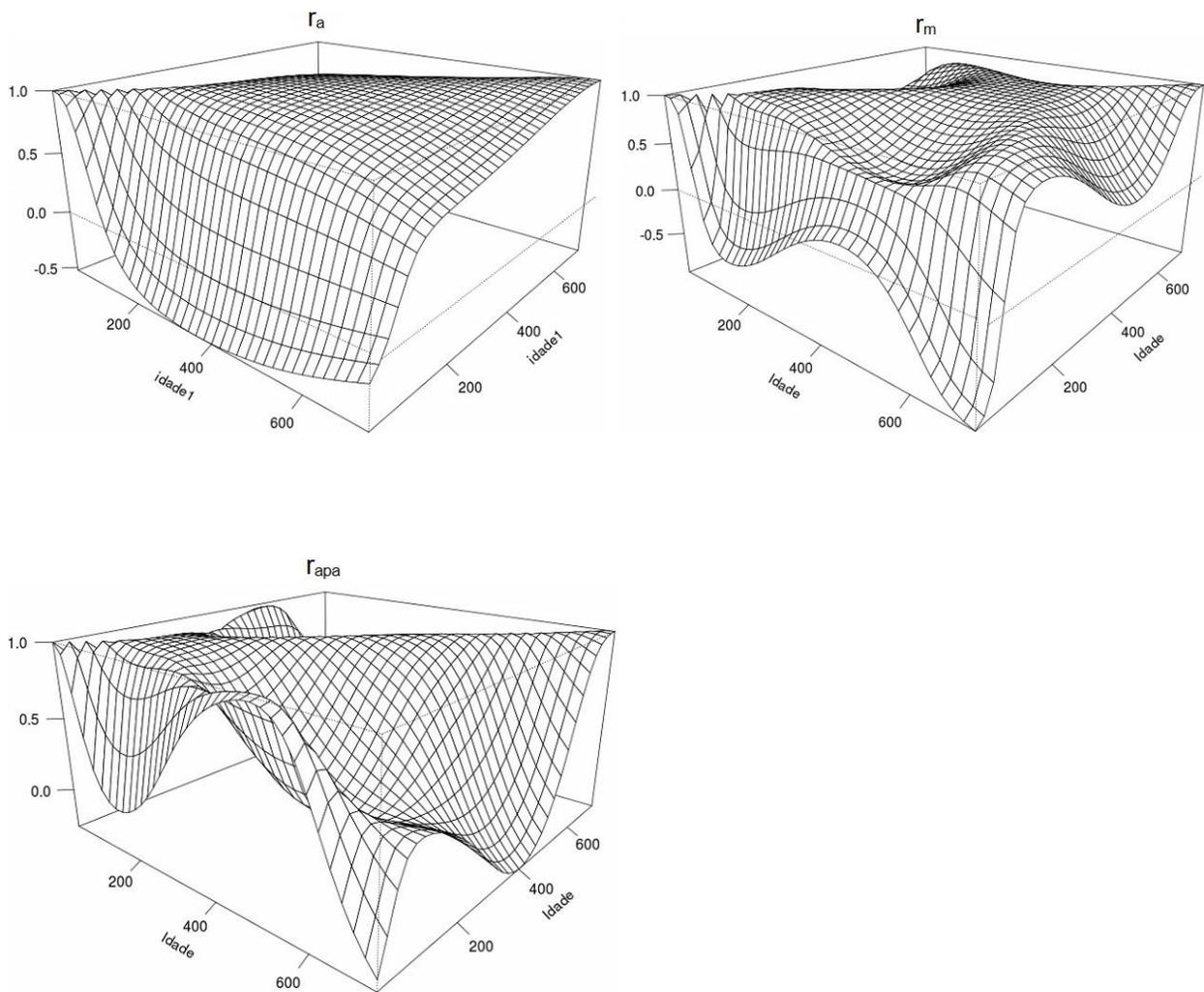


Figura 5 - Estimativas de correlação genética aditiva direta ( $r_a$ ), genética materna ( $r_m$ ) e de ambiente permanente do animal ( $r_{apa}$ )

