

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA
RAÇA CANCHIM COM MODELOS DE DIMENSÃO FINITA E
INFINITA**

Fernando Sebastián Baldi Rey
Engenheiro Agrônomo

JABOTICABAL, SP – BRASIL
2008

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA
RAÇA CANCHIM COM MODELOS DE DIMENSÃO FINITA E
INFINITA**

Fernando Sebastián Baldi Rey

Orientador: Dr. Mauricio Mello de Alencar

Co-orientadora: Profa. Dra. Lúcia Galvão de Albuquerque

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

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL

Setembro de 2008

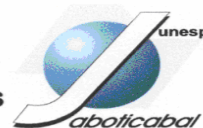
B177e Baldi Rey, Fernando Sebastián
Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça canchim com modelos de dimensão finita e infinita / Fernando Sebastián Baldi Rey. -- Jaboticabal, 2008
ix, 97 f. ; 28 cm

Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2008.
Orientador: Mauricio Mello de Alencar
Banca examinadora: Henrique Nunes de Oliveira, Humberto Tonhati, Lenira El Faro, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante
Bibliografia

1. Bovinos de corte. 2. Parâmetros genéticos 3. Curva de crescimento. 4. Modelos de regressão aleatória. I. Título. II. Jaboticabal - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.082:632.2

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



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM COM MODELOS DE DIMENSÃO FINITA E INFINITA

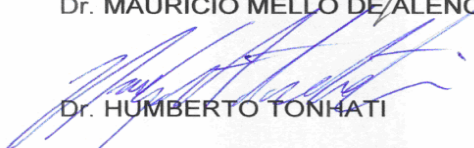
AUTOR: FERNANDO SEBASTIAN BALDI REY

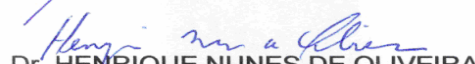
ORIENTADOR: Dr. MAURICIO MELLO DE ALENCAR

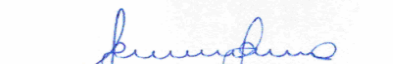
Co-Orientador(a): Dra. LUCIA GALVAO DE ALBUQUERQUE

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR em GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL pela Comissão Examinadora:


Dr. MAURICIO MELLO DE ALENCAR

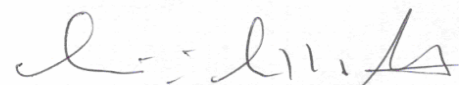

Dr. HUMBERTO TONHATI


Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA


Dra. LENIRA EL FARO ZADRA


Dra. MARIA EUGÊNIA ZERLOTTI MERCADANTE

Data da realização: 26 de setembro de 2008.


Presidente da Comissão Examinadora
Dr. MAURICIO MELLO DE ALENCAR

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

FERNANDO SEBASTIAN BALDI REY – nascido em 11 de agosto de 1978, na cidade de Montevideu, Uruguai, filho de Ruben Baldi Mato e Mirta Rey Iriarte. Iniciou em março de 1997 o curso de Agronomia na Faculdade de Agronomia, Universidade da Republica, Montevideu, e em 4 de março de 2002 obteve o titulo de Engenheiro Agrônomo. De setembro de 2001 a junho de 2004 foi ajudante de pesquisa do grupo de trabalho em gado de corte da Faculdade de Agronomia, na fazenda experimental Mario A. Cassinoni - EEMAC, em Paysandú. Em agosto de 2004 ingressou no mestrado através do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP – Campus de Jaboticabal – SP, como bolsista da Organização dos Estados Americanos (OEA), sob orientação do Dr. Mauricio Mello de Alencar, e concluiu em julho de 2006. Ingressou no curso de doutorado em agosto de 2006 na mesma Universidade como bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) sob orientação do Dr. Mauricio Mello de Alencar. Atualmente, é pesquisador na área de Nutrição e Melhoramento Animal do Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), localizado na cidade de Colonia, Uruguai.

AGRADECIMENTOS

Ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias “Júlio Mesquita Filho” – UNESP, pela oportunidade de realizar meu Doutorado.

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

À EMBRAPA Pecuária Sudeste, pela concessão dos dados.

Ao Instituto Nacional de Investigación Agropecuária (INIA) pela disponibilização dos computadores e tempo para realizar as análises.

Ao Dr. Mauricio Mello de Alencar, pela orientação, pelos ensinamentos, confiança e amizade, muito obrigado.

À Dra. Lucia Galvão de Albuquerque pela orientação, pelos ensinamentos, confiança e amizade, muito obrigado.

Aos Professores João Ademir de Oliveira, Henrique Nunes de Oliveira, Danísio Prado Munari e Humberto Tonhati pelas valiosas sugestões prestadas no Exame de Qualificação.

Às Dras. Lenira El Faro e Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, pelos ensinamentos, pela disponibilidade em participar da banca examinadora e pelas sugestões que contribuíram para aprimorar este trabalho.

À funcionária da EMBRAPA Pecuária Sudeste Sra. Vera Cardoso pelo apoio na hora de organizar a base de dados.

À minha namorada Roberta (“anjinho”) e sua família, pela ajuda, paciência, companhia e principalmente carinho.

Aos meus colegas e amigos do INIA pelo constante estímulo, apoio e principalmente pela amizade.

Aos colegas e amigos do departamento de Melhoramento Animal, Annaiza, Monyka, Marcos, Márcio Ribeiro, Arione, Luciana, Raul, André, Geovanny e Eduardo, pela amizade, ajuda e convívio.

Aos meninos da república, Márcio, Felipe, André, Thiago, Guilherme e Raphael, pela amizade, alegria e convívio.

Aos meus pais, minha irmã Cecília e meu cunhado Jose, por terem ajudado e apoiado sempre, pelo carinho, paciência, e por me dar força dia a dia.

Aos meus tios, primas e avó, pelo incentivo, carinho e apoio.

SUMÁRIO

	Página
ESTIMAÇÃO DE PARAMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM COM MODELOS DE DIMENSÃO FINITA E INFINITA.....	vi
Resumo.....	vi
ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR GROWTH TRAITS IN CANCHIM CATTLE WITH FINITE AND INFINITE MODELS.....	viii
Summary.....	viii
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
Objetivos.....	4
Revisão Bibliográfica.....	5
Referências Bibliográficas.....	11
CAPÍTULO 2 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM UTILIZANDO MODELOS DE DIMENSÃO FINITA.....	19
Resumo.....	19
Palavras-chave.....	19
Introdução.....	20
Material e Métodos.....	21
Resultados e Discussão.....	25
Conclusões.....	33
Referências Bibliográficas.....	35
CAPÍTULO 3 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA.....	39
Resumo.....	39
Palavras-chave.....	40
Introdução.....	41
Material e Métodos.....	42
Resultados e Discussão.....	48
Conclusões.....	65

Referências Bibliográficas.....	66
CAPÍTULO 4 - MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EMPREGANDO FUNÇÕES B-SPLINES PARA MODELAR CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM.....	70
Resumo.....	70
Palavras-chave.....	71
Introdução.....	72
Material e Métodos.....	73
Resultados e Discussão.....	79
Conclusões.....	91
Referências Bibliográficas.....	92
CAPÍTULO 5 – CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	95

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM COM MODELOS DE DIMENSÃO FINITA E INFINITA

RESUMO - Foram estimados parâmetros genéticos para pesos do nascimento à idade adulta de animais da raça Canchim por meio de análises uni, bi e multicaracterística, e por modelos de regressão aleatória. Os dados analisados são provenientes do rebanho da raça Canchim da Embrapa Pecuária Sudeste, localizada no município de São Carlos, São Paulo. Os pesos foram obtidos do nascimento até os nove anos e meio de idade. Nas análises uni, bi e multicaracterística foram utilizados pesos em ao nascimento, desmama, 12, 18, 24 e 30 meses de idade e, na idade adulta. Na análise unicaracterística foram utilizados quatro modelos, em que, diferentes efeitos aleatórios (efeito genético materno e de ambiente permanente materno) foram adicionados em seqüência. Nas análises de regressão aleatória, foram utilizados pesos de fêmeas do nascimento até os nove anos e meio de idade, considerando como funções base polinômios de Legendre e funções “b-splines”. A variância residual foi modelada utilizando 1, 4, 11 e 19 classes. Foram utilizados 12 modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre de segunda à sétima ordem para modelar a trajetória da variância dos efeitos genético aditivo direto e aditivo materno e de ambiente permanente direto e materno. Vinte modelos de regressão aleatória sobre funções “b-splines” foram considerados, empregando polinômios linear, quadrático e cúbico para cada segmento individual. Polinômios do mesmo grau foram considerados no modelo para todos os efeitos aleatórios. Até sete segmentos foram utilizados para os efeitos genético direto e de ambiente permanente do animal. Para os efeitos genético aditivo materno e de ambiente permanente materno foi utilizado um único segmento com dois nós nos extremos da curva. Os efeitos maternos influenciam os pesos do nascimento aos dois anos de idade sendo o peso à desmama o mais influenciado pelos efeitos maternos. As estimativas de herdabilidade direta obtidas das análises bi e multicaracterística foram superiores em relação àquelas obtidas das análises unicaracterísticas. É importante considerar os pesos prévios à seleção para estimar

parâmetros genéticos para pesos após a seleção, sendo a análise multicaracterística a mais indicada. O modelo que considerou polinômios de Legendre de quarta e quinta ordem para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, respectivamente, e de terceira e segunda ordem para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno, respectivamente, foi suficiente para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais. As estimativas de herdabilidade direta e materna obtidas por modelos de regressão sobre polinômios de Legendre seguiram tendência semelhante daquelas obtidas pela análise multicaracterística. O modelo que considerou funções “b-splines” quadráticas com três segmentos para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto e dois nós para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno foi suficiente para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais. Os modelos de regressão aleatória sobre funções “b-splines” modelaram adequadamente as trajetórias das variâncias genéticas e ambientais e propiciaram melhor descrição da trajetória das variâncias em relação aos polinômios ortogonais, sobretudo em idades tardias, entretanto com maior número de parâmetros que os modelos de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais. A seleção de animais para maior peso, sobretudo após o desmame, acarretará incremento no peso adulto das fêmeas. Existe pouca possibilidade de se modificar a curva de crescimento em bovinos da raça Canchim visando selecionar animais de rápido crescimento a idades jovens e baixo peso adulto nas fêmeas.

Palavras-chaves: bovinos de corte, correlação genética, curva de crescimento, herdabilidade, modelo multicaracterística, modelos de regressão aleatória

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR GROWTH TRAITS IN CANCHIM CATTLE WITH FINITE AND INFINITE MODELS

SUMMARY – Genetic parameters were estimated for weights taken from birth to mature age in Canchim (5/8 Charolais + 3/8 Zebu) cattle of breed by one, two and multitrait analyses and by random regression models. The data analyzed were from a herd of Canchim beef cattle belonging to Embrapa's Southeast Cattle Research Center, located in São Carlos county, state of São Paulo. Weights were taken from birth to nine and half years of age. Weights at birth, weaning, 12, 18, 24 and 30 months of age and at mature age were analyzed using one, two and multitrait models. In onetrait analyses, four models were tested, in which different random effects (genetic and environment permanent maternal effects) were added. For random regression models age of cow varied from birth to 3.542 days of age. Legendre polynomials and b-splines functions of age at recording were used as basis functions in random regression models. Residual variances were modeled by a step function with 1, 4, 11 and 19 classes. A total of 12 random regression models using Legendre polynomials as basis functions, from second to seventh order, were used to model direct and maternal genetic effects, animal and maternal permanent environmental effects. A total of twenty analyses, considering linear, quadratic and cubic b-splines functions and up to nine knots, were carried out. Spline functions of the same order were considered for all random effects. Maternal effects influenced weights from birth until two years of age, being weaning weight the most affected by maternal effects. Direct heritabilities obtained by twotrait and multitrait analyses were higher than estimates obtained from onetrait analyses. In order to estimate genetic parameters for weights after selection it is important to consider weights before selection and the multitrait analyses is the most adequate. The model with direct and maternal genetic effects, animal and maternal permanent environmental effects adjusted by quartic, cubic, quintic and linear Legendre polynomials, respectively, and residual variances modeled by four classes, was the most adequate to describe the covariance structure of the data. Direct and maternal heritabilities obtained by multitrait

and random regression models using Legendre polynomials as basis functions were very similar. A model fitting quadratic b-splines, with four knots or three segments for direct genetic and animal permanent environmental effects and two knots for maternal genetic and maternal permanent environmental effects, was the most adequate to describe the covariance structure of the data. Random regression models using b-spline functions as basis functions were more adequate to describe the covariance structure of the data than Legendre polynomials, especially at mature ages, but higher number of parameters was needed to estimate with spline functions. Selection for higher weight after weaning will produce an increase in mature cow weight. Selection to obtain animals with rapid growth at early ages and moderate to low mature cow weight is difficult to be attained because the possibility to modify the growth curve in Canchim cattle is reduced.

Keywords: beef cattle, genetic correlation, growth curve, heritability, multitrait models, random regression models

CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS

A seleção tem sido responsável por importantes mudanças na pecuária de corte do Brasil (ALENCAR, 2004). Os programas de avaliação genética de bovinos de corte no Brasil, normalmente contemplam, além de outras, características de crescimento (ALENCAR, 2002). A seleção para pesos em idades jovens pode resultar em aumento no tamanho adulto dos animais (BARBOSA, 1991; OLIVEIRA, 1995; MASCIOLI et al., 1999; SILVA et al., 2000). Criadores e pesquisadores têm discutido sobre as conseqüências do aumento indiscriminado do tamanho da vaca sobre a produtividade. Uma preocupação importante é o fato de que a energia necessária para atingir e manter o peso adulto da vaca representa o maior custo no sistema de produção de carne (FERRELL & JENKINS, 1985). Este fato é de importância fundamental nos sistemas de produção do Brasil, em que o rebanho de vacas é mantido em regime exclusivo de pastagens. A seleção para adequar o peso ou tamanho adulto da vaca às condições de alimentação e manejo, enquanto se aumenta o peso à desmama e ao abate da progênie, requer estimativas acuradas de parâmetros genéticos de pesos em diferentes idades.

Em bovinos de corte, as características de crescimento como o peso vivo podem ser mensuradas em um mesmo animal repetidas vezes ao longo de sua vida. Tradicionalmente, no melhoramento genético animal, para a estimação dos componentes de variância para essas características, tem-se utilizado modelos multicaracterísticas (ARANGO et al., 2002; MERCADANTE et al., 2004) e, para peso adulto, modelos de repetibilidade (CHOY et al., 2002; NEPHAWA, 2004). Nos modelos multicaracterísticas, normalmente os pesos são ajustados em determinadas idades padrão, e são formadas classes arbitrárias de idades, como por exemplo: ao nascimento, ao desmame, ao ano e à idade adulta. Com estes modelos, é assumido que os pesos ajustados de diferentes classes de idades representam características diferentes, sendo que as covariâncias e correlações genéticas entre pesos de classes diferentes variam, mas nenhuma pressuposição é feita sobre a estrutura de covariâncias. Com os modelos multicaracterísticas, o número de parâmetros a ser

estimado é equivalente a $[t(t+1)n]/2$, em que t é o número de medidas por indivíduo e n é o número de componentes de variância estimados (MEYER, 1997; OLORI, 1997). Quando o número de classes de idades é muito grande, ocorre superparametrização do modelo, tornando a análise lenta e exigindo maior capacidade computacional (NOBRE et al., 2003a). Por outro lado, o modelo de repetibilidade com menor complexidade em relação à análise multicaracterística, assume que medidas tomadas em diferentes idades, em um mesmo animal representam repetições de uma mesma característica, com variâncias genéticas e não genéticas constantes, suposições inválidas de acordo com o demonstrado por MEYER (1999), NEPHAWE (2004) e BOLIGON et al. (2008).

Mais recentemente, os modelos de regressão aleatória têm se transformado numa alternativa para a modelagem de características que são mensuradas repetidas vezes na vida do animal, e que mudam gradual e continuamente ao longo do tempo (MEYER, 2004; SCHAEFFER, 2004). A aplicação de modelos de regressão aleatória para características de crescimento em bovinos permite estimar e predizer parâmetros e valores genéticos para qualquer idade desejada, mesmo para idades em que o animal não tenha sido mensurado. Com a utilização desses modelos, não há necessidade de se criar classes de idades ou de utilizar fatores de ajuste para idade, uma vez que esta está incluída na matriz de delineamento. Além disto, esses modelos permitem utilização eficiente de toda a informação disponível de cada animal, já que, todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas para a avaliação genética, com potencial aumento da acurácia das estimativas (MEYER, 2004).

A utilização de modelos de regressão aleatória permite considerar mudanças na média e variâncias da característica ao longo do tempo, assim como, estimar a covariância entre qualquer par de pontos na trajetória por meio das denominadas funções de covariância. Segundo KIRPATRICK et al. (1990), as funções de covariância são funções contínuas que permitem estimar as variâncias e covariâncias de uma característica medida em diferentes pontos de uma trajetória. Os modelos de regressão aleatória podem ser considerados um caso especial das funções de covariância (MEYER, 1998a). VAN DER WERF & SCHAEFFER (1997) resumiram as vantagens das funções de covariâncias relatando que as mesmas permitem modelar, de forma

acurada, a estrutura de covariâncias das características, predizer as estruturas de covariâncias em qualquer ponto de uma escala contínua de tempo, dar maior flexibilidade na utilização de medidas de peso do animal tomadas em qualquer momento ao longo da vida, sem necessidade de corrigi-las para idades padrão, e analisar padrões de covariância associados a determinadas alterações da característica ao longo da trajetória.

No melhoramento genético animal, os modelos de regressão aleatória vêm sendo empregados em avaliações genéticas de bovinos leiteiros (ALBUQUERQUE, 2004), na estimação de parâmetros genéticos de diversas características em gado de leite (SCHAEFFER & DEKKERS, 1994; JAMROZIK & SCHAEFFER, 1997; OLORI, 1997; TIJANI et al., 1999; REKAYA et al., 1999; VEERKAMP et al., 1999; BROTHERSTONE et al., 2000; JAMROZIK et al., 2002; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; COBUCI et al., 2004; COSTA et al., 2008) e, em gado de corte, para descrever a curva de crescimento (VARONA et al., 1997), estimar parâmetros genéticos para peso de animais em fase de crescimento (AZIZ et al., 2005; MEYER, 2001, 2002 e 2005a;), peso da vaca adulta (MEYER, 1999 e 2003; ARANGO et al., 2004; NEPHAWA, 2004; BOLIGON, 2008) e em características reprodutivas (MERCADANTE, 2001; NISHIDA et al., 2006).

No Brasil, a implementação de modelos de regressão aleatória, visando à estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em gado de corte, tem sido usada para animais em fase de crescimento (SAKAGUTI, 2000; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a, b; CYRILLO, 2003; NOBRE et al., 2003b; SCARPEL, 2004; SILVA, 2004; TORAL, 2004; ALBUQUERQUE & MEYER, 2005; DIAS et al., 2006), havendo poucos trabalhos (BOLIGON, 2008) considerando o crescimento até pesos a idade adulta. A relevância da implementação dos modelos de regressão aleatória está no fato de ser possível descrever o comportamento dos componentes de variância ao longo da trajetória do crescimento, estimar e predizer 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. Neste sentido, considerando a escassez deste tipo de informações para

características de crescimento em bovinos adultos no Brasil e dada a importância do peso ou tamanho da fêmea na eficiência produtiva do rebanho de vacas, torna-se importante o desenvolvimento do presente estudo.

Objetivos

O objetivo geral proposto neste trabalho foi estudar a variação genética do crescimento de bovinos da raça Canchim do nascimento até a idade adulta, utilizando modelos de dimensão finita e infinita.

Os objetivos específicos foram:

- a) Avaliar diferentes modelos, em relação aos efeitos maternos considerados, para a estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim;
- b) Verificar se há variabilidade genética para pesos do nascimento à idade adulta aplicando análises uni, bi e multicaracterística;
- c) Avaliar diferentes definições de variâncias residuais para modelos de regressão aleatória, buscando minimizar o número de parâmetros a serem estimados;
- d) Verificar se há variabilidade genética para pesos do nascimento à idade adulta aplicando modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre e funções “b-spline”, buscando modelos parcimoniosos e que permitam acelerar o processo de obtenção dos componentes de variância;
- e) Analisar a possibilidade de modificar a curva de crescimento em bovinos da raça Canchim por meio da seleção genética, aplicando modelos de regressão aleatória.

Revisão Bibliográfica

Modelos de regressão aleatória e funções de covariâncias

Os modelos de regressão aleatória e as funções de covariância têm sido utilizados como alternativa para modelar características longitudinais, como o crescimento em bovinos de corte (MEYER, 1998a, 2000). Mediante a utilização dos modelos de regressão aleatória, todos os efeitos genéticos e ambientais associados a um indivíduo são obtidos como desvios da trajetória de crescimento de cada animal em relação a uma trajetória de crescimento comum a todos os animais presentes na análise (SAKAGUTI et al., 2002).