Estes resultados estão de acordo com os estudos de Dias et al. (2006), entre os pesos dos 240 a 550 dias de idade (0,78 a 0,98); Boligon et al. (2009), entre pesos ao nascimento até 730 dias de idade (0,50 a 0,86) e Albuquerque & Meyer (2001a), entre peso ao nascimento até 550 dias de idade (0,44 a 0,97), respectivamente. Pelicioni, Albuquerque e Queiroz (2009) obtiveram estimativas de menor magnitude do nascimento a um ano de idade que variaram de baixa a média (0,069 a 0,32). Faria et

al. (2011) obtiveram estimativas de correlações genéticas aditiva direta para pesos ao nascimento aos 550 dias de idade de maior magnitude para a raça Brahman do Brasil entre PN (0,51 a 0,79), P120 (0,78 a 0,93), P210 (0,98 a 0,99), P365 (0,98) e demais idades subsequentes.

As estimativas de correlação genética materna apresentaram oscilações, como pode ser observado da Figura 5. Entre PN e as idades 60, 120, 205, 365, 550 e 744 dias foram de magnitudes moderada positiva a alta negativa (0,33, -0,54, -0,51, -0,005, -0,05 e -0,95, respectivamente). Estas estimativas negativas juntamente com a estimativa entre P60 e P744 (-0,05) podem ser reflexo da pouca quantidade de mensurações de pesos ao nascimento e aos 744 dias de idade.

As estimativas de correlações genética materna entre as demais idades foram de média a alta magnitudes (0,25 a 0,97), sugerindo que o potencial genético que a mãe possui para habilidade materna (leite, proteção, entre outros) tem associação direta com os pesos de sua progênie, sendo este efeito residual em idades avançadas, mas vão diminuindo conforme o distanciamento das idades. Estes resultados não concordam com Albuquerque & Meyer (2001a), que relataram baixas correlações genéticas maternas entre os pesos do nascimento e as idades 240, 365 e 550 dias (0,14, 0,05, e 0,05), respectivamente, e perto de unidade entre as demais idades. Porém, Nobre et al. (2003) estimaram baixas correlações genéticas maternas entre PN e P60 (0,20), e estimativas de correlação acima de 0,70 entre os pesos nas demais idades.

As correlações de ambiente permanente do animal também apresentaram estimativas que oscilaram durante o período estudado (Figura 5) entre o peso ao nascimento e as idades, 60, 120, 205, 365, 550 e 744 dias (0,43, 0,04, 0,085, 0,74, 0,90 e -0,21, respectivamente). As demais correlações foram de magnitude média a alta (0,22 a 0,98), exceto entre 365 e 744 dias (-0,24), o que evidencia forte importância do efeito de ambiente permanente de ambiente nos pesos, indicando que fatores ambientais permanentes que influenciaram em idades iniciais podem refletir nos pesos em idades avançadas pelo seu efeito residual nos pesos corporais.

As três principais autofunções para o efeito genético aditivo direto para o modelo leg344\_5 são apresentadas na Figura 6. Os três autovalores principais da matriz de coeficientes para o efeito genético aditivo direto foram responsáveis por 100% da variação genética aditiva total, sendo o primeiro autovalor responsável por 91,50% dessa variação.