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 (MEYER, 1998a). Neste sentido, as funções de covariância podem ser utilizadas para descrever as variações genéticas aditivas direta e materna, de ambiente permanente individual e materno ao longo da trajetória do crescimento, e para obter as estimativas dos parâmetros genéticos e predições dos valores genéticos em qualquer ponto da curva do crescimento (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001b).

Geralmente, as funções de covariância são modeladas por polinômios ortogonais, mas outros tipos de funções também são utilizadas, como as funções “spline” (HUISMAN et al., 2002), que constam de vários segmentos de polinômios de baixo grau unidos entre si em posições determinadas, chamadas nós, para formar uma curva contínua. Portanto, o número de parâmetros a ser estimados em análises de modelos de regressão aleatória varia em função dos efeitos que se deseja modelar e da ordem dos polinômios utilizados, assim como, do número de nós utilizados, no caso das funções “spline”.

Os polinômios ortogonais têm sido utilizados em modelos de regressão aleatória, para estimar funções de covariância em estudos de crescimento de bovinos de corte (MEYER, 1999; SAKAGUTI, 2000; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a,b; MEYER,

2001; CYRILLO, 2003; MEYER, 2003; NOBRE et al., 2003a; ARANGO et al., 2004; NEPHAWE, 2004; TORAL, 2004; MEYER, 2005d). Segundo KIRKPATRICK et al. (1994), a utilização de polinômios ortogonais é justificada por serem normalizados e mais adequados para o ajuste de funções contínuas tornando mais eficiente o processo de convergência. Entretanto, de acordo com MEYER (2000), os polinômios ortogonais são adequados para modelar o crescimento de vacas de corte somente quando for possível ajustar polinômios de alto grau.

Uma série de dificuldades têm surgido na aplicação de polinômios ortogonais em dados de crescimento de bovinos, como: 1) problemas 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; 2) problemas com polinômios de alto grau, principalmente para modelar os efeitos de ambiente permanente do animal, o que leva ao aumento do número de parâmetros a serem estimados e conseqüente aumento nas exigências da capacidade computacional e nos erros das estimativas, 3) não modelam adequadamente o padrão cíclico dos dados, típico em características de crescimento submetidas a efeitos estacionais do clima; e 4) falta de comportamento assintótico, já que, em geral, o crescimento animal atinge um “plateau” à maturidade (MEYER, 1999; 2001; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a; ARANGO et al., 2004).

Ultimamente, as funções “spline” têm surgido como funções alternativas aos polinômios ortogonais para modelagem de algumas funções biológicas. As funções “spline” podem ser modeladas de várias formas (diferentes bases). Dependendo da escolha, elas podem proporcionar redução da multicolinearidade, ser de fácil estimação (linear nos parâmetros) e possuir interpretação biológica simples. No contexto da regressão aleatória, as funções “spline” têm sido utilizadas no melhoramento animal para ajustar a curva de lactação de vacas leiteiras (WHITE et al., 1999; TORRES JÚNIOR, 2001). Em bovinos de corte, essas funções foram aplicadas para descrever a variação genética do crescimento, do nascimento até os 820 dias de idade (MEYER, 2005a, c), a partir do nascimento até um ano de idade (IWASAKI et al., 2005) e a partir de um ano e meio até os sete anos idade em vacas (MEYER, 2005b), sendo menos

susceptíveis a problemas freqüentemente observados com os polinômios ortogonais. Esta menor susceptibilidade se deve ao fato do modelo conter segmentos individuais de polinômios de menor grau e melhor controle da influência global das observações individuais. Segundo MEYER (2000), mediante as funções “spline”, é possível ajustar polinômios de baixo grau em segmentos curtos da trajetória de crescimento e, desta forma, ser mais flexível no ajuste das flutuações estacionais do crescimento em bovinos.

A maior dificuldade em se utilizar as funções “spline” está na estimação dos nós, uma vez que, a relação entre nós e parâmetros é não linear. Contudo, o conhecimento prévio na área técnica específica, o uso de diagramas e médias para a estimação grosseira dos nós ou o uso de um modelo não-linear para a estimação simultânea dos nós e dos coeficientes de regressão, podem ser empregados nesta tarefa. Segundo MEYER (2005c), atualmente não existe um procedimento para estabelecer os locais dos nós, mas a recomendação é situar os nós onde são esperadas mudanças na forma da curva. No entanto, MEYER (2005 a, b, c) localizou os nós em posições eqüidistantes ao longo do tempo. Um bom ajuste dependerá da boa escolha dos graus dos polinômios e os locais onde os nós serão inseridos. Assim, MEYER (2005c) concluiu que o êxito da aplicação das funções “spline” em modelos de regressão aleatória é condicionada pela dispersão e distribuição dos dados.

Estimativas de herdabilidade direta

Em gado de corte, são escassos os trabalhos em relação a estimativas de parâmetros genéticos para peso adulto da vaca utilizando-se modelos de regressão aleatória. Nesses trabalhos (MEYER, 1999; ARANGO et al., 2004; NEPHAWE, 2004), com exceção de MEYER (2003) e BOLIGON (2008), os pesos foram considerados a partir de um ano e meio de idade, quando seria de interesse, do ponto de vista da seleção baseada na curva de crescimento, considerar pesos anteriores na vida da fêmea de forma a se obter uma trajetória do crescimento mais completa. Em geral, as estimativas de herdabilidade obtidas por modelos de regressão aleatória para peso da

vaca são maiores à idade adulta em relação às estimativas obtidas por análise convencionais, sobretudo nos extremos da curva, o que, pode estar associado à falta de ajuste dos polinômios utilizados (ARANGO et al., 2004).

MEYER (1999) trabalhou com pesos de vacas das raças Hereford e Wokalup obtidos entre 19 e 119 meses de idade, utilizando modelos de repetibilidade e de regressão aleatória. Os valores de herdabilidade estimados por modelos de regressão aleatória variaram de 0,37 a 0,57 para as vacas Hereford e de 0,42 a 0,49 para as vacas Wokalup. Essas estimativas foram maiores que as obtidas utilizando-se um modelo de repetibilidade (0,31). NEPHAWE (2004), trabalhando com pesos de vacas da raça Bonsmara entre os dois e onze anos de idade, obteve estimativas de herdabilidade que variaram entre 0,39 e 0,47 utilizando modelos de regressão aleatória, e foram comparáveis às estimativas obtidas com um modelo de repetibilidade (0,41). ARANGO et al. (2004) estimaram parâmetros genéticos e fenotípicos para peso de vacas cruzadas empregando modelos de regressão aleatória. Os autores obtiveram estimativas de herdabilidade que variaram de 0,38 (36 meses) a 0,78 (94 meses), próximas às estimativas obtidas por meio do modelo de repetibilidade (0,51 a 0,58) e modelos multivariados (0,50 a 0,66), com exceção daquelas estimativas em idades avançadas obtidas pelos modelos de regressão aleatória, que foram maiores (0,70 para idades posteriores aos 88 meses). Segundo MEYER (1999), problemas nas estimativas obtidas nas extremidades do período estudado podem ser causados pela utilização de polinômios com ordens de ajuste insuficientes ou inadequadas.

MEYER (2003) estimou funções de covariância para peso visando modelar a trajetória completa do crescimento em fêmeas da raça Angus, desde o nascimento até os 3.000 dias de idade, as estimativas de herdabilidade para peso diminuíram gradualmente do nascimento até próximo aos 200 dias, aumentando a seguir com a idade do animal. Os valores estimados foram: 0,40 ao nascimento; 0,10 próximo aos 200 dias; 0,25 aos 200 dias; 0,35 aos 400 dias; 0,38 aos 600 dias de idade; e de 0,48 a 0,66, com média de 0,57 em idades compreendidas entre 1.500 e 2.800 dias. ALBUQUERQUE & MEYER (2001b) também reportaram baixas estimativas de

herdabilidade para pesos próximos aos 180 dias, utilizando modelos de regressão aleatória em bovinos da raça Nelore.

Estimativas de herdabilidade materna

Em gado de corte, os efeitos maternos são importantes para as características de crescimento até o desmame, embora efeitos significativos permaneçam após o desmame (MEYER, 1992). 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. Segundo MEYER (1992), os modelos que não levam em consideração o efeito aditivo materno conduzem a superestimação nas estimativas de herdabilidade direta. Na literatura, para características de crescimento em bovinos de corte, são escassos os trabalhos sobre estimativas de herdabilidade materna obtida por modelos de regressão aleatória.

MEYER (2003), trabalhando com fêmeas da raça Angus, obteve estimativas de herdabilidade materna por modelos de regressão aleatória, sendo máxima (0,06) aos 200 dias de idade, diminuindo gradualmente a zero até próximo aos 600 dias de idade. MEYER (2001), ALBUQUERQUE & MEYER (2001a, b), NOBRE et al. (2003a) e MEYER (2005d) obtiveram comportamento similar das estimativas de herdabilidade materna ao longo do tempo, em animais de diferentes raças. DIAS et al. (2006) obtiveram estimativas que aumentaram do nascimento (0,08) até próximo ao desmame (0,14) e diminuíram nas idades subseqüentes e, chegando a 0,06 aos 570 dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã. Estes resultados confirmam a maior importância do efeito materno até a desmama, embora sua relevância diminua em idades subseqüentes, este efeito continua presente. Contudo, TORAL (2004) trabalhando com animais em crescimento da raça Canchim, do nascimento até os 760 dias de idade, observaram comportamento diferente nas estimativas de herdabilidade materna, que aumentaram do nascimento até os 180 dias de idade, e permaneceram relativamente constante no decorrer do tempo. Este comportamento pode ser explicado por

diferenças na estrutura dos dados e/ou na ordem dos polinômios utilizados para modelar os efeitos maternos.

Correlações genéticas

O coeficiente de correlação genética mede o grau de associação genética entre duas características. Geralmente, em gado de corte, as estimativas de correlações genéticas entre pesos em diferentes idades são positivas e com magnitude de moderada a alta (MERCADANTE et al., 1995, 2004). As estimativas de correlações genéticas obtidas por modelos de regressão aleatória, para pesos de fêmeas adultas em diferentes idades, foram maiores do que 0,82 para idades compreendidas entre os dois e onze anos de idade (NEPHAWA, 2004), e maior do que 0,70 para idades compreendidas entre 36 e 94 meses de idade (ARANGO et al., 2004). Contudo, MEYER (1999) obteve valores de correlação mais variáveis e de menor magnitude (0,23), provavelmente em razão das diferenças no grau de ajuste dos polinômios e na estrutura dos dados. MEYER (2003), utilizando modelos de regressão aleatória, relatou que os valores das correlações genéticas entre pesos de fêmeas, do nascimento até os 3.000 dias de idade, diminuíram gradualmente à medida que a diferença entre idades aumentava.

Referências Bibliográficas

- ALBUQUERQUE L.G., MEYER K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001(a).
- ALBUQUERQUE, L.G., MEYER, K. 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, 2001(b).
- ALBUQUERQUE L.G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 5, 2004. Pirassununga, SP. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004. (CD-ROM)
- ALBUQUERQUE, L.G., MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Nelore cattle applying a parametric structure to model within animal correlations. **Livestock Production Science**, v.93, p.213-222, 2005.
- ALENCAR, M.M. Critérios de seleção e a moderna pecuária bovina de corte Brasileira. In: Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 4, 2002. Campo Grande, MS. **Anais...**Campo Grande: SBMA, 2002.(CD-ROM)
- ALENCAR, M.M. Perspectivas para o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41, 2004. Campo Grande, MS. **Anais...**Campo Grande: SBZ, 2004. p.358-367.
- ARANGO, A., CUNDIFF, L.V., VAN VLECK, L.D. Genetic parameters for weight, weight adjusted for body condition score, height, and body condition score in beef cows. **Journal of Animal Science**, v.80, p.3112-3122, 2002.
- ARANGO J. A., CUNDIFF L. V., VAN VLECK L. D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.
- AZIZ, M.A.; NISHIDA, S.; SUZUKI, K.; NISHIDA, A. Estimation of direct and maternal genetic and permanent environmental effects for weights from birth to 356 days of age in

a herd of Japanese Black cattle using random regression. **Journal of Animal Science**, v.83: p.519-530, 2005.

BARBOSA, P.F. **Análise genético-quantitativa de características de crescimento e reprodutivas em fêmeas da raça Canchim**. Tese de Doutorado. Ribeirão Preto, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, 1991, 237p.

BROTHERSTONE, S.; WHITE, I.M.S.; MEYER, K. Genetic modeling of daily yields using orthogonal polynomials and parametric curves. **Journal of Animal Science**, v.70, p.407-415, 2000.

BOLIGON, A.A. **Estimativas de (co)variância genética de pesos do nascimento até a maturidade em rebanhos da raça Nelore usando modelos de regressão aleatória e de características múltiplas**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2008. 91p
Dissertação (Mestrado)-Universidade Estadual Paulista, 2008.

BOLIGON, A.A., ALBUQUERQUE, L.G., MERCADANTE, M.E.Z., LÔBO, R.B. Models for genetic evaluation of Nelore cattle mature weight. **Journal of Animal Science**, v. 86, p. jas.2007-0823v1, 2008.

CHOY, Y. H., BRINKS, J. S., BOURDON, R. M. Repeated-measure animal models to estimate genetic components of mature weight, hip height, and body condition score. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2071-2077, 2002.

COBUCI, J. A., EUCLYDES, R. F., COSTA, C. N. LOPES, P. S., TORRES, R. A., PEREIRA, C. S. Análises da persistência na lactação de vacas da raça Holandesa, usando produção no dia do controle e modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p. 546-554, 2004.

COBUCI, J. A.; EUCLYDES, R. F.; LOPES, P.S.; COSTA, C.N.; TORRES, R.A.; PEREIRA, C. S. Estimation of genetic parameters for test-day milk in Holstein cows using a random regression model. **Genetics and Molecular Biology**, v.28, n.1, p.75-83, 2005.

COSTA, C. N., MELO, C. M. R., PACKER, I. U. FREITAS, A. F.; TEIXEIRA, N. M.; COBUCI, J. A. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows

estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.4, p.602-608, 2008.

CYRILLO, J.N.S.G. **Estimativas de funções de covariância para crescimento de machos Nelore utilizando modelos de regressão aleatória**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2003. 72p Tese (Doutorado)-Universidade Estadual Paulista, 2003.

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 Tabapua utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006.

EL FARO, L., ALBUQUERQUE, L. G. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle e produção acumulada até 305 dias, para as primeiras lactações de vacas da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.2, p.284-294, 2003.

FERREL , C.L.; JENKINS, T.G. Cow type and the nutritional environment: Nutritional aspects. **Journal of Animal Science**, v.61, n.3, p.725-741, 1985.

HUISMAN A E., VEERKAMP R. F., VAN ARENDONK J. A. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, n.3, p.575-582, 2002.

IWAISAKI, H., TSURUTA, S., MISZTAL. L, BERTRAND, J. K. Genetic parameters estimated with multitrait and linear spline-random regression models using Gelbvieh early growth data. **Journal of Animal Science**, v.83: p.757-763, 2005.

JAMROZIK, J., SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for production of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762-770, 1997.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. Bayesian comparison of random regression models for test-day yields in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO

LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002., Montpellier, France. **Proceedings...** Montpellier, France, 2002. 1 CD-ROM.

KIRKPATRICK, M., LOFSVOLD, D., BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, 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. **Genetical Research**, v.64, p.57-69, 1994.

MASCIOLI, A.S., TALHARI, F.M., ALENCAR, M.M., BARBOSA, P.F., SILVA, A.M., BORBA, L.H.F. Correlações genéticas entre características reprodutivas e de crescimento em fêmeas da raça Canchim. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 36, 1999, Porto Alegre, **Anais...** Porto Alegre: SBZ, 1999, p.156.

MERCADANTE, M. E. Z., LOBO, R.B., REYES, A. de los. Parámetros genéticos para características de crecimiento en zebuínos de carne: una revisión. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**. Memórias, v.3, n.1, p.45-89, 1995.

MERCADANTE, M.E.Z. **Análise de um experimento de seleção para crescimento em bovinos Nelore: respostas direta no peso ao sobreano e correlacionadas no tamanho e reprodução das matrizes**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2001. 106p. Tese (Doutorado em Agronomia)- Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 2001.

MERCADANTE, M. E. Z., RAZOOK, A. G., TROVO, J. B. F., J. N. CYRILLO, S. G., FIGUEIREDO, L. A. Parâmetros genéticos do peso no início da estação de monta, considerado indicativo do peso adulto de matrizes Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.5, p.1135-1144, 2004.

MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.31, p.179-204, 1992.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle fitting a regression on maternal phenotype. **Livestock Production Science**, v.52, p.187-199, 1997.

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

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

MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.

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

MEYER, K. Estimative of covariance functions for growth of Australian beef cattle from a large set of field data. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier, 2002. I CD-ROM.

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

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

MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Angus cattle from random regression analyses fitting B-spline functions. **Proceedings of the Association for Advancement of Animal Breeding Genetics**, v.16, p.52-55, 2005(a).

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

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

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

NEPHAWE K.A. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. **South African Journal of Animal Science**, v.34, n.3, p.166-173, 2004.

NISHIDA, A.; AZIZ, M.A.; NISHIDA, S.; SUZUKI, K. Modeling number of services per conception of Japanese Black cattle by random regression. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.123: p.56-63, 2006.

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

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

OLIVEIRA, H.N. **Análise genético-quantitativa da curva de crescimento de fêmeas da raça Guzerá**. Tese de Doutorado. Ribeirão Preto, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto / Universidade de São Paulo, 1995. 73p.

OLORI, V.E. **Utilization of daily milk records in genetic evaluation of dairy cattle**. Thesis (PHD), University of Edinburgh. Edinburgh, 1997. 230p.

REKAYA, R.; CARABAÑO, M.J.; TORO, M.A. 1999. Use of test day yields for the genetic evaluation of production traits in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, 67:2886-2891, 1999.

SAKAGUTI, E.S. **Funções de covariâncias e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã**. 2000. 81f. Tese (Doutorando em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

SAKAGUTI, E.S., SILVA, M.A., MARTINS, E.N., LOPES, P.S., SILVA, L.O.C., QUAAS, R.L., REGAZZI, A.J., EUCLYDES, R.F., DUARTE, R.G. Trajetória de crescimento e efeito da idade da vaca nos modelos de regressão aleatória de bovinos jovens da raça Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.4, p.414-423, 2002.

SCARPEL, L.C.P. **Estimativas de parâmetros e valores genéticos para peso corporal de bovinos da raça Guzerá usando-se regressão aleatória**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2004. 71p. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista, 2004.

SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Random regression in animal models for test-day production in dairy cattle. In : WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5., 1994, Guelph. **Proceedings...** Guelph, 1994, v.17, p.443-446.

SCHAEFFER L. R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v.86, n.1-3, p.1-268, 2004.

SILVA, I.S. **Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Guzerá usando diferentes estratégias de análise**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, 2004. 93p. Tese (Doutorado) - Universidade de São Paulo, 2004.

SILVA, A.M., ALENCAR, M.M., FREITAS, A.R., BARBOSA, R.T., OLIVEIRA, M.C.S., NOVAES, A.P., TÚLLIO, R.R., CORRÊA, L.A. Herdabilidade e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, s.2, p.2223-2230, 2000.

TIJANI, A.; WIGGANS, G.R.; VAN TASSELL, C.P.; PHILPOT, J.C.M.; GENGLER, N. 1999. Use of (co)variance functions to describe (co)variances for test day yield. **Journal of Dairy Science**, In: <http://www.adsa.uiuc.edu/manuscripts/8058>

TORAL, F.L.B. **Estimativas de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim.** Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2004. 97p. Tese (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista, 2004.

TORRES JÚNIOR, R.A.A. **Markov chain Monte Carlo methods for estimating the covariance structure of longitudinal data – an application to dairy cattle data.** Ph.D. thesis, Cornell University, 2001.

VAN der WERF, J.; SCHAEFFER, L. **Random Regression in Animal Breeding.** Course Notes, Ontário: University of Guelph, 1997, p.70.

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

VEERKAMP, R.F.; THOMPSON, R. A covariance function for feed intake, live weight, and milk yield estimated using a random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.82, p.1565-1573, 1999.

WHITE, I.M.S., THOMPSON, R., BROTHERSTONE, S. Genetic and environmental smoothing of lactation curves with cubic splines. **Journal of Dairy Science**, v. 82, p.632–638, 1999.

CAPÍTULO 2 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM UTILIZANDO MODELOS DE DIMENSÃO FINITA

RESUMO: O objetivo neste trabalho foi avaliar diferentes modelos, em relação aos efeitos maternos considerados, para características de crescimento e, subsequentemente, estimar os parâmetros genéticos para estas características em bovinos da Canchim, por meio de análises uni, bi e multicaracterística. As características peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), pesos padronizados para 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24) e 30 (P30) meses de idade, em machos e fêmeas, e peso adulto de fêmeas (PAD) foram analisadas utilizando-se quatro modelos, em que, diferentes efeitos aleatórios foram adicionados em seqüência. As estimativas de herdabilidade direta obtidas das análises bi e multicaracterística foram superiores em relação àquelas obtidas das análises unicaracterísticas. As estimativas de herdabilidade do efeito genético direto obtidas usando análise multicaracterística foram 0,39 (para PN), 0,31 (PD), 0,29 (P12), 0,28 (P18), 0,26 (P24), 0,30 (P30) e 0,38 (PAD). As correlações genéticas estimadas entre pesos obtidos em idades jovens com peso adulto foram altas. Os efeitos maternos influenciam os pesos do nascimento aos dois anos de idade sendo o peso à desmama o mais influenciado pelos efeitos maternos. A seleção com base em características de crescimento em qualquer idade pode promover ganhos genéticos moderados no peso corporal de animais da raça Canchim, em todas as idades-padrão, inclusive nos pesos ao nascer e adulto das fêmeas. É importante considerar nas análises os pesos prévios à seleção para estimar parâmetros genéticos para pesos após a seleção, sendo a análise multicaracterística a mais indicada.

Palavras-chave: Análise multicaracterística, bovinos de corte, correlação genética, herdabilidade, peso padronizado

Introdução

No Brasil, os programas de melhoramento genético para raças bovinas de corte têm priorizado a seleção para características de crescimento, como o peso ou ganho de peso em determinados períodos (ALENCAR, 2002). Essas características, apesar de serem de fácil mensuração e de apresentarem herdabilidade de média a alta magnitude, respondendo bem à seleção, apresentam, também, correlação genética positiva com o peso adulto de fêmeas (BARBOSA, 1991; OLIVEIRA, 1995; MASCIOLI et al., 1999; SILVA et al., 2000). Uma das considerações chaves no momento de avaliar as conseqüências do maior crescimento, é seu impacto sobre o rebanho de vacas, particularmente sobre os custos de manutenção. Aproximadamente 50% de toda energia requerida pelo rebanho é destinada para atender as necessidades energéticas de manutenção das matrizes (MONTANO-BERMUDEZ et al., 1990). O requerimento energético para manutenção está diretamente ligado ao peso vivo e à condição corporal da vaca (KLOSTERMAN et al., 1968; OWENS et al., 1993). Portanto, em um programa de melhoramento genético é importante adequar o peso às condições de manejo e alimentação, particularmente no Brasil onde o rebanho permanece em sistema extensivo de pastejo. A inclusão do tamanho da fêmea em programas de avaliação genética permitiria aos pecuaristas realizar mudanças no tamanho adulto dos animais de seus rebanhos, visando à adequação das necessidades alimentares do rebanho ao ambiente de produção. A seleção para adequar o peso ou tamanho adulto da vaca às condições de alimentação e manejo, enquanto se aumenta o peso à desmama e ao abate da progênie, requer estimativas acuradas de parâmetros genéticos de pesos em diferentes idades.

Em mamíferos, o crescimento é influenciado pelos genes do próprio indivíduo, pelo ambiente que a mãe proporciona por meio da produção de leite e dos cuidados maternos, que são conhecidos como efeitos maternos, e por outros efeitos ambientais. Portanto, o crescimento de um indivíduo não somente é afetado pelo genótipo do próprio animal, mas também pelo genótipo de sua mãe. Em gado de corte, os efeitos maternos são importantes para as características de crescimento até a desmama

embora efeitos significativos permaneçam após a desmama e tenham sido identificados para pesos em idades avançadas (MEYER et al., 1993; RUMPH et al., 2002; CYRILLO et al., 2004). Segundo MEYER (1997), os modelos que não levam em consideração os efeitos maternos, conduzem a superestimativas de herdabilidade direta. Muitas vezes os efeitos maternos não são considerados na estimação de parâmetros genéticos em gado de corte, em razão da necessidade de uma estrutura de dados adequada para sua estimação e também por incrementarem a complexidade das análises, sobretudo as análises bi e multicaracterística.

Segundo BULMER (1971), MEYER & THOMPSON (1984) e HENDERSON (1986), as variâncias genéticas da população podem mudar em razão da seleção. Em gado de corte, MEYER (1995) e KAPS et al. (1999) afirmaram que uma forma de considerar os efeitos da seleção sobre a variância genética para pesos após a seleção é utilizar um modelo multicaracterística de forma a incluir os pesos prévios à seleção e, desta forma, corrigir o viés na variância genética. Na literatura são escassos os trabalhos em gado de corte (MEYER et al., 1993; MEYER, 1995; KAPS et al., 1999; MERCADANTE et al., 2004; BOLIGON et al., 2007) que tenham utilizado modelo multicaracterística visando estimar parâmetros genéticos para características de crescimento, sendo que, na maioria dos trabalhos foram utilizadas análises bicaracterísticas.

O objetivo do presente estudo foi avaliar diferentes modelos, em relação aos efeitos aleatórios maternos considerados, para características de crescimento e, subsequentemente, estimar parâmetros genéticos para pesos do nascimento à idade adulta (peso ao nascer, à desmama, aos 12, 18, 24 e 30 meses de idade e peso adulto) para bovinos da raça Canchim, em análises uni, bi e multicaracterística.

Material e Métodos

Os dados analisados neste trabalho são provenientes do rebanho da raça Canchim da Embrapa Pecuária Sudeste, localizada no município de São Carlos, São Paulo. Os animais nasceram entre os anos de 1954 e 2005 e foram criados

exclusivamente em pastagens de diferentes gramíneas, com suplementação mineral durante todo o ano.

Até 1978, as pesagens de todos os animais do rebanho eram realizadas mensalmente nos dois primeiros dias úteis de cada mês. A partir de 1979, os animais passaram a ser pesados trimestralmente (em janeiro, abril, julho e outubro) e as vacas passaram a ser pesadas após o parto, ao desmame dos bezerros, à entrada e à saída da estação de monta e na inseminação. A partir de 1980, as pesagens trimestrais deixaram de ser feitas e os animais passaram a serem pesados ao nascimento, ao desmame, e aos 12, 18, 24 e 30 meses de idade. Maiores informações sobre as condições de alimentação e manejo dos animais podem ser obtidas em MELLO et al. (2002).

A seleção de machos e fêmeas para reprodução foi realizada em três etapas: na época da desmama (8 a 9 meses de idade); ao completar um ano ou um ano e meio de idade; e aos dois anos ou dois anos e meio de idade. A escolha dos touros foi baseada em características de crescimento (peso por idade), conformação, estética, precocidade, temperamento, pelagem, tipo e fertilidade (BARBOSA, 1997). A partir de 1979, a seleção dos touros dentro de cada ano, foi feita com base em características raciais e peso padronizado para 365 dias de idade, ajustado para mês de nascimento e idade da mãe ao parto. Além disto, os animais foram submetidos a exame andrológico com cerca de 24 meses de idade. A seleção de machos jovens, desde 1996, passou a ser feita pela DEP (Diferença Esperada na Progenie) direta para peso aos 12 meses de idade. A mensuração do perímetro escrotal aos 12, 18 e 24 meses de idade iniciou-se em 1982, característica que foi também considerada como critério de seleção. A partir de 2000, a seleção dos machos passou a ser feita com base em características raciais e nas DEPs para peso e perímetro escrotal ao sobreano.

Até o ano de 1975, as novilhas entravam em reprodução com aproximadamente 34 meses de idade e 360 kg de peso vivo e, a partir de 1976, esses critérios foram mudados para 24 a 28 meses e cerca de 300 kg de peso vivo. Em geral, as vacas eram colocadas com touros após a desmama dos bezerros, ou seja, sete a oito meses após a parição. Esse tipo de manejo foi modificado em 1969, quando todas as vacas que

pariram antes do início da estação de monta foram colocadas em reprodução. Nova mudança ocorreu a partir de 1976 (exceto 1977, quando o manejo anterior foi utilizado), quando todas as vacas foram colocadas com touros durante a estação de monta, com exceção daquelas prenhes da estação anterior e que iriam parir após o término da estação vigente. Durante as estações de monta, cada touro era colocado com aproximadamente 30 vacas, em piquetes isolados. A partir de 1979, começou-se a utilizar também a inseminação artificial. Em vários anos foram utilizadas duas estações de monta, uma no primeiro semestre e outra no segundo, mas que não tinham mês fixo para iniciar nem para terminar, e cuja duração também variava (2 a 4 meses). A eliminação de vacas do rebanho se deu principalmente por motivos de doença e/ou acidente; contudo, a partir de 1977, iniciou-se o descarte de vacas consideradas de fertilidade mais baixa, ou seja, que saíssem vazias de duas estações de monta consecutivas. A partir de 1979, a seleção de novilhas para entrada em reprodução foi feita antes do início da estação de monta, ao redor dos 22 meses de idade, considerando-se, além das características raciais, o desenvolvimento dos animais. Procurou-se manter no rebanho apenas novilhas prenhes da primeira estação de monta.

Neste trabalho foram estudadas as características peso ao nascimento (PN), peso à desmama padronizado para 240 dias de idade (PD), e pesos padronizados para 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24) e 30 (P30) meses de idade e peso adulto da fêmea (PAD). O peso adulto (PAD) das fêmeas foi considerado como o peso logo após o parto, para vacas de 4, 5, 6 a 8 e < 9 anos de idade. Foi considerado apenas um peso para cada vaca adulta e, no caso da vaca possuir mais de um peso, utilizou-se o peso mais próximo de seis anos, idade em que o animal, provavelmente, já parou de crescer (SILVA et al., 2000).

As variâncias e covariâncias foram estimadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) em análises uni, bi e multicaracterística. Para as análises uni e bicaracterísticas foi utilizado o *software* MTDFREML (BOLDMAN et al., 2002) e para a análise multicaracterística foi utilizado o programa REMLF90 (MISZTAL, 2001), que utiliza o algoritmo de Maximização da Esperança (EM), com processo de

aceleração da convergência. As médias das variâncias genéticas e fenotípicas para cada característica, obtidas nas análises bicaracterísticas, foram usadas para estimação da herdabilidade que, posteriormente, foi comparada com a estimativa de herdabilidade obtida pela análise unicaracterística e multicaracterística. Admitiu-se que a convergência era atingida quando o quadrado das diferenças relativas entre estimativas consecutivas era menor que 10^{-9} .

No modelo de análise, considerou-se como efeito fixo o grupo de contemporâneos (GC), a idade da mãe ao parto como covariável (efeito linear e quadrático) para PN, PD, P12, P18 e P24, os efeitos linear da idade do animal à pesagem (com exceção do PN) e os efeitos linear e quadrático da idade da fêmea ao parto para PAD. O GC foi definido como animais do mesmo sexo, mês e ano de nascimento para PN, PD, P12, P18, P24 e P30. Para PAD o GC foi definido para animais que nasceram no mesmo ano e mês. Grupos de contemporâneos com menos de três observações foram excluídos. Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos mais ou menos três desvios-padrão. A estrutura geral do arquivo de dados analisado apresenta-se descrita na Tabela 1.

Tabela 1 - Descrição dos dados de peso ao nascimento (PN), à desmama (PD), aos 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24) e 30 meses de idade (P30) e à idade adulta (PAD).

Característica	N° de observações	Touros	Vacas	GC	Média	DP	CV	Min	Max
PN	8.360	321	2.440	531	35,1	5,4	15,5	15	65
PD	7.531	320	2.325	511	203,5	35,3	17,3	90	300
P12	6.515	317	2.224	475	219,9	44,6	20,3	100	400
P18	5.884	312	2.127	467	290,4	56,4	19,4	145	500
P24	3.760	250	1.535	361	336,5	58,1	17,3	180	501
P30	2.060	185	1.099	224	394,8	66,2	16,8	220	580
PAD	1.098	189	746	144	499,4	66,3	13,3	320	734

GC: grupo de contemporâneos; DP: desvio-padrão; CV: coeficiente de variação

Primeiramente, foram realizadas análises unicaracterísticas para todas as características estudadas, aplicando-se diferentes modelos que diferiram quanto aos efeitos aleatórios, desde o mais completo (efeitos genético direto e materno e efeito de

ambiente permanente materno) até o reduzido (efeito genético direto). Para verificar a significância dos efeitos aleatórios incluídos no modelo e definir os modelos mais adequados para as análises bicaracterísticas e a multicaracterística, foi utilizado o teste de razão de verossimilhança (LRT), que verifica a diminuição do valor de $-2 \log L$ pela inclusão de mais um parâmetro no modelo, a qual, segue distribuição de qui-quadrado com g graus de liberdade, em que g é a diferença em números de parâmetros estimados entre os dois modelos comparados (DOBSON, 1990). Neste teste, a probabilidade de erro utilizada foi de 1%.

O modelo geral utilizado foi:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e$$

em que y = vetor das características observadas; b = vetor de efeitos fixos; a = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos; m = vetor de efeitos genéticos aditivos maternos; c = vetor de efeitos de ambiente permanente materno; e = vetor de efeitos residuais, e X , Z_1 , Z_2 e Z_3 são matrizes de incidência relacionando b , a , m e c a y . Neste estudo, assumiu-se que $E[y]=Xb$; $\text{Var}(a) = A \otimes S_a$; $\text{Var}(m) = A \otimes S_m$; $\text{Var}(c) = I \otimes S_c$ e $\text{Var}(e) = I \otimes S_e$, em que S_a é a matriz de covariâncias genéticas aditivas; S_m , a matriz de covariâncias genéticas maternas; S_c , a matriz de covariâncias de ambiente permanente materno; S_e , a matriz de covariância residual; A , a matriz do numerador de relações genético-aditivas; I , a matriz identidade; e $\otimes$, o produto direto entre matrizes. Assumiu-se ainda que os vetores a , m , c , e e são não correlacionados entre si. Em todas as análises, foi utilizado um arquivo de “pedigree” contendo identificação do animal, pai e mãe, totalizando 12.485 animais na matriz de parentesco.

Resultados e discussão

Conforme pode ser observado na Tabela 2, com exceção do P30 e do PAD, houve uma redução significativa do $-2 \ln L$ estimado quando os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno foram incluídos no modelo de análise (modelo 4), em relação ao modelo inicial (modelo 1) que considerava como efeito aleatório apenas o

efeito genético aditivo direto dos animais. Os resultados indicaram que os efeitos maternos afetam o peso, inclusive após o desmame, provavelmente explicado pelo fato de que efeitos residuais permanecem após essa idade, afetando, portanto, o crescimento dos animais. De acordo com os resultados da Tabela 2, o modelo mais adequado para estimar parâmetros genéticos para PN, PD, P12, P18 e P24 seria o completo, aquele que incluísse os efeitos aleatórios genético direto e materno e de ambiente permanente materno, e para P30 e PAD seria o modelo que incluísse somente o efeito genético direto. RUMPH et al. (2002), analisando dados de vacas da raça Hereford, encontraram que o modelo mais adequado para estimar parâmetros genéticos para peso adulto foi aquele que incluiu os efeitos genéticos direto e materno. Em bovinos da raça Hereford e Wokalup, MEYER et al. (1993) relataram que os efeitos maternos influenciaram os pesos do nascimento até os 600 dias de idade. De acordo com CYRILLO et al. (2004), em bovinos da raça Nelore, os efeitos maternos influenciaram o crescimento do nascimento até os 378 dias de idade. Segundo MEYER (1997), os modelos que não levam em consideração os efeitos maternos conduzem a superestimativas da herdabilidade direta. Portanto, visando a obtenção de parâmetros genéticos mais acurados para pesos após o desmame, seria recomendável considerar os efeitos maternos no modelo de avaliação.

Tabela 2 - Mudanças nas estimativas do $-2 \ln L$ e sua significância causada pela utilização de diferentes modelos (M) para a análise dos pesos ao nascimento (PN), à desmama (PD), pesos padronizados aos 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24) e 30 (P30) meses de idade e peso à idade adulta (PAD).

Característica	Mudança do $-2 \ln L^1$ estimado				
	M1 – M2	M1 - M3	M1 - M4	M2 - M4	M3 - M4
PN	64 **	79 **	88 **	24**	8**
PD	283 **	257 **	307 **	24**	50**
P12	67 **	61 **	77 **	10**	16**
P18	29 **	46 **	47 **	18**	5**
P24	7 **	14 **	14 **	7**	4**
P30	0,28 NS	3,24 NS			
PAD	0,01 NS	0,06 NS			

M1: efeito genético direto; M2: efeito genético direto + efeito de ambiente permanente materno ; M3: efeito genético direto + efeito genético materno; M4: efeito genético direto + efeito genético materno + efeito de ambiente permanente materno; ** $P < 0,01$, NS: não significativo. ¹L=função de verossimilhança

As estimativas de variâncias obtidas em análises uni, bi e multicaracterística utilizando os modelos mais adequados, são mostradas na Figura 1. Com exceção do peso aos 24 meses de idade, as estimativas de variância genética aditiva nas análises bi e multicaracterística foram superiores às estimadas em análise unicaracterística, para os pesos a partir de um ano de idade. Segundo MEYER (1995), o incremento da variância genética aditiva nas análises multicaracterísticas reflete a remoção do vício provocado pela seleção. BOLIGON et al. (2007) e MERCADANTE et al. (2004) obtiveram resultados semelhantes aos obtidos neste trabalho, quando os pesos à seleção foram analisados em conjunto com o peso à idade adulta em análises bi e multicaracterística. Do mesmo modo, avaliando pesos do nascimento até os 600 dias de idade, MEYER et al. (1993) observaram aumento nas estimativas da variância genética aditiva em análises envolvendo três ou quatro pesos simultaneamente, em relação à análise unicaracterística.

Neste estudo, como foi descrito, a seleção dos animais para reprodução foi praticada com base nos pesos ao desmame e ao ano de idade, portanto, a utilização dos pesos obtidos antes e após a seleção em análises bi e multicaracterística permitiu remover da variância genética aditiva o viés devido à seleção. Segundo MEYER (1995) e KAPS et al. (1999), em rebanhos em que há, por razões econômicas, uma pré-seleção ao desmame, e a seleção propriamente dita ao ano ou sobreano, estes dados poderiam ser analisados juntamente com o peso adulto para levar em conta a seleção nas informações de peso adulto.

Como pode ser observado na Figura 1, nas análises bi e multicaracterística houve incremento na variância fenotípica a partir dos 18 meses de idade, provavelmente associado ao aumento observado da variância genética aditiva a partir dessa idade. No caso das variâncias residuais, não houve diferenças na magnitude das variâncias obtidas das análises uni, bi e multicaracterística. No entanto, BOLIGON et al. (2007) encontraram menores variâncias fenotípicas e residuais nas análises bi e multicaracterística para pesos a partir do sobreano.