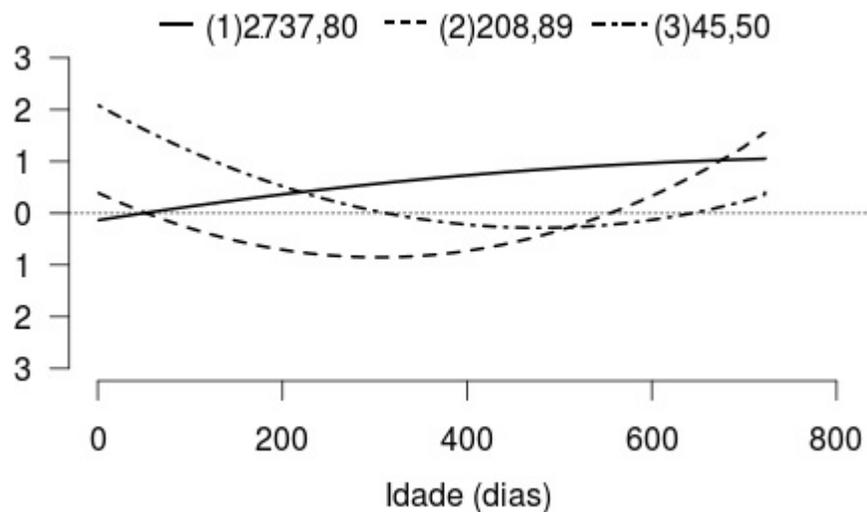


Figura 6 - Autofunções (1, 2 e 3) estimadas para o efeito genético aditivo direto e seus respectivos autovalores (2.737,80; 208,89 e 45,50) para o modelo leg344\_5

A primeira autofunção mostrou-se positiva a partir dos 60 dias de idade, indicando que existe correlação positiva entre os pesos dos dois meses até dois anos de idade. A seleção para pesos em idades iniciais poderá aumentar os pesos nas demais idades, uma vez que seu autovalor é muito dominante e a seleção para peso em qualquer idade melhoraria o peso em todas as idades na mesma direção. Esses resultados assemelham-se aos descritos por Meyer (1999), Albuquerque & Meyer (2001a), Boligon et al. (2009) e Baldi, Albuquerque e Alencar (2010).

A segunda autofunção foi positiva até 60 dias de idade, tornando-se negativa até próximo aos 600 dias de idade e positiva até o final do período estudado. A mudança de sinal indica que a seleção sobre este componente teria efeito contrário no início e meio da trajetória, ou seja, a seleção sobre esta variável diminuiria o peso entre 60 e 600 dias de idade, porém a seleção ao início refletiria no mesmo sentido ao final da trajetória e, diante disto, animais que nascem mais pesados tenderiam a ser os mais pesados aos dois anos de idade. Entretanto, a possibilidade de mudança genética por seleção sobre esse componente é limitada, uma vez que este foi responsável por 6,98% da variância genética aditiva.

A terceira autofunção indica relação negativa e desfavorável entre os pesos aos 365 até próximo aos 600 dias e favorável antes e a partir disto. Provavelmente, a seleção sobre esta variável poderia ser usada para alterar a curva de crescimento, ou seja, selecionar para pesos menores no início e maiores no final da trajetória considerada, porém esta autofunção é pouco representativa, já que representa apenas 1,52% da variação genética aditiva direta.

Portanto, no presente estudo para uma população de bovinos da raça Brahman do Brasil utilizando modelos de regressão aleatória, a modelagem da ordem de ajuste dos polinômios e de resíduo podem interferir na estimação dos componentes de variância. Quanto às ordens de ajuste dos polinômios, o melhor modelo indicado por todos os critérios foi o que considerou o efeito genético aditivo direto ajustado por um polinômio quadrático, o efeito genético materno ajustado por um polinômio cúbico e o efeito de ambiente permanente do animal ajustado por polinômio cúbico. A estrutura heterogênea modelou melhor as variâncias residuais para pesos obtidos em diferentes idades. Os resultados obtidos para o efeito genético aditivo direto indicam que a seleção para peso pode ser mais efetiva se realizada próximo à desmama, 205 dias de idade, período em que as estimativas da variância genética aditiva e herdabilidade direta passaram a apresentar acréscimo. Entretanto, quanto mais tarde a seleção for realizada, maior a correlação com os pesos em idades posteriores.

#### **4 CONCLUSÕES**

De acordo com as mudanças ocorridas nas (co)variâncias genéticas com a idade, a seleção para pesos poderia ser eficiente se baseada em idades próximas à desmama, pois foi neste período que as estimativas de variância genética aditiva e herdabilidade aditiva direta foram crescentes, o que permite identificar os animais de mérito genético para a características de crescimento.