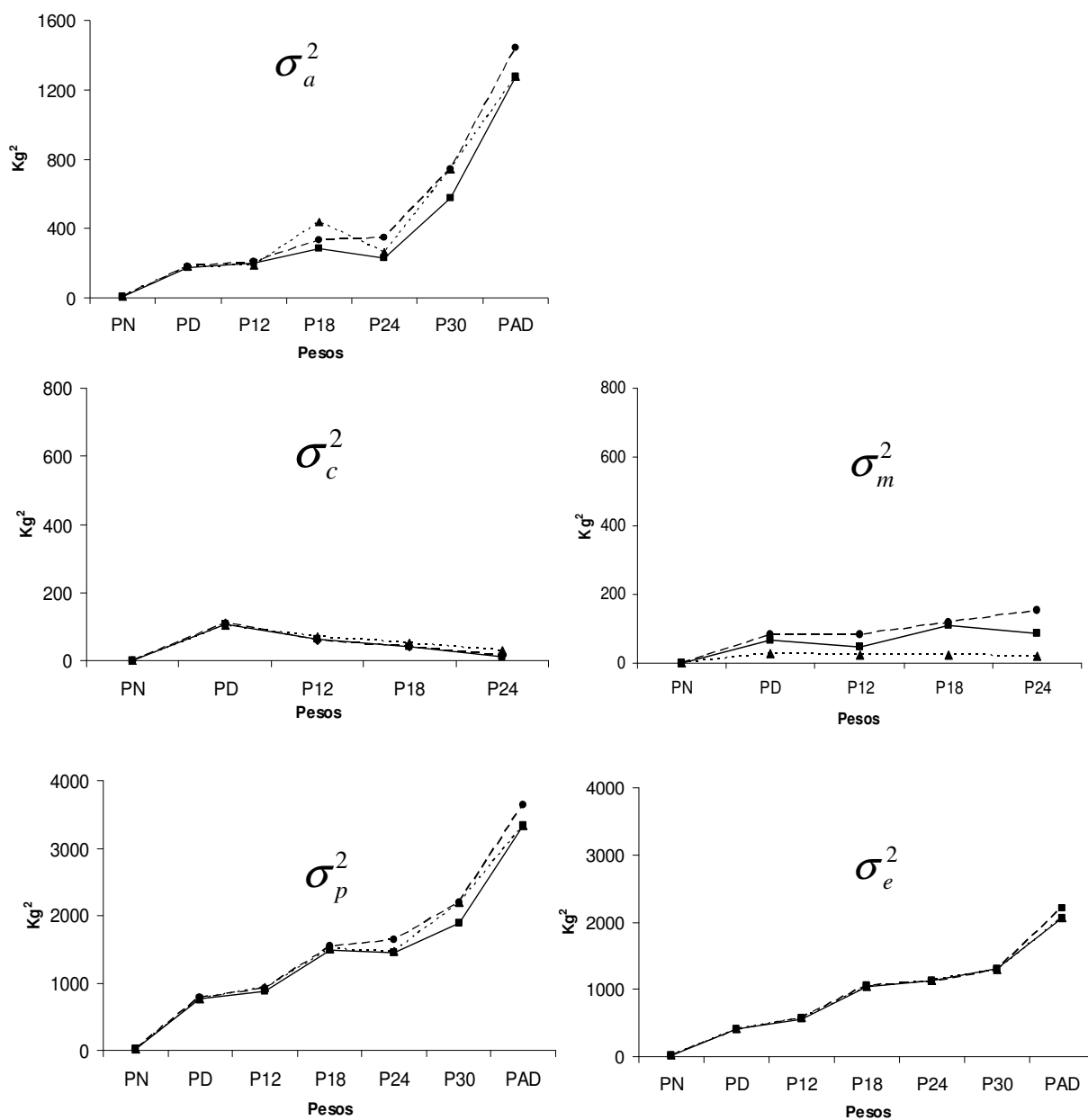


Figura 1- Variâncias genética aditiva (σ_a^2), genética materna (σ_m^2), de ambiente permanente materno (σ_c^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2) estimadas em análises unicaracterística (■), bicaracterística (●) e multicaracterística (▲), para os pesos ao nascer (PN), à desmama (PD), aos 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24) e 30 (P30) meses de idade e à idade adulta (PAD).

A variância do ambiente permanente materno apresentou valor máximo à desmama sendo que não houveram diferenças nas estimativas obtidas das análises uni, bi e multicaracterística. Após a desmama a variância do ambiente materno diminuiu gradualmente até os 24 meses de idade. Neste sentido, MEYER et al. (1993), ALBUQUERQUE & MEYER (2001), MUCARI & OLIVEIRA (2003), DIAS et al. (2005) e BOLIGON et al. (2007) observaram o mesmo comportamento para a variância do ambiente permanente materno em relação ao obtido neste estudo. No caso da variância genética materna, as estimativas obtidas das análises uni e bicaracterísticas foram superiores em relação àquelas obtidas a partir da análise multicaracterística. Provavelmente, a menor magnitude da variância genética materna obtida na análise multicaracterística seja consequência de diferenças na partição das variâncias em relação às análises uni e bicaracterística.

Como pode ser observado na Tabela 3, em termos gerais, as estimativas de herdabilidade direta obtidas das análises bi e multicaracterística foram maiores em relação àquelas obtidas das análises unicaracterísticas, fundamentalmente para os pesos após a seleção. As estimativas obtidas das análises bicaracterísticas foram superiores em relação àquelas obtidas das análises unicaracterísticas a partir dos 12 meses de idade e até os 30 meses de idade. As estimativas obtidas da análise multicaracterística foram superiores em relação àquelas obtidas das análises unicaracterísticas a partir do nascimento. Em bovinos da raça Nelore, BOLIGON et al. (2007) obtiveram estimativas de herdabilidade diretas superiores para pesos após a seleção em análises bi e multicaracterística, em relação àquelas obtidas das análises unicaracterísticas. MEYER et al. (1993) obtiveram estimativas de herdabilidade direta superiores para pesos após a seleção quando pesos prévios à seleção foram considerados em análise multicaracterística. Portanto, seria recomendável na hora de estimar a herdabilidade para pesos após a seleção, incluir os pesos anteriores à seleção de forma a incrementar as estimativas de herdabilidade e diminuir o viés causado pela seleção.

Tabela 3 - Estimativas de herdabilidade direta (h_d^2) e materna (h_m^2) e proporção da variância de ambiente permanente materno (c^2) e residual (e^2) em relação à variância fenotípica total, obtidas por análises uni, bi e multicaracterística.

Análise unicaracterística				
Característica ¹	$h_d^2 \pm ep^b$	$h_m^2 \pm ep$	$c^2 \pm ep$	$e^2 \pm ep$
PN	0,34 ± 0,03	0,06 ± 0,02	0,04 ± 0,01	0,56 ± 0,03
PD	0,23 ± 0,03	0,09 ± 0,02	0,14 ± 0,02	0,54 ± 0,03
P12	0,23 ± 0,03	0,05 ± 0,02	0,07 ± 0,02	0,64 ± 0,03
P18	0,19 ± 0,03	0,07 ± 0,02	0,03 ± 0,02	0,71 ± 0,03
P24	0,16 ± 0,04	0,06 ± 0,03	0,01 ± 0,02	0,78 ± 0,03
P30	0,30 ± 0,05			0,70 ± 0,05
PAD	0,38 ± 0,08			0,62 ± 0,08
Análise bicaracterística				
Característica ¹	h_d^2	h_m^2	c^2	e^2
PN	0,35	0,06	0,04	0,55
PD	0,23	0,11	0,14	0,52
P12	0,23	0,09	0,07	0,61
P18	0,22	0,08	0,03	0,67
P24	0,21	0,09	0,01	0,69
P30	0,34			0,66
PAD	0,39			0,61
Análise Multicaracterística				
Característica ¹	h_d^2	h_m^2	c^2	e^2
PN	0,39	0,03	0,05	0,53
PD	0,31	0,03	0,13	0,53
P12	0,29	0,02	0,07	0,62
P18	0,28	0,01	0,03	0,68
P24	0,26	0,01	0,02	0,71
P30	0,30			0,70
PAD	0,38			0,62

¹Peso ao nascimento (PN), à desmama (PD), aos 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24) e 30 meses de idade (P30) e à idade adulta (PAD) ^bep: erro padrão

As estimativas de herdabilidades diretas para PN foram semelhantes às relatadas por FREITAS et al. (1994), ALENCAR et al. (1998) e MELLO et al. (2002), para um conjunto de dados do mesmo rebanho utilizado neste trabalho, sendo os valores de 0,33; 0,39 e 0,39, respectivamente. Para PD e P12 as estimativas obtidas foram inferiores às relatadas por MELLO et al. (2002) (0,48) (0,63) e MELLO et al. (2006) (0,38) (0,40) em bovinos da raça Canchim, empregando o método da máxima

verossimilhança restrita e inferência bayesiana, respectivamente. Para P18 e P24 as estimativas de herdabilidade direta obtidas neste estudo foram inferiores às obtidas por BOLIGON et al. (2007), utilizando bovinos da raça Nelore. BALDI et al. (2008), utilizando fêmeas da raça Canchim, relataram estimativa de herdabilidade semelhante (0,23) às obtidas neste trabalho para pesos à entrada da primeira monta próximo aos 24 meses de idade.

As estimativas de herdabilidade direta para PAD obtidas neste estudo foram inferiores às obtidas por MELLO et al. (2006) (0,54) e BALDI et al. (2008) (0,46), utilizando bovinos da raça Canchim. ROSA et al. (2000 e 2001), SILVA et al. (2000), TALHARI et al. (2003) e MERCADANTE et al. (2004) em análises unicaracterísticas, obtiveram valores de herdabilidade que variaram entre 0,25 e 0,52. Em trabalhos (MEYER, 1995; JOHNSTON et al., 1996; ARANGO et al., 2002; CHOY et al., 2002; MERCADANTE et al., 2004; NEPHAWA, 2004) em que foram utilizadas medidas repetidas ou análises multicaracterísticas do peso os valores de herdabilidade variaram de 0,28 a 0,54. Quando o peso adulto foi estimado por meio da modelagem de curvas de crescimento, JOHNSON et al. (1990), MEYER (1995), KAPS et al. (1999), SILVA et al. (2000) e TALHARI et al. (2003) os valores de herdabilidade variaram de 0,38 a 0,73. LÔBO et al. (2000) relataram herdabilidade de 0,28 para peso adulto da vaca, média de cinco estudos com bovinos criados em países tropicais, enquanto KOOTS et al. (1994) observaram valor bem superior (0,50) para a mesma característica, média de 25 estudos com bovinos criados, em sua maioria, em países de clima temperado.

No caso do efeito materno, as estimativas de herdabilidade foram de magnitudes baixas e semelhantes entre as análises uni e bicaracterísticas, sendo que foram superiores em relação às obtidas na análise multicaracterística. Na análise multicaracterística, os menores valores de herdabilidade materna estiveram associados com maiores valores de herdabilidade direta, possivelmente, em razão de diferenças na partição das variâncias genéticas direta e materna para pesos do nascimento até os 24 meses de idade. MEYER et al. (1993), utilizaram análise multicaracterística e obtiveram herdabilidades materna superiores e estimativas do efeito de ambiente permanente materno inferiores em relação daquelas obtidas na análise univariada, para pesos após

desmama. As estimativas de herdabilidade materna em análises uni e bicaracterísticas foram semelhantes daquelas relatadas por ALENCAR et al. (1998), sendo os valores para PN (0,04), PD (0,10) e P12 (0,03). No entanto, MELLO et al. (2002) obtiveram estimativas inferiores para PN (0,03) e PD (0,04) e semelhantes para P12 (0,05).

As estimativas do efeito de ambiente permanente materno obtidas neste estudo foram semelhantes entre as análise uni, bi e multicaracterística. MELLO et al. (2002), para PN, PD e P12 obtiveram valores semelhantes aos obtidos neste estudo, sendo os valores 0,06; 0,14 e 0,09, respectivamente. Neste estudo, observou-se diferente partição da variância genética materna entre as análises uni e bicaracterística em relação à análise multicaracterística. No entanto, no caso do efeito de ambiente permanente materno não se constatou partição diferente das variâncias em análise uni, bi e multicaracterística. MEYER et al. (1993), relataram diferente partição das variâncias genética materna e de ambiente permanente materno para pesos após desmama em análises uni, bi e multivariada.

Tabela 4 - Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e residuais (abaixo da diagonal), entre as características de crescimento, obtidas em análise bi e multicaracterística (entre parênteses).

Característica ¹	PN	PD	P12	P18	P24	P30	PAD
PN	-	0,56 (0,56)	0,44 (0,49)	0,42 (0,42)	0,32 (0,43)	0,36 (0,43)	0,53 (0,76)
PD	0,22(0,21)	-	0,90 (0,94)	0,81 (0,89)	0,79 (0,85)	0,83 (0,81)	0,79 (0,78)
P12	0,19(0,18)	0,72(0,71)	-	0,95 (0,97)	0,93 (0,95)	0,90 (0,90)	0,80 (0,81)
P18	0,15(0,16)	0,59(0,59)	0,77(0,76)	-	0,98 (0,99)	0,95 (0,96)	0,72 (0,79)
P24	0,19(0,18)	0,50(0,55)	0,70(0,72)	0,76(0,79)	-	1,00 (0,98)	0,78 (0,80)
P30	0,13(0,15)	0,47(0,52)	0,60(0,63)	0,71(0,73)	0,68(0,79)	-	0,70 (0,79)
PAD	0,08(0,06)	0,22(0,31)	0,32(0,38)	0,48(0,46)	0,59(0,59)	0,59(0,60)	-

¹Peso ao nascimento (PN), à desmama (PD), aos 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24) e 30 meses de idade (P30) e à idade adulta (PAD)

Como pode-se observar na Tabela 4, as correlações genéticas entre as características foram de magnitude media a alta, sendo que as correlações obtidas da análise multicaracterística foram, em termos gerais, superiores àquelas obtidas das análises bicaracterísticas. Já as correlações residuais obtidas por análises bicaracterística e multicaracterística foram de magnitude semelhante. Para pesos de

bovinos da raça Hereford em diferentes idades, MEYER et al. (1993) relataram correlações genéticas semelhantes em análises bi e multicaracterística. Segundo os mesmos autores, as correlações genéticas são menos afetadas pelo viés ou desvio causado pela seleção em comparação com as estimativas de herdabilidade e variâncias genéticas.

Nas análises bicaracterísticas e multicaracterística as correlações genéticas entre o peso ao nascimento e os pesos após o desmame diminuíram gradualmente até os dois anos de idade e logo se incrementaram até a idade adulta. Este comportamento é pouco esperado, conforme os resultados obtidos por BOLIGON et al. (2007). Segundo ARANGO et al. (2002), as magnitudes das correlações entre pesos de vacas dos dois aos oito anos de idade diminuíram gradualmente na medida em que a diferença entre idades foi maior. As correlações genéticas estimadas entre pesos obtidos em idades jovens e o peso adulto foram altas. Em gado de corte, de acordo com MERCADANTE et al. (1995) e MERCADANTE et al. (2004), as estimativas de correlações genéticas entre pesos em diferentes idades são positivas e de magnitude moderada a alta. Segundo BARBOSA (1991), MASCIOLI et al. (1999), ARANGO et al. (2002), TALHARI et al. (2003) e MELLO et al. (2006) as correlações genéticas entre peso adulto da fêmea e peso em idades jovens, são positivas e maiores do que 0,42. Portanto, a seleção para maior peso a idades jovens acarretará aumento no peso adulto dos animais.

Conclusões

Os efeitos maternos influenciam os pesos do nascimento aos dois anos de idade sendo o peso à desmama o mais influenciado pelos efeitos maternos. É fundamental, considerar os pesos antes da seleção por ocasião da obtenção de estimativas de parâmetros genéticos para pesos após a seleção, sendo a análise multicaracterística a mais indicada. A seleção com base em características de crescimento em qualquer idade deve promover ganhos genéticos moderados no peso corporal de animais da

raça Canchim, em todas as idades-padrão, inclusive nos pesos ao nascer e adulto das fêmeas.

Referências bibliográficas

ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. 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, 2001.

ALENCAR, M.M.; TREMATORE, R.L.; BARBOSA, P.F. et al. Efeitos da linhagem citoplasmática sobre características de crescimento em bovinos da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, n.2, p.272-276, 1998.

ALENCAR, M.M. Critérios de seleção em bovinos de corte no Brasil. In: SIMPOSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4, 2002. Campo Grande, MS. **Anais...**Campo Grande: SBMA, 2002.

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

BALDI, F., ALENCAR, M.M., FREITAS, A.R., BARBOSA, P. F. Parâmetros Genéticos para Características Indicadoras de Tamanho Corporal e Condição Corporal em Fêmeas da Raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**. Submetido em julho de 2008.

BARBOSA, P.F. **Análise genético-quantitativa de características de crescimento e reprodução em fêmeas da raça Canchim**. 1991. 237f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, USP, Ribeirão Preto, 1991.

BARBOSA, P. F. Critérios de seleção para a raça Canchim. In: CONVENÇÃO NACIONAL DA RAÇA CANCHIM, 3., 1997, São Carlos. **Anais....** São Carlos: Embrapa-CPPSE/São Paulo, ABCCAN, 1997. p.47-75.

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; Van VLECK, L.D. et al. **A manual for use for MTDFREML**. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. Lincoln: Department of Agriculture; Agricultural Research Service, 2002. 129p.

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z.; LOBO, R.B. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**. Submetido em Junho 2007.

BULMER, M. G. 1971. The effect of selection on genetic variability. **American Naturalist** 105:201-211.

CHOY, Y.H.; BRINKS, J.S.; BOURDON, R.M. Repeated-measure animal models to estimate genetic components of mature weight, hip height, and body condition score. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2071-2077, 2002.

CYRILLO, J.N.S.G., ALENCAR, M.M.A., RAZOOK, A.G., MERCADANTE, M.E.Z., FIGUEIREDO, L.A. Modelagem e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para pesos do nascimento à seleção (378 dias) de machos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1405-1415, 2004.

DIAS, L.T., ALBUQUERQUE, L.G., TONHATI, H., TEIXEIRA, R.A. Estimação de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.6, p.1914-1919, 2005.

DOBSON, A.J. **An introduction to generalized linear models**. Melbourne: Chapman and Hall, 1990. 174p.

FREITAS, A.R.; FAVORETTI, A.C.; ALENCAR, M.M. et al. Uso da máxima verossimilhança restrita e transformação canônica para estimação de parâmetros genéticos de características de crescimento em bovinos. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.23, n.3, p.394-401, 1994.

HENDERSON, C. R. Recent developments in variance and covariance estimation. **Journal of Animal Science**. V.63, p.208-216, 1986.

JOHNSON, Z.B.; BROWN, C.J.; BROWN, JR. A.H. **Evaluation of growth patterns of beef cows**. Arkansas Agric. Exp. Sta. Bull. 623, Fayetteville, 1990.

JOHNSTON, D.J.; CHANDLER H.; GRASER, H. Genetic parameters for cow weight and condition score in Angus, Hereford, and Poll Hereford cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.47, p.1251-1260, 1996.

KAPS, M.; HERRING, W.O.; LAMBERSON, W.R. Genetic and environmental parameters for mature weight in Angus cattle. **Journal of Animal Science**, v.77, p.569-574, 1999.

KLOSTERMAN, E. W.; SANFORD, L.G.; PARKER, C.F. Effect of cow size and condition and ration protein content upon maintenance requirements of mature beef cows. **Journal of Animal Science**, v.27, p.242-251, 1968.

KOOTS, K.R.; GIBSON, J.P.; SMITH, C.; WILTON, J.W. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 1. Heritability. **Animal Breeding Abstract**, v.62, p.309-338, 1994.

LÔBO, R.N.B.; MADALENA, F.E.; VIEIRA, A.R. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Animal Breeding Abstracts**, v.68, p.433-462, 2000.

MASCIOLI, A.S., TALHARI, F.M., ALENCAR, M.M., BARBOSA, P.F., SILVA, A.M., BORBA, L.H.F. Correlações genéticas entre características reprodutivas e de crescimento de fêmeas da raça Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36, Porto Alegre, 1999. **Anais....**Porto Alegre, 1999, p.156.

MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; SILVA, L.O.C.; BARBOSA, R.T.; BARBOSA, P.F. Estimativas de (Co)Variâncias e Tendências Genéticas para Pesos em um Rebanho Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1707-1714, 2002.

MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; TORAL, F.L.B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e produtividade em vacas da raça

Canchim, utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.1, p.92- 97, 2006.

MERCADANTE, M.E.Z.; LOBO, R.B.; REYES, A. Parâmetros genéticos para características de crescimento em zebuínos de carne. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.3, p.45-89, 1995.

MERCADANTE, M.E.Z.; RAZOOK, A.G.; TROVO, J.B.F. et al. Parâmetros genéticos do peso no início da estação de monta, considerando indicativo do peso adulto de matrizes Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.5, p.1135- 1144, 2004.

MEYER, K., THOMPSON, R. Bias in variance and covariance components estimators due to selection in a correlated trait. **Z. Tierz. Zuechtungsbiol.** 101:3350, 1984.

MEYER, K.; CARRICK, M.J.; DONNELLY, B.J.P. Genetic parameters for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. **Journal of Animal Science**, v.71, p.2614-2622, 1993.

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

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle fitting a regression on maternal phenotype. **Livestock Production Science**, v.52, p.187-199, 1997.

MISZTAL, I. (2001). REMLF90 Manual. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html/>. Acessado 06/04/2007.

MONTAÑO-BERMUDEZ, M.; NIELSEN, M.K.; DEUTSCHER, G.H. Energy requirements for maintenance of crossbred beef cattle with different genetic potential for milk. **Journal of Animal Science**, v.68, n.8, p.2279-2288, 1990.

MUCARI, T.B.; OLIVEIRA, J.A. Análise genético-quantitativa de pesos aos 8, 12, 18 e 24 meses de idade em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.6, p.1604-1613, 2003.

NEPHAWE K.A.. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. **South African Journal of Animal Science**, v.34, n.3, p.166-173, 2004.

OLIVEIRA, H.N. **Análise genético-quantitativa da curva de crescimento de fêmeas da raça Guzerá**. 1995. 73p. Tese (Doutorado em Ciências Biológicas) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, USP, Ribeirão Preto, 1995.

OWENS, F.N.; DUBESKI, P.; HANSON, C.F. Factors that alter the growth and development of ruminant. **Journal of Animal Science**, v.71, p.3138-3150, 1993.

ROSA, A.N.; LÔBO, R.B.; OLIVEIRA, H.N. et al. Peso adulto de matrizes em rebanhos de seleção da raça Nelore no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.3, p.1027- 1033, 2001.

ROSA, A.N.; LÔBO, R.B.; OLIVEIRA, H.N. et al. Variabilidade genética do peso adulto de matrizes em um rebanho Nelore do estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1706- 1711, 2000.

RUMPH J. M.; KOCH, R. M.; GREGORY, K. E.; CUNDIFF, L. V.; VAN VLECK, L. D. Comparison of models for estimation of genetic parameters for mature weight of Hereford cattle **Journal of Animal Science**, v.80, p.583-590, 2002.

SILVA, A.M., ALENCAR, M.M., FREITAS, A.R., BARBOSA, R.T., OLIVEIRA, M.C.S., NOVAES, A.P., TÚLLIO, R.R., CORRÊA, L.A. Herdabilidade e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, s.2, p.2223-2230, 2000.

TALHARI, F.M.; ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S. Correlações genéticas entre características produtivas das fêmeas em um rebanho da Raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.880-886, 2003.

CAPÍTULO 3 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

RESUMO: Este trabalho foi realizado com o objetivo de estimar funções de covariância, utilizando modelos de regressões aleatórias sobre polinômios de Legendre, para a análise de medidas repetidas de pesos de bovinos da raça Canchim obtidos do nascimento até a idade adulta. Foram utilizadas 49.011 mensurações de pesos de 2.435 fêmeas. Os modelos incluíram, como aleatórios, os efeitos genéticos aditivos direto e materno, e de ambiente permanente direto e materno e, como fixos, os efeitos de grupo de contemporâneos e a idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático) e polinômio ortogonal de Legendre da idade do animal (regressão cúbica), como covariáveis. Um total de 12 modelos de polinômios de segunda a sétima ordem foram considerados para modelar os efeitos genéticos aditivos direto e materno e de ambiente permanente direto e materno. O resíduo foi modelado considerando 1, 4 e 11 classes de variâncias. O modelo contendo 4 classes de variância foi o que melhor descreveu o comportamento da trajetória para o efeito residual ao longo do crescimento. Os modelos que consideraram polinômios de Legendre de quarta e quinta ordem para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, respectivamente, e de terceira e segunda ordem para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno, respectivamente, foram suficientes para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais. As estimativas de herdabilidade do efeito genético direto e efeitos maternos obtidas por modelos de regressão aleatória seguiram tendência semelhante daquelas obtidas pela análise multicaracterística. A seleção de animais para maior peso, sobretudo após o desmame, acarretará incremento no peso adulto das fêmeas. Existe pouca possibilidade de se modificar a curva de crescimento em bovinos da raça Canchim, visando selecionar animais de rápido crescimento a idades jovens e baixo peso adulto nas fêmeas.

Palavras-chave: Curva de crescimento em gado de corte, função de covariância, modelos de dimensão infinita, polinômio de Legendre

Introdução

No Brasil, para as características de crescimento em gado de corte, os programas de avaliação genética comumente utilizam como metodologia a análise bi e multicaracterística para predizer os valores genéticos dessas características. Com esta metodologia os animais são avaliados em diferentes idades pontuais ao longo de sua vida. Na maioria dos casos, os pesos são tomados em diferentes idades, razão pela qual ajustam-se os pesos para as idades padrão ou excluem-se da análise aqueles pesos que se encontram fora do intervalo de idades pre-estabelecido. A utilização de pesos ajustados para idades padrão ou a remoção daqueles pesos fora do intervalo de idades preestabelecido pode levar a diminuição na acurácia dos valores genéticos preditos (MEYER, 2004).

Os modelos de regressão aleatória vêm sendo utilizados para a análise genética de medidas repetidas ou dados longitudinais e ultimamente são aplicados em avaliações genéticas de bovinos leiteiros (ALBUQUERQUE, 2004). Inicialmente sugeridos por HENDERSON Jr. (1982) e HENDERSON (1984), estes modelos empregam funções lineares contínuas para descrever tanto os efeitos fixos como os aleatórios. Os modelos de regressão aleatória permitem o ajuste de curvas aleatórias para cada indivíduo, expressas como desvios de uma curva média da população ou de grupos de indivíduos. Ao se ajustar modelos de regressão aleatória assume-se, implicitamente, certa estrutura de covariâncias entre as observações, e esta é determinada pelas covariâncias entre os coeficientes de regressão, podendo ser caracterizada como uma função de covariâncias.

Os modelos de regressão aleatória descrevem de forma contínua a estrutura de covariâncias ao longo do tempo e permitem estimar os valores genéticos para pesos em qualquer idade, em contraste com as análises multicaracterísticas, que fornecem predições pontuais (idade padrão). Além disso, permitem a utilização de todas as medidas do animal, possibilitando o uso de maior número de informações do mesmo animal nas avaliações genéticas, com o conseqüente aumento na acurácia (MEYER, 2004).

Os polinômios ortogonais têm sido utilizados extensivamente em modelos de regressão aleatória, para estimar funções de covariância em estudos de crescimento de bovinos de corte (MEYER, 1999; SAKAGUTI, 2000; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a, b; MEYER, 2001; CYRILLO, 2003; MEYER, 2003; NOBRE et al., 2003; ARANGO et al., 2004; NEPHAWE, 2004; TORAL, 2004; MEYER, 2005a; BOLIGON, 2008). Os polinômios ortogonais possuem a vantagem computacional de reduzir a correlação entre os coeficientes estimados (KIRKPATRICK, et al., 1990; SCHAEFFER & JAMROZIK, 2008). As matrizes dos polinômios ortogonais possuem colunas que são mutuamente ortogonais, o que evita o problema de matrizes singulares que é comum nos polinômios naturais. Segundo MEYER (2000), os polinômios ortogonais são os mais adequados para modelar dados de crescimento, especialmente se for necessário utilizar polinômios de alto grau. Existem vários tipos de polinômios ortogonais, sendo os polinômios de Legendre os mais comumente utilizados (MEYER, 2005b).

O presente estudo objetivou estimar funções de covariância para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e de ambiente permanente direto e materno, e parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim, utilizando modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre.

Material e Métodos

Os dados analisados neste trabalho são provenientes do rebanho da raça Canchim da Embrapa Pecuária Sudeste, localizada no município de São Carlos, São Paulo. Foram utilizados 49.011 registros de peso de 2.435 fêmeas da raça Canchim, do nascimento até a idade adulta (3.542 dias de idade). Os animais nasceram entre os anos 1954 e 2005 e foram criados exclusivamente em pastagens de diferentes gramíneas, com suplementação mineral. Até 1978, as pesagens de todos os animais do rebanho eram realizadas mensalmente nos dois primeiros dias úteis de cada mês. A partir de 1979, os animais passaram a ser pesados trimestralmente (em janeiro, abril, julho e outubro) e as vacas passaram a ser pesadas após o parto, ao desmame dos bezerros, à entrada e à saída da estação de monta e na inseminação. A partir de 1980,

as pesagens trimestrais deixaram de ser feitas e os animais passaram a ser pesados ao nascimento, ao desmame e aos 12, 18, 24 e 30 meses de idade. Maiores informações sobre as condições de alimentação e manejo dos animais podem ser obtidas em MELLO et al. (2002).

A seleção de machos e fêmeas para reprodução foi realizada em três etapas: na época da desmama (8 a 9 meses de idade); ao completar um ano ou um ano e meio de idade; e aos dois anos ou dois anos e meio de idade. A escolha dos touros foi baseada em características de crescimento (peso por idade), conformação, estética, precocidade, temperamento, pelagem, tipo e fertilidade (BARBOSA, 1997). A partir de 1979, a seleção dos touros dentro de cada ano, foi feita com base em características raciais e peso padronizado para 365 dias de idade, ajustado para mês de nascimento e idade da mãe ao parto. Além disto, os animais foram submetidos a exame andrológico com cerca de 24 meses de idade. A seleção de machos jovens, desde 1996, passou a ser feita pela DEP (Diferença Esperada na Progenie) direta para peso aos 12 meses de idade. A mensuração do perímetro escrotal aos 12, 18 e 24 meses de idade iniciou-se em 1982, característica que foi também considerada como critério de seleção. A partir de 2000, a seleção dos machos passou a ser feita com base em características raciais e nas DEPs para peso e perímetro escrotal ao sobreano.

Até o ano de 1975, as novilhas entravam em reprodução com aproximadamente 34 meses de idade e 360 kg de peso vivo e, a partir de 1976, esses critérios foram mudados para 24 a 28 meses e cerca de 300 kg de peso vivo. Em geral, as vacas eram colocadas com touros após a desmama dos bezerros, ou seja, sete a oito meses após a parição. Esse tipo de manejo foi modificado em 1969, quando todas as vacas que pariram antes do início da estação de monta foram colocadas em reprodução. Nova mudança ocorreu a partir de 1976 (exceto 1977, quando o manejo anterior foi utilizado), quando todas as vacas foram colocadas com touros durante a estação de monta, com exceção daquelas prenhes da estação anterior e que iriam parir após o término da estação vigente. Durante as estações de monta, cada touro era colocado com aproximadamente 30 vacas, em piquetes isolados. A partir de 1979, começou-se a utilizar também a inseminação artificial. Em vários anos foram utilizadas duas estações

de monta, uma no primeiro semestre e outra no segundo, mas que não tinham mês fixo para iniciar nem para terminar, e cuja duração também variava (2 a 4 meses). A eliminação de vacas do rebanho se deu principalmente por motivos de doença e/ou acidente; contudo, a partir de 1977, iniciou-se o descarte de vacas consideradas de fertilidade mais baixa, ou seja, que saíssem vazias de duas estações de monta consecutivas. A partir de 1979, a seleção de novilhas para entrada em reprodução foi feita antes do início da estação de monta, ao redor dos 22 meses de idade, considerando-se, além das características raciais, o desenvolvimento dos animais. Procurou-se manter no rebanho apenas novilhas prenhes da primeira estação de monta.

Foram descartados animais com menos de cinco medidas de peso. A média foi de 20,1 medidas por animal, com máximo de 56. Havia 216, 271, 485, 419 e 1.044 animais com 5, 6, 7-10, 11-20 e mais de 20 medidas de peso, representando 8,9; 11,1; 19,9; 17,2 e 42,9% dos animais, respectivamente.

Foram formadas classes de idade à pesagem visando diminuir a exigência de capacidade computacional. Para formação das classes utilizou-se como critério o mínimo de 80 animais por classe de idade. Foi considerado como classe zero o dia de nascimento do animal e, a partir desta data, as idades foram agrupadas em 2 dias para idades compreendidas entre os 194 a 270; 340 a 360; 506 a 540 dias de idade; em 3 dias para idades compreendidas entre os 13 a 193; 270 a 339; 361 a 505; 541 a 720 dias de idade; em 4 dias para idades compreendidas entre os 721 e 938 dias de idade; em 10 dias para idades compreendidas entre os 939 a 1.080 dias de idade; em 12 dias para idades compreendidas entre os 1.081 a 1.187 dias de idade; em 27 dias para idades compreendidas entre os 1.188 a 1.456 dias de idade; em 58 dias para idades compreendidas entre os 1.457 a 2.659 dias de idade e a cada 106 dias para idades compreendidas entre os 2.660 a 3.542 dias de idade. Nenhum animal foi medido entre o 1º e o 12º dia de idade. Esses critérios foram adotados com o objetivo de atingir o mínimo necessário de animais nas classes iniciais e finais. Foram formadas 381 classes de idade. A matriz de parentesco foi constituída com informações de todas as gerações disponíveis e continha 12.485 animais.

Modelos de regressão aleatória

As análises de regressão aleatória foram realizadas utilizando polinômio ortogonal de Legendre de quarta ordem para modelar as tendências da média populacional. O grupo de contemporâneos incluiu animais nascidos e pesados no mesmo ano e mês. Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos mais ou menos três desvios-padrão. Foram excluídos grupos de contemporâneos com menos de oito animais, totalizando 2.719 grupos de contemporâneos.

Foram considerados nos modelos quatro efeitos aleatórios: os efeitos genéticos direto (a) e materno (m), e de ambiente permanente direto (p) e materno (c), e diferentes ordens (k) de polinômio para cada efeito. Para o efeito genético aditivo direto (a) foram utilizados polinômio quadrático, cúbico, quártico e quártico, ou seja, $k_a = 3, 4$ e 5 , respectivamente. Para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno foram utilizados polinômios linear, quadrático, cúbico e quártico, ou seja, $k_m = k_c = 2, 3$ e 4 , respectivamente. O efeito de ambiente permanente do animal foi modelado considerando polinômio de terceira, quarta, quinta, sexta, e sétima ordem, ou seja, $k_p = 3, 4, 5$ e 6 , respectivamente. As variâncias residuais foram modeladas considerando-se 1, 4 e 11 classes, sendo agrupadas da seguinte forma: 0, 1-143, 144-419, 420-3.542 dias de idade quando foram consideradas 4 classes; 0, 1-143, 144-261, 262-345, 346-362, 363-383, 384-419, 420-437, 438-938, 939-1.241, 1.242-3.542 dias de idade quando foram consideradas 11 classes. Além disso, foi considerado no modelo como efeito fixo o grupo de contemporâneos, além da idade da mãe ao parto (dias) como covariável (efeitos linear e quadrático) e a curva fixa para modelar a tendência média da população. O modelo de regressão aleatória utilizado pode ser descrito como:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{kb-1} \beta_m \phi_m(t_i) + \sum_{m=0}^{ka-1} \alpha_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{km-1} \gamma_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{kp-1} \delta_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{kc-1} \rho_{jm} \phi_m(t_{ij}) + E_{ij} ,$$

em que: y_{ij} peso vivo na i -ésima idade, pertencente ao j -ésimo animal; F é o conjunto de efeitos fixos incluindo as covariáveis; β_m são os coeficientes de regressão para modelar a trajetória média da população; $\phi_m(t_i)$ é a função de regressão de ordem k_b que descreve a curva média da população de acordo com a idade do animal (t_i); $\phi_m(t_{ij})$ são as funções de regressão que descrevem as trajetórias de cada indivíduo j , de acordo com a idade (t_i), para os efeitos aleatórios genético aditivo direto, aditivo materno, de ambiente permanente direto e de ambiente permanente materno; $\alpha_{jm}, \gamma_{jm}, \delta_{jm}, \rho_{jm}$ são os regressores aleatórios genéticos direto e materno, e de ambiente permanente direto e materno para cada animal; k_b, k_a, k_m, k_p, k_c são as ordens dos polinômios utilizados para os efeitos descritos acima; e E_{ij} é o erro aleatório associado a cada idade i do animal j . Na notação matricial o modelo pode ser representado por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + \mathbf{W}_1\mathbf{p} + \mathbf{W}_2\mathbf{c} + \mathbf{e}$$

em que $\mathbf{y}$ é o vetor das observações, $\mathbf{b}$ é o vetor dos efeitos fixos (incluindo F_{ij} e β_m), $\mathbf{a}$ é o vetor dos coeficientes aleatórios para o efeito genético aditivo direto, $\mathbf{m}$ é o vetor dos coeficientes aleatórios para o efeito genético aditivo materno, $\mathbf{p}$ é o vetor dos coeficientes aleatórios para o efeito de ambiente permanente direto, $\mathbf{c}$ é o vetor dos coeficientes aleatórios para o efeito de ambiente permanente materno, $\mathbf{e}$ é o vetor dos resíduos, e $\mathbf{X}, \mathbf{Z}_1, \mathbf{Z}_2, \mathbf{W}_1, \mathbf{W}_2$ são as matrizes de incidência correspondentes.

As pressuposições em relação aos componentes são:

$$E \begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{Xb} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix} ; \quad V \begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{c} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{K}_a \otimes \mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{K}_m \otimes \mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{K}_p \otimes \mathbf{I} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{K}_c \otimes \mathbf{I} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix} ;$$

em que K_a , K_m , K_p e K_c são as matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente direto e ambiente permanente materno, A é a matriz de parentesco entre os indivíduos, I é a matriz de identidade, $\otimes$ é o produto de Kroeneker entre matrizes, e R representa uma matriz bloco diagonal, contendo as variâncias residuais. Assume-se que os efeitos aleatórios do modelo não são correlacionados entre si. Dado o modelo de regressão aleatória e as pressuposições associadas aos momentos, as equações de modelos mistos (EMM) são:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_1 & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_2 & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_1 & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_2 \\ \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_1 + \mathbf{K}_a \otimes \mathbf{A}^{-1} & \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_2 & \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_1 & \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_2 \\ \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_1 & \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_2 & \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_1 & \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_2 \\ \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_1 & \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_2 & \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_1 & \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_2 \\ \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_1 & \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_2 & \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_1 & \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

As funções de covariâncias foram estimadas utilizando-se modelos de regressão aleatória pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando-se o programa estatístico WOMBAT (MEYER, 2006).

Os modelos de regressão aleatória foram comparados usando-se o logaritmo da função de verossimilhança ($\log L$), as formas de máxima verossimilhança restrita dos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) (WOLFINGER, 1993) e pelo exame das variâncias e correlações estimadas para peso vivo em diferentes idades presentes no conjunto de dados. Os critérios de informação podem ser representados como:

$$\text{AIC} = -2\log L + 2p$$

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

em que p é o número de parâmetros estimados, N o número de dados, $r(X)$ o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos no modelo e $\log L$ ou logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita (WOLFINGER, 1993).

Para comparar os resultados obtidos pelos modelos de regressão aleatória, foram realizadas, no mesmo conjunto de dados, análise multicaracterística utilizando modelos de dimensão finita para pesos ao nascer (PN), peso à desmama ajustado para 240 dias de idade (PD), pesos padronizados para 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24), e 30 (P30) meses de idade e peso adulto da fêmea (PAD). Foram considerados como aleatórios os efeitos genéticos aditivos direto e materno e de ambiente permanente materno para PN, PD, P12, P18 e P24, e efeito genético aditivo direto para P30 e PAD, e os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (mês e ano de nascimento, e sexo com exceção de PAD) e a idade da vaca ao parto, como covariáveis. Para as análises multicaracterística foi utilizado o programa REMLF90 (MISZTAL, 2001).

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

Resultados e Discussão

A média de peso e o número de medidas de peso por idade são apresentados na Figura 1. O nascimento foi a classe de idade que apresentou maior número de observações com 2.375 observações (não mostrado no gráfico). Os pesos aumentaram com a idade, apresentando decréscimo na velocidade de crescimento após a desmama. Após os 400 dias de idade a taxa de crescimento aumentou constantemente até os 1.400 dias de idade aproximadamente, quando o peso permaneceu relativamente constante até os 3.542 dias de idade. Observa-se que o número de registros aumentou notadamente nas idades consideradas padrão e diminuiu gradualmente na idade adulta.

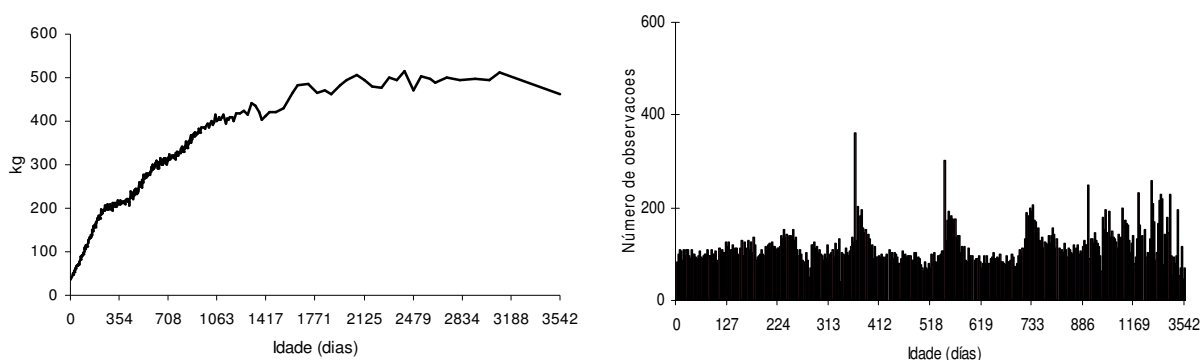


Figura 1- Média de peso (esquerda) e número de observações por idade (direita).

O resumo das análises utilizando modelos de regressão aleatória está descrito na Tabela 1. Os valores do logaritmo da função de verossimilhança ($\log L$) melhoraram à medida em que o número de parâmetros dos modelos aumentou. Como se pode observar na Tabela 1, o incremento na ordem do polinômio do efeito de ambiente permanente direto esteve associado com melhora importante no ajuste dos modelos, independentemente do critério estatístico utilizado.