A seleção com base em qualquer peso, da desmama ao sobreano, deve ser realizada levando em conta que esta população em estudo de bovinos da raça Brahman estaria sujeita ao aumento do peso em idades avançadas.

## 5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ACBB, Associação Criadores de Brahman do Brasil. **A História da Raça Brahman**. 2012. Disponível em: <<http://www.brahman.com.br/index.php/raca-brahman/a-historia-da-raca-brahman.html>>. Acesso em: 18 fev. 2013.

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

ALBUQUERQUE, L. G. **Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça Nelore**. 2003. 83f. Tese (Livre-Docência) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2003.

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, 2001a.

BALDI, F.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M. Random regression models on Legendre polynomials to estimate genetic parameters for weights from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 127, n. 4, p. 289-299, 2010.

BERTIPAGLIA, T. S.; CARREÑO, L. O. D.; MACHADO, C. H. C.; ANDRIGHETTO, C.; FONSECA, R. Estimates of genetic parameters for visual scores and their correlation with production and reproductive traits in Brahman cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 6, p. 1407-1411, 2012.

BOLIGON, A. A.; MERCADANTE, M. E. Z.; BALDI, F.; LÔBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L.G. Multi-trait and random regression mature weight heritability and breeding value estimates in Nelore cattle. **South African Journal of Animal Science**, v. 39, p. 145-148, 2009. Disponível em: <<http://www.sasas.co.za/>>. Acesso em: 13 ago. 2012.

DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R. A. Estimaco 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, n. 5, p. 1915-1925, 2006.

FARIA, L. C.; QUEIROZ, S. A.; VOZZI, P. A.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; MAGNABOSCO, C. U.; OLIVEIRA, J. A. Quantitative genetic study on growth traits of Brahman cattle in Brazil. **Ars Veterinaria**, v. 27, n. 1, p. 30-35. 2011.

KRIESE, L. A.; BERTRAND, J. K.; BENYSHEK, L. L. Genetic and environmental growth trait parameter estimates for Brahman and Brahman-derivative cattle. **Journal of Animal Science**, v. 69, p. 2362–2370. 1991.

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

MEYER, K. WOMBAT - A tool for mixed model analysis in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science B**, v. 8, p. 815-821, 2007.

MOSTERT, B. E.; GROENEVELD, E.; RUST, T.; VAN DER WESTHUIZEN, J., 1998. Multitrait variance component estimation of South African beef breeds for growth traits. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED OF LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale, v. 23, p. 145-152, 1998.

MOTA, R. R. **Avaliação genética do crescimento de bovinos da raça Simen utilizando modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória**. 2012. 112f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2012.

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.

PELICIONI, L. C.; ALBUQUERQUE, L. G.; QUEIROZ, S. A. Estimação de componentes de co-variância para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzera empregando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 1, p. 50-60, 2009.

PICO, B. A. **Estimation of genetic parameters for growth traits in South African Brahman cattle**. 2004. 73f. Dissertação (Mestrado) - University of the Free State, Bloemfontein, South Africa. 2004.

PLASSE, D.; VERDE, O.; ARANGO, J.; CAMARIPANO, L.; FOSSI, H.; ROMERO, R.; RODRIGUEZ, C. M.; RUMBOS, J. L. (Co)variance components, genetic parameters and annual trends for calf weights in a Brahman herd kept on floodable savanna. **Genetics and Molecular Research**, v. 1, n. 4, p. 282-297. 2002b.

R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2010, Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: ago. 2011.

SOUSA JÚNIOR, S. C; OLIVEIRA, S. M. P.; ALBUQUERQUE, L. G.; BOLIGON, A. A.; MARTINS FILHO, R. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 5, p. 1037-1045, 2010.

WOLFINGER, R. D. Covariance structure in general mixed models. **Communications in Statistics**, v. 22, p.1079-1106, 1993.