Quando foram considerados todos os efeitos aleatórios, o modelo contendo homogeneidade de variâncias residuais promoveu o pior ajuste, indicando que a variância residual tem comportamento diferente no decorrer do crescimento. MEYER (1999) obteve resultados semelhantes utilizando pesos a partir do ano e meio de idade até a idade adulta em bovinos de raças de corte. A medida em que o número de classes de resíduo foi maior houve melhor ajuste do modelo (Tabela 1). No entanto, os resultados mostraram que no caso de se utilizar 11 classes de resíduo resultou em um forte incremento da variância residual a partir dos três anos de idade. Este incremento promoveu também aumento na variância fenotípica afetando, sobretudo, a herdabilidade direta a partir dos três anos e meio de idade, sendo esta de magnitude inferior em relação àquela obtida quando foram utilizadas quatro classes de resíduo ou da obtida na análise multicaracterística. Por esta razão, optou-se por modelar a variância residual por meio de quatro classes de resíduo, embora não tenha resultado no melhor ajuste dos modelos de acordo com os critérios de $\log L$, AIC e BIC.

Entretanto, forneceu estimativas de covariâncias, fundamentalmente herdabilidade direta para peso adulto, com valores mais próximos daqueles obtidos na análise multicaracterística. Além disto, a modelagem da variância residual com quatro classes permitirá utilizar modelos mais parcimoniosos em relação àqueles modelos que empregaram 11 classes de resíduo.

Segundo os resultados dos critérios estatísticos do log L, AIC e BIC, o modelo Leg4362_4 com 44 parâmetros foi o que promoveu melhor ajuste. No entanto, e de acordo com as estimativas de variâncias obtidas para os efeitos de ambiente permanente direto não existiria vantagem adicional em se utilizar polinômios de ordem superior a cinco para o efeito de ambiente permanente direto, em razão das poucas modificações na trajetória das variâncias ao longo da idade. Além disso, aqueles modelos que empregaram polinômios de ordem igual a seis para o efeito de ambiente permanente direto resultaram em variâncias fenotípicas para idade adulta superiores em relação às obtidas empregando análise multicaracterística.

Tabela 1- Ordem do polinômio para os efeitos genéticos direto (k_a) e materno (k_m) e de ambiente permanente de animal (k_p) e materno (k_c), classes de resíduo (r); número de parâmetros (np); logaritmo da função de verossimilhança ($\log$); critério de informação de Akaike (AIC) e critério Bayesiano de Schwarz (BIC).

Modelo ¹	k_a	k_m	k_p	k_c	r	np	Critério Estatístico ²		
							$\log L$	AIC	BIC
Leg3333_1	3	3	3	3	1	25	-154.609	309.269	309.487
Leg3333_4	3	3	3	3	4	28	-153.225	306.507	306.752
Leg3333_11	3	3	3	3	11	35	-149.498	299.067	299.373
Leg3343_4	3	3	4	3	4	32	-150.616	301.295	301.575
Leg3353_4	3	3	5	3	4	37	-149.282	298.638	298.962
Leg3362_4	3	3	6	2	4	40	-148.876	297.833	298.183
Leg4343_4	4	3	4	3	4	36	-150.638	301.349	301.663
Leg4352_4	4	3	5	2	4	38	-149.246	298.568	298.900
Leg4353_4	4	3	5	3	4	41	-149.246	298.574	298.933
Leg4453_4	4	4	5	3	4	45	-149.240	298.571	298.965
Leg4362_4	4	3	6	2	4	44	-148.843	297.774	298.159
Leg4363_4	4	3	6	3	4	47	-148.843	297.780	298.191

¹Leg $k_a k_m k_p k_c r$: ordem da função de covariâncias para os efeitos genético aditivo direto (k_a), materno (k_m), de ambiente permanente de animal (k_p) e materno (k_c) e a estrutura de variâncias residuais (r) ²Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em AIC, BIC e $\log L$

Para o efeito de ambiente permanente materno, o emprego de modelos com polinômio de ordem cúbica esteve associado a autovalores iguais a zero, sugerindo redução na ordem e possibilitando a obtenção de modelos mais parcimoniosos. Além disto, problemas na convergência das análises aconteceram quando procurou-se incrementar a ordem do efeito de ambiente permanente materno. Neste sentido, ARANGO et al. (2002) relataram que falhas na convergência das análises aconteceram quando parâmetros desnecessários são incluídos no modelo. No presente estudo, quando incrementou-se a ordem do polinômio para o efeito materno de três para quatro, obteve-se autovalores iguais a zero para este efeito.

Em definitivo, nem sempre uma melhora na modelagem utilizando os critérios de AIC e BIC esteve associada com estimativas de variâncias mais próximas daquelas

obtidas por modelos de dimensão finita (análise multicaracterística). JAMROZIK & SCHAEFFER (2002), avaliaram diferentes modelos de regressão aleatória para estimar funções de covariância para produção de leite no dia do controle, afirmaram que diferentes critérios classificam os modelos de forma diferente e que ainda é pouco claro qual critério estatístico é mais adequado para o tipo de modelos que empregaram. Para o presente estudo, a utilização do modelo Leg4352_4 com 38 parâmetros permitiria obter estimativas de parâmetros genéticos para pesos do nascimento à idade adulta de magnitude semelhante às obtidas por análise multicaracterística em relação às obtidas pelo modelo menos parcimoniosos como Leg4362_4.

BOLIGON (2008), utilizando pesos de fêmeas Nelore para estimar funções de covariância para pesos do nascimento até a idade adulta, relatou que, de acordo com os critérios de AIC e BIC, os modelos mais adequados para descrever a trajetória das variâncias foram os modelos Leg4454_5 e Leg4363_5 com 50 e 48 parâmetros, respectivamente. MEYER (2003) utilizou o modelo Leg4353_32 com 69 parâmetros para estimar funções de covariância para bovinos da raça Angus do nascimento até os 3000 dias de idade. MEYER (1999), ARANGO et al. (2004) e NEPHAWE (2004) estimaram funções de covariância para pesos a partir de um ano e meio de idade utilizando os modelos Leg44_7, Leg25_7 e M33_9, respectivamente, sendo que os efeitos maternos não foram incluídos no modelo. No entanto, ALBUQUERQUE & MEYER (2001a), NOBRE et al. (2003), MEYER (2005d) e DIAS et al. (2006), estimaram funções de covariância para pesos desde nascimento até aproximadamente os dois anos de idade empregando os modelos Leg4463_f3, Leg3333, Leg3353_19 e Leg4352_f5, respectivamente. Em termos gerais, para modelar a trajetória do crescimento em gado de corte se observou certo grau de compatibilidade entre os modelos empregados em trabalhos prévios e os encontrados neste estudo.

As estimativas de covariâncias e correlações entre o intercepto e os coeficientes de regressão aleatória e seus autovalores, para os modelos Leg4352_4 e Leg4362_4 são apresentados na Tabela 2. Como se pode observar (Tabela 2), com exceção do efeito de ambiente permanente materno, as correlações entre os coeficientes de regressão aleatória foram de magnitude e sinal variável. Para todos os efeitos aleatórios

estudados, o intercepto apresentou a maior estimativa de variância e autovalor. As correlações entre o intercepto e os coeficientes de regressão linear foram positivas em todos os modelos. Estes resultados estão de acordo com os obtidos por BOLIGON (2008). As correlações entre o intercepto e os coeficientes de regressão quadráticos foram negativas para os efeitos de ambiente permanente direto e genético materno. ALBUQUERQUE & MEYER (2001a), MEYER (2001) e BOLIGON (2008), obtiveram correlações negativas entre o intercepto e os coeficientes de regressão quadráticos para todos os efeitos.

As variâncias estimadas para pesos do nascimento à idade adulta utilizando o melhor modelo de acordo com os critérios log L, AIC e BIC (Leg4362_4), o modelo Leg4352_4 e análise multicaracterística, são apresentadas na Figura 3. As estimativas de variância genética aditiva direta obtidas por modelos de regressão aleatória foram semelhantes às obtidas com a utilização da análise multicaracterística. (Figura 3). Para pesos do nascimento à idade adulta, não houve diferenças nas estimativas de variância genética aditiva direta entre os modelos de regressão aleatória.

Para o efeito de ambiente permanente direto, observou-se aumento nas estimativas em função da idade, sendo este incremento mais acentuado para idades superiores a seis anos e no modelo Leg4362_4. Possivelmente, a maior magnitude da variância do efeito de ambiente permanente direto do modelo Leg4362_4 em relação ao modelo Leg4352_4 reflete superestimação na variância deste efeito para idades maiores de seis anos, promovendo incremento também nas estimativas de variância fenotípica. O incremento na variância do efeito de ambiente permanente direto do modelo Leg4362_4 ocorreu a partir de idades em que diminuiu o número de observações. Segundo MEYER (2005c), a maior susceptibilidade dos polinômios de Legendre a variâncias inconsistentes em idades extremas ou tardias, é consequência do menor número de observações e maior dispersão das observações nestas idades.

Tabela 2- Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória e seus autovalores (λ) para os modelos Leg4352_4 e Leg4362_4 para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e de ambiente permanente direto e materno, respectivamente.

		0	1	2	3	4	5	6	λ
Leg4352_4									
Genético Aditivo	0	592	0,87	0,10	0,59				690
	1	223	111	0,41	0,56				66,6
	2	18,2	30,7	48,7	0,69				18,2
	3	70,7	29,1	23,4	23,8				0,8
Genético Materno	0	41,3	0,98	-0,96					46,0
	1	8,9	1,9	-0,99					0,24
	2	-10,8	-2,4	3,1					0,0
Ambiente Permanente Direto	0	817	0,55	-0,46	-0,008	-0,13			925
	1	250	250	0,26	0,12	0,45			239
	2	-129	41,2	97,6	0,54	0,49			73,5
	3	-1,9	15,5	42,7	62,5	0,66			27,2
	4	-23,3	44,4	29,8	32,2	38,4			0,3
Ambiente permanente Materno	0	37,9	1,0						43,9
	1	14,9	5,9						0,0
Leg4362_4									
Genético Aditivo	0	597	0,87	0,13	0,62				700
	1	230	116	0,44	0,58				62,4
	2	21,5	32,1	45,5	0,66				17,4
	3	71,6	29,5	21,1	22,0				0,83
Genético Materno	0	40,2	0,97	-0,97					45,0
	1	8,9	2,0	-0,99					0,22
	2	-10,6	-2,5	2,9					0,0
Ambiente Permanente Direto	0	837	0,56	-0,35	0,06	0,02	0,17		951
	1	266	266	0,33	0,19	0,49	0,23		273
	2	-109	56,3	111	0,58	0,54	0,36		80,3
	3	14,9	22,9	46,7	57,4	0,66	0,39		31,7
	4	3,6	62,2	44,7	39,0	60,9	0,67		15,9
	5	21,8	16,2	16,6	13,0	22,9	19,4		0,17
Ambiente permanente Materno	0	39,4	1,0						45,6
	1	15,7	6,2						0,0

As estimativas de variâncias obtidas por meio de modelos de regressão aleatória para o efeito genético materno foram semelhantes para todos os modelos e não diferiram daquelas obtidas pela análise multicaracterística (Figura 3). Entretanto, para o efeito de ambiente permanente materno, as estimativas obtidas pela análise multicaracterística foram superiores em relação àquelas obtidas empregando modelos

de regressão aleatória para pesos da desmama até os 18 meses de idade. Boligon (2008), para pesos do nascimento aos 550 dias de idade, não observou diferenças nas variâncias genética materna e de ambiente permanente materno obtidas em análise multicaracterística e com modelos de regressão aleatória. Neste estudo, para pesos a partir da desmama até os 18 meses de idade, houve partição da variância de ambiente permanente materno diferente quando se utilizou análise multicaracterística ou modelos de regressão aleatória.

As estimativas de variância fenotípica para os modelos Leg4352_4 e Leg4632_4 foram semelhantes em toda a trajetória daquelas obtidas pela análise multicaracterística. Para idades maiores de seis anos as variâncias fenotípicas do modelo Leg4362_4 foram superiores em relação àquela obtida pelo modelo de regressão Leg4352_4 como consequência, provavelmente, da superestimação na variância do efeito de ambiente permanente direto. De acordo com MEYER (2005c), menor número e maior dispersão das observações no extremo superior da curva, em idades tardias, ocasiona problemas de estimação nas variâncias, sobretudo para o efeito de ambiente permanente direto, como consequência da maior dependência das estimativas em relação à ordem do polinômio utilizado.

As herdabilidades para o efeito genético direto estimadas com modelos de regressão aleatória e análise multicaracterística, no geral, mostraram a mesma tendência (Figura 4). BOLIGON (2008), em fêmeas da raça Nelore obteve maiores herdabilidades para pesos do nascimento até a idade adulta quando foram empregados modelos de regressão aleatória em relação à análise multicaracterística com cinco características ou idades padrão. No presente estudo foi utilizado maior número de características (idades) na análise multicaracterística, o que possivelmente esteja explicando a maior similaridade entre as estimativas obtidas pelos modelos de regressão aleatória e a análise multicaracterística.

As estimativas de herdabilidade do efeito genético direto estimadas usando modelo multicaracterística foram 0,39 (PN), 0,31 (PD), 0,29 (P12), 0,28 (P18), 0,26 (P24), 0,30 (P30) e 0,38 (PAD). Já as obtidas utilizando o modelo Leg4352_4 como se pode observar na Figura 4, mostraram rápido decréscimo do nascimento (0,38) até os

primeiros trinta dias de idade, havendo acréscimo até um ano de idade (0,32), aos 418 dias de idade apresentaram um forte decréscimo em razão da mudança da classe da variância residual permanecendo constante até os dois anos de idade (0,26), incremento-se rapidamente a partir dos trinta meses de idade até os quatro anos de idade, e permanecendo constante a partir dessa idade com leve decréscimo após os seis anos de idade. MEYER (2003) estimou funções de covariância para pesos do nascimento até a idade adulta e também observou fortes mudanças nos valores de herdabilidade nas idades limites das classes de resíduo, quando a variância de ambiente temporário foi modelada em classes heterogêneas. ALBUQUERQUE & MEYER (2001a) e MEYER (2001, 2003), utilizando modelos de regressão aleatória para estimar funções de covariância para peso em gado de corte, obtiveram rápidos decréscimos na herdabilidade após o nascimento e incremento gradual antes do desmama, em concordância com os resultados obtidos neste trabalho.

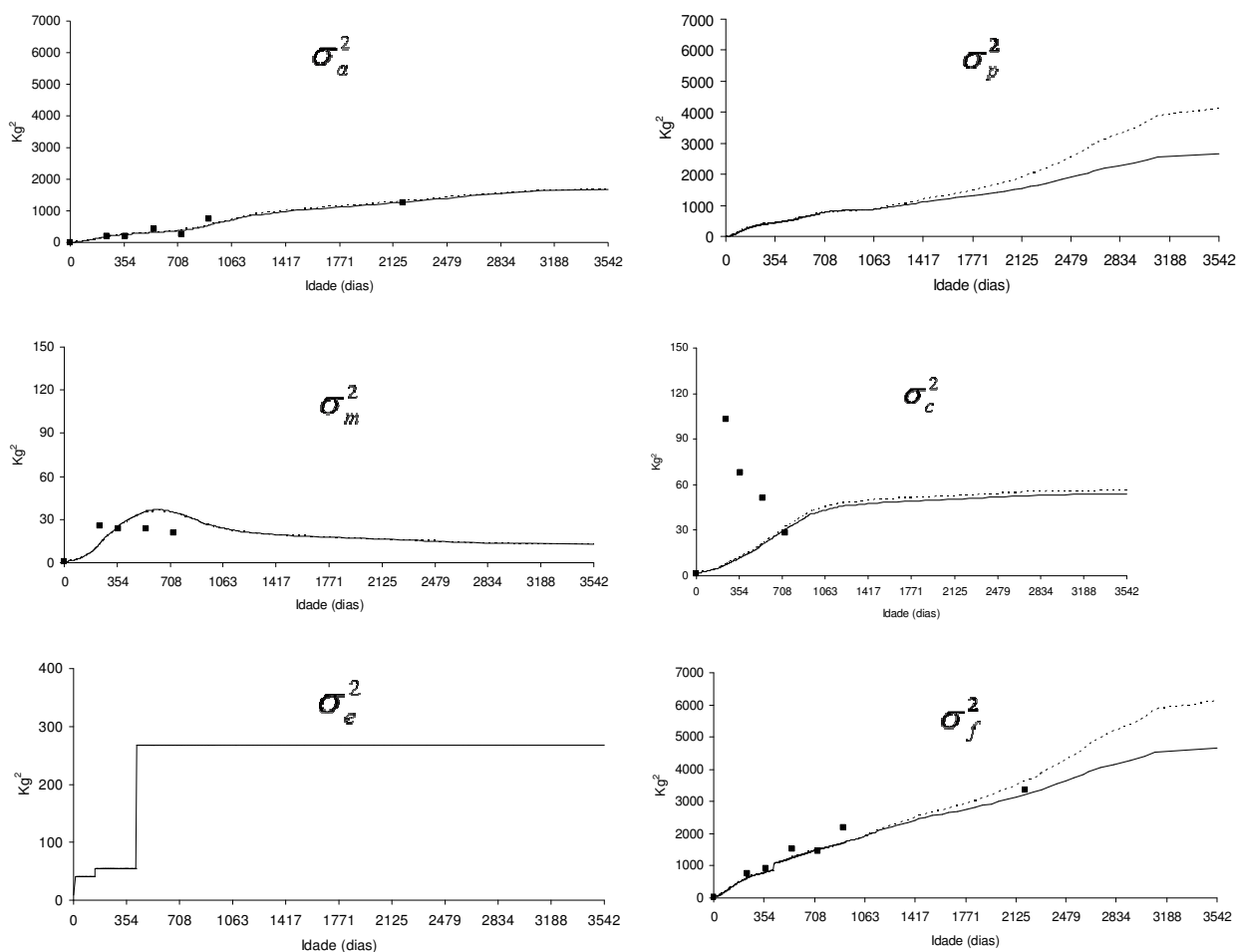


Figura 3- Estimativas de componentes de variância aditiva genética direta (σ_a^2), genética materna (σ_m^2), ambiente permanente direto (σ_p^2), ambiente permanente materno (σ_c^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_f^2), obtidas por meio de modelos de regressão aleatória para Leg4352_4 (linha contínua) e Leg4362_4 (linha de pontos) e por análise multicaracterística (■).

A partir da idade adulta (seis anos de idade) as estimativas de herdabilidade do modelo Leg4362_4 foram inferiores em relação às aquelas obtidas pelo modelo Leg4352_4, possivelmente, em razão de diferenças na partição das variâncias. O fato de se utilizar polinômio de ordem seis para o efeito de ambiente permanente direto, possivelmente, provocou viés na estimação das variâncias, sobretudo naquelas idades com menor número e maior dispersão das observações.

Em gado de corte, são escassos os trabalhos em relação a estimativas de parâmetros genéticos para peso adulto da vaca utilizando-se modelos de regressão aleatória. Nesses trabalhos (MEYER, 1999; ARANGO et al., 2004; NEPHAWE, 2004), com exceção de MEYER (2003) e BOLIGON (2008), os pesos são considerados a partir de um ano e meio de idade, quando seria de interesse, do ponto de vista da seleção baseada na curva de crescimento, considerar pesos anteriores na vida da fêmea de forma a se obter uma trajetória do crescimento mais completa. Em geral, as estimativas de herdabilidade obtidas por modelos de regressão aleatória para peso da vaca à idade adulta são maiores em relação às estimativas obtidas por análises convencionais (MEYER, 1999, 2003; ARANGO et al. 2004). Segundo MEYER (1999) e ARANGO et al. (2004), a falta de ajuste dos polinômios utilizados nos extremos da curva resulta em estimativas de herdabilidade com magnitudes maiores na idade adulta.

As estimativas de variâncias de ambiente permanente de animal como proporção da variância fenotípica foram semelhantes para todos os modelos desde o nascimento até os cinco anos de idade. Após essa idade, o modelo Leg4362_4 apresentou rápido incremento na variância de ambiente permanente de animal como proporção da variância fenotípica. MEYER (2003) obteve tendência semelhante à obtida no presente estudo para a variância de ambiente permanente de animal como proporção da variância fenotípica. Contudo, BOLIGON (2008) obteve menores oscilações na variância de ambiente permanente de animal como proporção da variância fenotípica em relação às obtidas neste trabalho. NEPHAWE (2004), para idades maiores de trinta meses, relatou proporções de ambiente permanente de animal variando de 0,30 a 0,42, com maiores oscilações no início e final do período estudado.

As estimativas de herdabilidade materna obtidas pelos modelos de regressão aleatória foram semelhantes e não diferiram daquelas obtidas pela análise multicaracterística. Estes resultados concordam com aqueles obtidos por BOLIGON (2008), mas com valores de menor magnitude. No presente estudo, a herdabilidade materna obtida pelo modelo Leg4352_4 foi máxima ao nascimento (0,05) e diminuiu abruptamente após o nascimento (0,02), logo incrementando-se até os 400 dias de idade (0,034) e diminuindo gradualmente até o final. Em bovinos da raça Canchim,

TORAL (2004) para pesos do nascimento até os 760 dias de idade com modelos de regressão aleatória obteve comportamento semelhante ao obtido neste estudo para herdabilidade materna. MEYER (2003), trabalhando com fêmeas da raça Angus, obteve estimativas de herdabilidade materna empregando modelos de regressão aleatória, sendo máxima (0,06) aos 200 dias de idade, diminuindo gradualmente a zero até próximo aos 600 dias de idade. MEYER (2001), ALBUQUERQUE & MEYER (2001ab), NOBRE et al. (2003) e MEYER (2005d) obtiveram comportamento similar da herdabilidade materna ao longo do tempo, em animais de raças zebuínas e européias empregando modelos de regressão aleatória. DIAS et al. (2006) obtiveram estimativas que aumentaram do nascimento (0,08) até próximo ao desmame (0,14) e diminuíram nas idades subseqüentes, chegando a 0,06 aos 570 dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã.

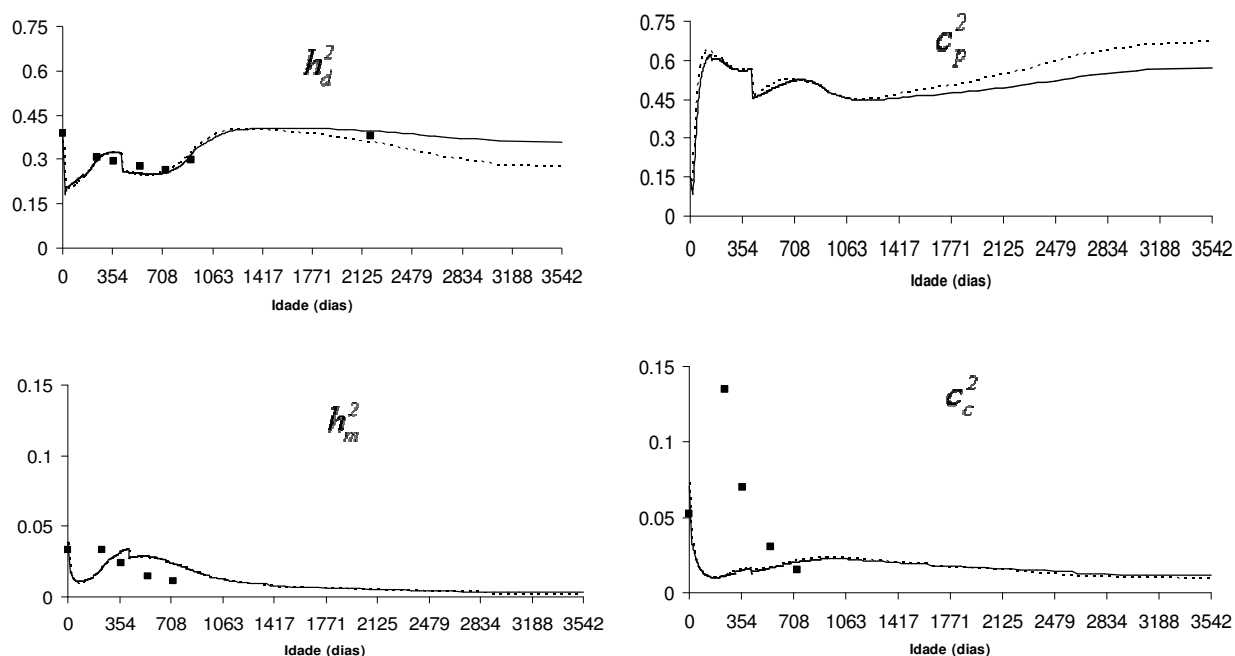


Figura 4- Estimativas de herdabilidade direta (h_d^2), herdabilidade materna (h_m^2), estimativa da variância de ambiente permanente de animal (c_p^2) e materna (c_c^2) como proporção da variância fenotípica total, obtidas por modelos de regressão aleatória para Leg4352_4 (linha contínua) e Leg4362_4 (linha de pontos) e por análise multicaracterística (■).

As estimativas da variância de ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica obtidas por meio de análises com modelos de regressão aleatória foram semelhantes e seguiram tendência diferente daquela obtida na análise multicaracterística, sendo as estimativas obtidas por modelos de regressão aleatória de magnitudes inferiores em relação às obtidas da análise multicaracterística para pesos da desmama até os 18 meses de idade. BOLIGON (2008), com bovinos da raça Nelore, obteve tendência semelhante após o nascimento entre as estimativas obtidas por modelos de regressão aleatória e análise multicaracterística, sendo que diminuíram gradualmente desde o nascimento (0,15) até os 120 dias de idade (0,06), permanecendo praticamente constantes após essa idade. MEYER (2003), empregando

modelos de regressão aleatória, obteve estimativa máxima (0,15) aos 200 dias de idade e diminuindo gradualmente a zero até próximo aos 600 dias de idade. Contudo, ALBUQUERQUE & MEYER (2001), para animais da raça Nelore, obtiveram estimativas de ambiente permanente materno que praticamente não mudaram com a idade e que foram de magnitude inferior àquelas obtidas em análise unicaracterística.

Com modelos de regressão aleatória, os resultados observados neste estudo demonstraram maior influência do efeito genético materno em relação ao efeito de ambiente permanente materno para pesos do nascimento até os dois anos de idade. Este resultado está de acordo com os resultados obtidos por ALBUQUERQUE & MEYER (2001) e BOLIGON (2008). Já MEYER (2003) obteve maior influência do efeito de ambiente permanente materno em relação ao efeito genético materno para pesos do nascimento até os dois anos de idade. A partição dos efeitos maternais em efeitos genéticos e ambientais, geralmente, apresenta dificuldades em análise unicaracterística e, espera-se que as dificuldades incrementem-se quando se empregam modelos de regressão aleatória (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001). De acordo com MEYER (1992), é suficiente considerar no modelo somente um dos efeitos maternais (genético materno ou ambiente permanente materno) para evitar viés nas demais estimativas.

As estimativas de correlação genética entre os efeitos diretos e entre os efeitos maternais entre os pesos do nascimento à idade adulta para o modelo Leg4352_4 estão apresentadas na Tabela 3. As estimativas de correlação genética decresceram com o aumento da distância entre os pesos, com exceção das correlações com o peso ao nascimento. ARANGO et al. (2002) obtiveram correlações genéticas entre os pesos de fêmeas adultas que diminuíram gradualmente a medida em que a diferença entre idades aumentava. As correlações entre o peso ao nascimento com pesos posteriores diminuíram até os dois anos de idade, aumentando a partir dessa idade até a idade adulta. Comportamento semelhante foi obtido no caso das correlações obtidas nas análises bi e multicaracterística. Este comportamento é pouco esperado em razão dos resultados obtidos em outro trabalho utilizando modelos de regressão aleatória e análise multicaracterística (BOLIGON, 2008).

Os altos valores de correlações entre pesos a idades jovens e o peso adulto indicam que a seleção de animais para maior peso a idades jovens, provavelmente, levará a aumento no peso da fêmea à idade adulta. BULLOCK et al. (1993), NORTHCUTT & WILSON (1993), CHOY et al. (1998), RUMPH et al. (2000), ARANGO et al. (2002) e TALHARI et al. (2003) também obtiveram altos valores de correlação entre pesos de fêmeas em idades jovens e à idade adulta empregando modelos de dimensão finita.

As estimativas de correlação genética materna foram altas entre os pesos após o desmame até idade adulta. Para o peso ao nascimento as correlações maternas com pesos em idades posteriores foram baixas. ALBUQUERQUE & MEYER (2001a) e DIAS et al. (2006) relataram baixos valores de correlação entre o peso ao nascer com pesos obtidos da desmama até 550 dias de idade, em concordância com os resultados obtidos neste estudo. NOBRE et al. (2003), estimaram correlações baixas entre os pesos do nascimento até 60 dias de idade e estimativas acima de 0,70 entre os pesos dos 243 aos 601 dias de idade.

Tabela 3 - Estimativas das correlações genéticas aditivas diretas (acima da diagonal) e maternas (abaixo da diagonal) entre as características de crescimento, obtidas em análise utilizando o modelo Leg4352_4.

Característica ¹	PN	PD	P12	P18	P24	P30	PAD
PN	-	0,52	0,45	0,39	0,44	0,52	0,57
PD	0,22	-	0,98	0,89	0,86	0,87	0,82
P12	0,14	0,99	-	0,97	0,93	0,89	0,76
P18	0,12	0,99	0,99	-	0,98	0,90	0,70
P24	0,13	0,99	0,99	0,99	-	0,96	0,78
P30	0,17	0,99	0,99	0,99	0,99	-	0,92
PAD	0,27	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	-

¹Peso ao nascimento (PN), à desmama (PD), aos 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24) e 30 meses de idade (P30) e à idade adulta (PAD)

As estimativas de correlação de ambiente permanente direto e materno entre os pesos do nascimento à idade adulta para o modelo Leg4352_4 estão apresentadas na Tabela 4. As correlações de ambiente permanente materno obtidas foram próximas à unidade. Estes resultados estão de acordo com os obtidos por ALBUQUERQUE &

MEYER (2001a) que estimaram correlações para o efeito de ambiente permanente materno também próximos à unidade empregando modelos de regressão aleatória.

Tabela 4 - Estimativas das correlações de ambiente permanente direto (acima da diagonal) e de ambiente permanente materno (abaixo da diagonal) entre as características de crescimento, obtidas em análise utilizando o modelo modelo Leg4352_4.

Característica	PN	PD	P12	P18	P24	P30	PAD
PN	-	0,40	0,37	0,34	0,34	0,32	0,10
PD	0,99	-	0,91	0,73	0,64	0,56	0,13
P12	0,99	0,99	-	0,92	0,80	0,73	0,40
P18	0,99	0,99	0,99	-	0,95	0,89	0,49
P24	0,99	0,99	0,99	1,0	-	0,97	0,47
P30	0,99	0,99	0,99	0,99	1,0	-	0,63
PAD	0,99	0,99	0,99	0,99	1,0	1,0	-

¹Peso ao nascimento (PN), à desmama (PD), aos 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24) e 30 meses de idade (P30) e à idade adulta (PAD)

As correlações de ambiente permanente direta decresceram quanto maior foi a distância em tempo entre os pesos (Tabela 4). As correlações entre o peso ao nascimento e pesos posteriores obtidas foram de magnitude inferior em relação àquelas relatadas por BOLIGON (2008). Para pesos posteriores ao nascimento as correlações foram semelhantes àquelas obtidas por BOLIGON (2008). Estimativas de correlações inferiores às obtidas no presente trabalho foram relatadas por DIAS et al. (2006) entre o peso ao nascer e aos 240 (0,25), 365 (0,26) e 550 dias de idade (0,09). Para pesos a partir dos 570 dias de idade, MEYER (1999) e ARANGO et al. (2004) estimaram correlações de ambiente permanente direto próximo a 0,60 em idades intermediárias, porém apresentando flutuações e menores correlações entre idades extremas.

As três principais autofunções para o efeito genético aditivo direto para o modelo de regressão aleatória Leg4352_4 são apresentadas na Figura 5.

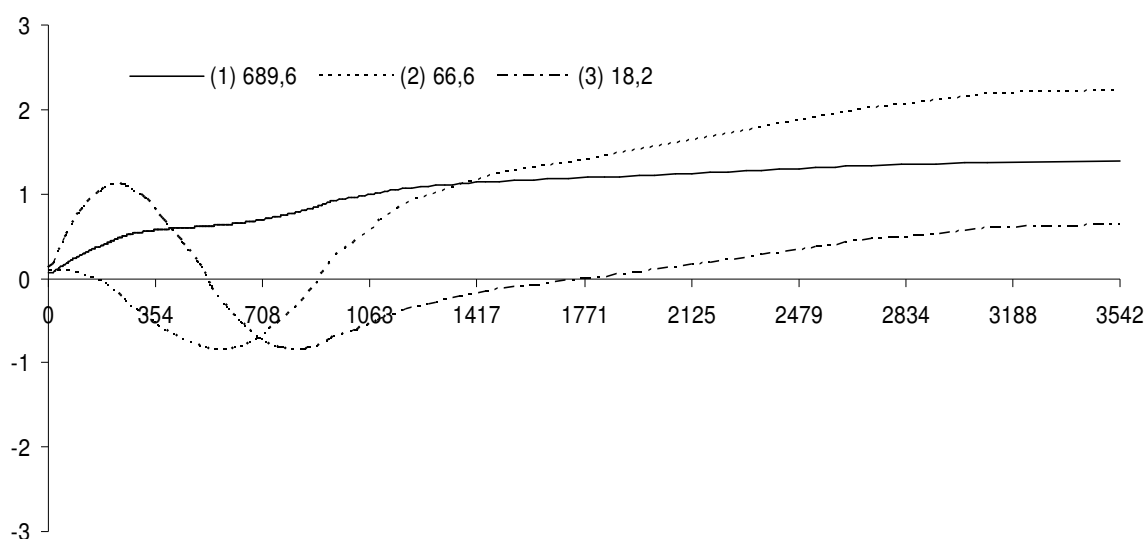


Figura 5 - Autofunções (1, 2 e 3) estimadas para o efeito genético aditivo direto e seus respectivos autovalores (689,6; 66,6 e 18,2), para o modelo Leg4352_4.

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. Segundo MEYER (2005c), os três primeiros autovalores explicam a maior parte da variação independentemente da ordem do polinômio utilizado. Resultados semelhantes foram obtidos neste estudo para os 25 modelos de regressão utilizados.

A primeira autofunção foi positiva em todas as idades, indicando que existe correlação positiva entre os pesos do nascimento aos 3.542 dias de idade. MEYER (2005a, c) obteve resultados semelhantes para pesos tomados desde o nascimento até os dois anos e meio de idade e para pesos a partir de um ano e meio de idade em vacas de corte. Assim, como observado nas correlações genéticas, a seleção para pesos em determinada idade irá aumentar os pesos em demais idades. A segunda autofunção foi negativa até os 900 dias de idade e depois tornou-se positiva. A mudança de sinal indica que a seleção sobre este componente terá efeitos contrários no início e no final da trajetória. Entretanto, a possibilidade de mudança genética por seleção sobre esse componente é pequena, uma vez que este foi responsável por apenas 8,6% da variância genética aditiva. Estes resultados assemelham-se aos

descritos por BOLIGON (2008) para pesos do nascimento aos oito anos de idade em fêmeas da raça Nelore.

Os três autovalores principais da matriz de coeficientes para o efeito genético aditivo do modelo Leg4362_4, explicaram a variação de forma semelhante (como proporção da variação total) em relação ao modelo Leg4352_4. Além disso, as autofunções respectivas dos autovalores apresentaram tendências semelhantes às encontradas no modelo Leg4352_4. Contudo, MEYER (2005c), empregando diferentes modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre relatou diferentes trajetórias ou tendências para a primeira autofunção do efeito genético direto como consequência da menor robustez dos polinômios Legendre. Possivelmente, diferenças na ordem dos polinômios utilizados e/ou na estrutura dos dados estejam explicando as diferenças em relação aos resultados obtidos neste estudo.

Conclusões

Os pesos do nascimento até a idade adulta possuem variação genética aditiva para responder à seleção quando os componentes de variância foram estimados com modelos de regressão aleatória.

As variâncias residuais devem ser consideradas por meio de estruturas heterogêneas e quatro classes foram suficientes. Um modelo de regressão aleatória de ordem quatro para o efeito genético aditivo direto, cinco para o efeito de ambiente permanente direto, três e dois para o efeito genético materno e de ambiente permanente materno, foi suficiente para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais.

Existe pouca possibilidade para modificar a curva de crescimento em bovinos da raça Canchim, visando selecionar animais de rápido crescimento a idades jovens e baixo peso adulto nas fêmeas. Além disso, a seleção de animais para maior peso, sobretudo após o desmame, acarretará incremento no peso adulto das fêmeas.

Referências bibliográficas

- ALBUQUERQUE L.G., MEYER K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001(a).
- ALBUQUERQUE, L.G. and MEYER, K. 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, 2001(b).
- 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, SP. **Anais...** Pirassununga: Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004. (CD-ROM)
- ARANGO, A., CUNDIFF, L.V., VAN VLECK, L.D. Genetic parameters for weight, weight adjusted for body condition score, height, and body condition score in beef cows. **Journal Animal Science**, v.80, p.3112-3122, 2002.
- ARANGO J. A., CUNDIFF L. V., VAN VLECK L. D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.
- BARBOSA, P. F. Critérios de seleção para a raça Canchim. In: CONVENÇÃO NACIONAL DA RAÇA CANCHIM, 3., 1997, São Carlos. **Anais....** São Carlos: Embrapa-CPPSE/São Paulo, ABCCAN, 1997. p.47-75.
- BOLIGON, A.A. **Estimativas de (co)variância genética de pesos do nascimento até a maturidade em rebanhos da raça Nelore usando modelos de regressão aleatória e de características múltiplas**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2008. 91p Dissertação (Mestrado)-Universidade Estadual Paulista, 2008.
- BULLOCK, K.D.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Genetic and environmental parameters for mature weight and other growth measures in Polled Hereford cattle **Journal Animal Science**, v.71, p.1737-1741, 1993.
- CYRILLO, J.N.S.G. **Estimativas de funções de covariância para crescimento de machos Nelore utilizando modelos de regressão aleatória**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2003. 72p Tese (Doutorado)-Universidade Estadual Paulista, 2003.
- CHOY, Y. H.; BRINKS, J.S.; BOURDON, R.M. Genetic evaluation of mature weight, hip height, and body condition score in an Angus herd. **Journal of Animal Science**, v.76 (Suppl. 1), p.51 (Abstr.), 1998.

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 Tabapua utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006.

HENDERSON, C.R. **Applications of Linear Models in Animal Breeding**. University of Guelph, 1984.

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

IWAISAKI, H., TSURUTA, S., MISZTAI, L., BERTRAND, J. K. Genetic parameters estimated with multitrait and linear spline-random regression models using Gelbvieh early growth data. **Journal of Animal Science**, 83: 757-763, 2005.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. Bayesian comparison of random regression models for test-day yields in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002., Montplellier, France. **Proceeding...** Montplellier, France, 2002. 1 CD-ROM.

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

MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; SILVA, L.O.C.; BARBOSA, R.T.; BARBOSA, P.F. Estimativas de (Co)Variâncias e Tendências Genéticas para Pesos em um Rebanho Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1707-1714, 2002.

MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.31, p.179-204, 1992.

MEYER, K. "DXMRR"- a program to estimate covariance functions for longitudinal data by restricted maximum likelihood. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 6. 1998, Armidale, **Proceedings...** Armidale, 1998(b), v.27, p.465-466.

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

MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.

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

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

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

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

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

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

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

MEYER, K. "WOMBAT" – Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: World Congress on genetic applied to Livestock Production, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006, CD-ROM-

NEPHAWE K.A.. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. **South African Journal of Animal Science**, v.34, n.3, p.166-173, 2004.

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

NORTHCUTT, S.L.; WILSON, D.E. Genetic parameter estimates and expected progeny differences for mature size in Angus cattle. **Journal of Animal Science**, v.71, p.1148-1153, 1993.

RUMPH, J.M.; KOCH, R.M., GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V.; Van Vleck, L. D. Genetic parameters for cow weight at different ages. **Journal Animal Science**, v.78 (Suppl. 2), p.30 (Abstr.), 2000.

SCHAEFFER, L.R., JAMROZIK, J. Random regression models: a longitudinal perspective. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.125, p.145-146, 2008.

SAKAGUTI, E.S. **Funções de covariâncias e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã**. 2000. 81f. Tese (Doutorando em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

TALHARI, F.M.; ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S. Correlações genéticas entre características produtivas das fêmeas em um rebanho da Raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.880-886, 2003.

TORAL, F.L.B. **Estimativas de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2004. 97p. Tese (Maestrado) - Universidade Estadual Paulista, 2004.

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

CAPITULO 4 - MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA EMPREGANDO FUNÇÕES B-SPLINE PARA MODELAR CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM

RESUMO: Este trabalho foi realizado com objetivo de estimar funções de (co)variância utilizando modelos de regressões aleatórias sobre funções “b-spline”, para a análise de medidas repetidas de pesos obtidos do nascimento até a idade adulta. Foram utilizadas 49.011 mensurações de pesos de 2.435 fêmeas, do rebanho da raça Canchim da Embrapa Pecuária Sudeste. Os modelos incluíram, como aleatórios, os efeitos genéticos aditivo direto e aditivo materno, e de ambiente permanente direto e materno e, como fixos, os efeitos de grupo de contemporâneos, a idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático), o polinômio ortogonal de Legendre da idade do animal (regressão cúbica), como covariáveis. O resíduo foi modelado por meio de quatro classes heterogêneas. Os efeitos aleatórios foram modelados por meio de funções chamadas “b-spline”. Foram considerados polinômios linear (L), quadrático (Q) e cúbico (C) para cada segmento individual. Polinômios de mesmo grau foram considerados no modelo para todos os efeitos aleatórios. Até sete segmentos foram utilizados para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, e o mesmo número de segmentos foi ajustado para ambos os efeitos. Para o efeito genético materno e de ambiente permanente materno foi utilizado um único segmento com dois nós nos extremos da curva. Os modelos empregando funções “b-spline” foram comparados com um modelo de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre e análise multicaracterística. Um total de 20 modelos foi considerado, sendo que o número de parâmetros variou de 22 a 134. O modelo que considerou funções “b-spline” quadráticas com três segmentos para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, e um único segmento para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno, foi suficiente para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais. As funções “b-spline” propiciaram melhor descrição da trajetória das variâncias em relação aos polinômios ortogonais, sobretudo em idades

tardias, entretanto, foi necessário utilizar maior número de parâmetros nos modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline”.

Palavras-chave: Curva de crescimento em gado de corte, função de covariância, modelos de dimensão infinita, polinômio segmentado

Introdução

Os polinômios ortogonais têm sido empregados em modelos de regressão aleatória para estimar funções de covariância visando obter parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos de corte (MEYER, 1999; SAKAGUTI, 2000; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a, b; MEYER, 2001; CYRILLO, 2003; MEYER, 2003; NOBRE et al., 2003; ARANGO et al., 2004; NEPHAWE, 2004; TORAL, 2004; MEYER, 2005a; BOLIGON, 2008).

Contudo, uma série de dificuldades têm surgido na aplicação de polinômios ortogonais em dados de crescimento de bovinos, como: problemas de inconsistências nas estimativas de variâncias e covariâncias em idades extremas (MEYER, 1999; ARANGO et al., 2004), em razão da maior ênfase que os polinômios colocam nas observações localizadas nos extremos da curva; e problemas com polinômios de alto grau, principalmente para modelar os efeitos de ambiente permanente direto (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a; MEYER, 2001), o que leva ao aumento do número de parâmetros a serem estimados e conseqüente aumento nas exigências da capacidade computacional e nos erros das estimativas. ARANGO et al. (2004) enumeraram uma série de deficiências da modelagem de dados de crescimento animal por meio de polinômios ortogonais: 1) não modelam adequadamente o padrão cíclico dos dados, típico em características de crescimento submetidas a efeitos estacionais e do clima; e 2) falta de comportamento assintótico, já que, em geral, o crescimento animal atinge um “plateau” à maturidade.

Ultimamente, as funções “spline” têm surgido como funções alternativas aos polinômios ortogonais para modelagem de algumas funções biológicas. As funções “spline” podem ser modeladas de várias formas (diferentes bases). Dependendo da escolha, elas podem proporcionar redução da multicolinearidade, ser de fácil estimação (linear nos parâmetros) e possuir interpretação biológica simples. No contexto da regressão aleatória, as funções “spline” têm sido utilizadas no melhoramento animal para ajustar a curva de lactação de vacas leiteiras (WHITE et al., 1999; TORRES JÚNIOR, 2001) e, em gado de corte, foi aplicada para descrever a variação genética do

crescimento, do nascimento até os 820 dias de idade (MEYER, 2005b), do nascimento até o ano de idade (IWAISAKI et al., 2005) e de um ano e meio até os sete anos de idade em vacas da raça Angus (MEYER, 2005c), sendo que as funções “spline” foram menos susceptíveis a problemas freqüentemente observados com polinômios ortogonais. Esta menor susceptibilidade se deve ao fato do modelo conter segmentos individuais de polinômios de menor grau e melhor controle da influência global das observações individuais.

Segundo MEYER (2000), mediante as funções “spline”, é possível ajustar polinômios de baixo grau em segmentos curtos da trajetória de crescimento e, desta forma, ser mais flexível no ajuste das flutuações estacionais do crescimento em bovinos. De acordo com SCHAEFFER & JAMROZIK (2008), possivelmente, maior benefício será obtido do emprego das funções “spline” para modelar características de crescimento em gado de corte em comparação à sua implementação para modelar a curva de produção de leite em bovinos leiteiros.

O presente estudo objetivou estimar funções de covariância para os efeitos genéticos aditivo direto e aditivo materno e de ambiente permanente direto e materno, e parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim, por meio de modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline”.

Material e Métodos

Os dados analisados neste trabalho são provenientes do rebanho da raça Canchim da Embrapa Pecuária Sudeste, localizada no município de São Carlos, São Paulo. Foram utilizados 49.011 registros de peso de 2.435 fêmeas da raça Canchim, do nascimento até a idade adulta (3.542 dias de idade). Os animais nasceram entre os anos 1954 e 2005 e foram criados exclusivamente em pastagens de diferentes gramíneas, com suplementação mineral. Até 1978, as pesagens de todos os animais do rebanho eram realizadas mensalmente nos dois primeiros dias úteis de cada mês. A partir de 1979, os animais passaram a ser pesados trimestralmente (em janeiro, abril, julho e outubro) e as vacas passaram a ser pesadas após o parto, ao desmame dos

bezerros, à entrada e à saída da estação de monta e na inseminação. A partir de 1980, as pesagens trimestrais deixaram de ser feitas e os animais passaram a ser pesados ao nascimento, ao desmame e aos 12, 18, 24 e 30 meses de idade. Maiores informações sobre as condições de alimentação e manejo dos animais podem ser obtidas em Mello et al. (2002).

A seleção de machos e fêmeas para reprodução foi realizada em três etapas: na época da desmama (8 a 9 meses de idade); ao completar um ano ou um ano e meio de idade; e aos dois anos ou dois anos e meio de idade. A escolha dos touros foi baseada em características de crescimento (peso por idade), conformação, estética, precocidade, temperamento, pelagem, tipo e fertilidade (BARBOSA, 1997). A partir de 1979, a seleção dos touros dentro de cada ano, foi feita com base em características raciais e peso padronizado para 365 dias de idade, ajustado para mês de nascimento e idade da mãe ao parto. Além disto, os animais foram submetidos a exame andrológico com cerca de 24 meses de idade. A seleção de machos jovens, desde 1996, passou a ser feita pela DEP (Diferença Esperada na Progenie) direta para peso aos 12 meses de idade. A mensuração do perímetro escrotal aos 12, 18 e 24 meses de idade iniciou-se em 1982, característica que foi também considerada como critério de seleção. A partir de 2000, a seleção dos machos passou a ser feita com base em características raciais e nas DEPs para peso e perímetro escrotal ao sobreano.

Até o ano de 1975, as novilhas entravam em reprodução com aproximadamente 34 meses de idade e 360 kg de peso vivo e, a partir de 1976, esses critérios foram mudados para 24 a 28 meses e cerca de 300 kg de peso vivo. Em geral, as vacas eram colocadas com touros após a desmama dos bezerros, ou seja, sete a oito meses após a parição. Esse tipo de manejo foi modificado em 1969, quando todas as vacas que pariram antes do início da estação de monta foram colocadas em reprodução. Nova mudança ocorreu a partir de 1976 (exceto 1977, quando o manejo anterior foi utilizado), quando todas as vacas foram colocadas com touros durante a estação de monta, com exceção daquelas prenhes da estação anterior e que iriam parir após o término da estação vigente. Durante as estações de monta, cada touro era colocado com aproximadamente 30 vacas, em piquetes isolados. A partir de 1979, começou-se a

utilizar também a inseminação artificial. Em vários anos foram utilizadas duas estações de monta, uma no primeiro semestre e outra no segundo, mas que não tinham mês fixo para iniciar nem para terminar, e cuja duração também variava (2 a 4 meses). A eliminação de vacas do rebanho se deu principalmente por motivos de doença e/ou acidente; contudo, a partir de 1977, iniciou-se o descarte de vacas consideradas de fertilidade mais baixa, ou seja, que saíssem vazias de duas estações de monta consecutivas. A partir de 1979, a seleção de novilhas para entrada em reprodução foi feita antes do início da estação de monta, ao redor dos 22 meses de idade, considerando-se, além das características raciais, o desenvolvimento dos animais. Procurou-se manter no rebanho apenas novilhas prenhes da primeira estação de monta.

O grupo de contemporâneos incluiu animais nascidos e pesados no mesmo ano e mês. Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos mais ou menos três desvios-padrão. Foram excluídos grupos de contemporâneos com menos de oito animais, totalizando 2.719 grupos de contemporâneos.

Foram descartados animais com menos de cinco medidas de peso. A média foi de 20,1 medidas por animal, com máximo de 56 medidas. Existiam 216, 271, 485, 419 e 1.044 animais com 5, 6, 7-10, 11-20 e mais de 20 medidas de peso, representando 8,9; 11,1; 19,9; 17,2 e 42,9% dos animais, respectivamente.

Foram formadas classes de idade à pesagem visando diminuir a exigência de capacidade computacional. Para formação das classes utilizou-se como critério o mínimo de 80 animais por classe de idade. Foi considerado como classe zero o dia de nascimento do animal e, a partir desta data, as idades foram agrupadas em 2 dias para idades compreendidas entre os 194 a 270; 340 a 360; 506 a 540 dias de idade; em 3 dias para idades compreendidas entre os 13 a 193; 270 a 339; 361 a 505; 541 a 720 dias de idade; em 4 dias para idades compreendidas entre os 721 e 938 dias de idade; em 10 dias para idades compreendidas entre os 939 a 1.080 dias de idade; em 12 dias para idades compreendidas entre os 1.081 a 1.187 dias de idade; em 27 dias para idades compreendidas entre os 1.188 a 1.456 dias de idade; em 58 dias para idades

compreendidas entre os 1.457 a 2.659 dias de idade e a cada 106 dias para idades compreendidas entre os 2.660 a 3.542 dias de idade. Nenhum animal foi medido entre o 1º e o 12º dia de idade. Esses critérios foram adotados com o objetivo de atingir o mínimo necessário de animais nas classes iniciais e finais. Foram formadas 381 classes de idade. A matriz de parentesco foi constituída com informações de todas as gerações disponíveis e continha 12.485 animais.

Para todos os modelos foram incluídos os efeitos genéticos direto e materno, de ambiente permanente direto e maternal e o resíduo. Os efeitos aleatórios foram modelados por meio de funções chamadas “b-spline” (MARX & EILER, 1998). Foram considerados como efeitos fixos o grupo de contemporâneos, além da idade da mãe ao parto (dias) como covariável (efeitos linear e quadrático), e para modelar a tendência da média populacional foi utilizado polinômio ortogonal de Legendre de quarta ordem. O resíduo foi considerado em classes heterogêneas, contendo quatro classes de variâncias, sendo que as idades foram agrupadas da seguinte forma 0, 1-143, 144-419 e 420-3.542 dias de idade, conforme descrito no capítulo 3.

A função “b-spline” pode ser definida recursivamente. Funções bases de grau $p=0$ tendo valores um para todos os pontos em um dado intervalo, e zero caso contrário.

Para o k -ésimo intervalo dado por nós T_k e $T_k < T_{k+1}$,

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

Funções bases de alto grau, $B_{k,p}$ para $p > 0$, são então determinadas por funções bases de baixo grau, já avaliados, e uma gama de intervalos adjacentes entre os nós. A função pode ser representada:

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

Foram considerados polinômios linear (L), quadrático (Q) e cúbico (C) para cada segmento individual, com funções bases, respectivamente, de graus $p=1$, 2 e 3. Polinômios de mesmo grau foram considerados no modelo para todos os efeitos aleatórios.

Os m nós foram escolhidos para dividir as classes de idade à pesagem em $m-1$ intervalos eqüidistantes e os nós externos foram localizados nas classes 0 e 381 para todos os modelos. No entanto, na escala original de idade à pesagem, os nós não ficaram em intervalos eqüidistantes em razão do agrupamento das idades em classes não ter sido considerado eqüidistante. Até sete segmentos foram utilizados para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, e o mesmo número de nós foi ajustado para ambos os efeitos. Para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno foi utilizado um único segmento com dois nós nos extremos da curva.

O número de coeficientes de regressão aleatória para modelar a trajetória das funções bases lineares, quadrática e cúbica, foram dados, respectivamente, por m , $m+1$ e $m+2$.

A citação dos modelos de regressão aleatória segue o padrão: “BSX k_a k_{ap} ”, em que $X=L$, Q ou C são os graus do segmento polinomial, k_a e k_{ap} especificam o número de coeficientes de regressão aleatória para os efeitos genético aditivo direto e materno e de ambiente permanente direto e materno, respectivamente. Portanto, um modelo tendo a seguinte representação BSQ4433 constará de uma função “b-spline” quadrática, o número de coeficientes de regressão aleatória igual a 4 tanto para o efeito aleatório genético aditivo como o de ambiente permanente direto, com 2 segmentos e 3 nós, e 3 coeficientes de regressão aleatória tanto para o efeito genético materno e de ambiente permanente materno, com 1 segmento.

Esses modelos empregando funções “b-spline” foram comparados com um modelo de regressão aleatória sobre polinômios ortogonais de Legendre, de quarta e quinta ordem para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, respectivamente, e de terceira e segunda ordem para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno, respectivamente (Leg4352_4), contendo 4 classes de

variâncias residuais. Além disso, para comparar os resultados obtidos pelos modelos de regressão aleatória, foi realizada, com o mesmo conjunto de dados, uma análise multicaracterísticas utilizando modelos de dimensão finita para pesos ao nascer (PN), peso à desmama padronizado para 240 dias de idade (PD) e os pesos padronizados para 12 meses de idade (P12), 18 meses de idade (P18), 24 meses de idade (P24), e 30 meses de idade (P30) e peso adulto da fêmea (PAD). Foram considerados como aleatórios os efeitos genéticos aditivo direto e aditivo materno e de ambiente permanente materno para PN, PD, P12, P18 e P24, e apenas o efeito genético aditivo direto para P30 e PAD. Os efeitos fixos foram o grupo de contemporâneos (mês e ano de nascimento, e sexo com exceção de PAD) e a idade da vaca ao parto, como covariáveis.

Os componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos dos modelos foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o pacote estatístico Wombat (MEYER, 2006). Para a análise multicaracterística foi utilizado o programa REMLF90 (MISZTAL, 2001).

A comparação entre os modelos de regressão aleatória foi efetuada pelos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) (WOLFINGER, 1993) e pelo exame das variâncias e correlações estimadas para os pesos nas diferentes idades no conjunto de dados. Os testes de AIC e BIC permitem uma comparação entre os modelos não aninhados e penalizam aqueles com maior número de parâmetros, sendo que o BIC atribui uma penalidade mais rigorosa. Os critérios de informação podem ser representados como:

$$AIC = -2\log L + 2p$$

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

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

Resultados e Discussão

O resumo das análises com logaritmo da função de verossimilhança ($\log L$) e dos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano (BIC) é apresentado na Tabela 1. Foram ajustados modelos “b-spline”, com segmentos lineares, quadráticos e cúbicos, considerando sempre a mesma ordem para todos os efeitos aleatórios, genético direto e materno e de ambiente permanente direto e materno. O número de parâmetros variou de 22 a 134 parâmetros.

Os valores do logaritmo da função de verossimilhança ($\log L$) melhoraram a medida em que o número de segmentos aumentou assim como quando a ordem das funções utilizada foi maior. Como pode se observar na Tabela 1, à medida em que o número de segmentos foi maior, os valores do logaritmo da função de verossimilhança ($\log L$) melhoraram, mas a magnitude da melhora foi inferior quando a ordem da função utilizada foi maior. Ou seja, a influência do número de nós foi maior quando se utilizou funções de baixa ordem (por exemplo, igual a dois) para modelar os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto. Ao contrário, a ordem da função foi mais importante quando se utilizou um baixo número de segmentos. Neste sentido, MEYER (2005b) relatou resultados semelhantes àqueles obtidos neste estudo quando utilizou funções “b-spline” (linear, quadrática e cúbica) para modelar a trajetória de crescimento em bovinos da raça Angus do nascimento até os 821 dias de idade.

Nenhum modelo de regressão aleatória sobre funções “b-spline” com número de parâmetros semelhante ou menor que o Legendre (Leg4352_4) teve melhor ajuste que o Legendre (Tabela 1). Foram necessários maior número de parâmetros nos modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” para atingir um ajuste semelhante ao modelo Leg4532_4. O valor do logaritmo da função de verossimilhança e os resultados dos critérios estatísticos AIC e BIC indicam que o modelo BSC10.10.4.4 com 134 parâmetros foi aquele que propiciou melhor ajuste aos dados. Entretanto, o modelo BSQ5.5.3.3 com 46 parâmetros apresentou componentes de variâncias com magnitudes e tendências semelhantes àquelas obtidas na análise multicaracterísticas e pelo modelo Leg4352_4 que empregou polinômios de Legendre. O modelo BSL6.6.2.2

mostrou componentes de variâncias com magnitudes e tendências semelhantes àquelas obtidas pelo modelo BSQ5.5.3.3, mas foi necessário estimar maior número de parâmetros.

Tabela 1. Modelos, número de parâmetros (n) do modelo, posição dos nós (idade á pesagem), números de segmentos (N), logaritmo da função de verossimilhança (log) e critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), para os modelos de regressão aleatória empregando “b-spline” e polinômios de Legendre.

Modelos	n	Nós	N	Log ¹	AIC	BIC
B-Spline (linear)						
BSL3.3.2.2	22	0, 518, 3542	2	-154.697	309.439	309.631
BSL4.4.2.2	30	0, 347, 697, 3542	3	-152.785	305.630	305.892
BSL5.5.2.2	40	0, 265, 520, 814, 3542	4	-150.686	301.453	301.803
BSL6.6.2.2	52	0, 226, 415, 622, 890, 3542	5	-149.347	298.799	299.253
BSL7.7.2.2	66	0, 199, 344, 517, 694, 933, 3542	6	-148.838	297.808	298.386
BSL8.8.2.2	82	0, 172, 295, 442, 586, 753, 1010, 3542	7	-148.552	297.268	297.985
B-Spline (quadrática)						
BSQ3.3.3.3	28	0, 3542	1	-153.226	306.508	306.752
BSQ4.4.3.3	36	0, 518, 3542	2	-151.219	302.511	302.825
BSQ5.5.3.3	46	0, 347, 697, 3542	3	-149.491	299.074	299.476
BSQ6.6.3.3	58	0, 265, 520, 814, 3542	4	-148.856	297.828	298.335
BSQ7.7.3.3	72	0, 226, 415, 622, 890, 3542	5	-148.634	297.411	298.041
BSQ8.8.3.3	88	0, 199, 344, 517, 694, 933, 3542	6	-148.158	296.493	297.262
BSQ9.9.3.3	106	0, 172, 295, 442, 586, 753, 1010, 3542	7	-147.845	295.903	296.830
B-Spline (cúbica)						
BSC4.4.4.4	44	0, 3542	1	-150.572	301.232	301.617
BSC5.5.4.4	54	0, 518, 3542	2	-149.319	298.746	299.218
BSC6.6.4.4	66	0, 347, 697, 3542	3	-149.231	298.594	299.171
BSC7.7.4.4	80	0, 265, 520, 814, 3542	4	-148.734	297.627	298.327
BSC8.8.4.4	96	0, 226, 415, 622, 890, 3542	5	-148.022	296.236	297.076
BSC9.9.4.4	114	0, 199, 344, 517, 694, 933, 3542	6	-147.852	295.932	296.929
BSC10.10.4.4	134	0, 172, 295, 442, 586, 753, 1010, 3542	7	-147.506	295.280	296.452
Polinômio de Legendre						
Leg4352_4 ²	38			-149.246	298.568	298.900

¹Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em AIC e BIC. ²Polinômio de Legendre (Leg) 4, 3, 5 e 2 são as ordens do coeficiente de regressão para os efeitos aleatórios genético direto e materno e de ambiente permanente direto e materno, respectivamente.

No caso de se utilizar funções de ordem igual a três ou quadrática para modelar o efeito de ambiente permanente direto, observou-se no conjunto das análises que a medida em que o número de segmentos aumentou a partir de quatro segmentos as estimativas de variâncias de ambiente permanente direto aumentaram de forma significativa no extremo direito da curva (nas idades extremas).

As estimativas de (co)variâncias e correlações entre o intercepto e os coeficientes de regressão aleatória e seus autovalores, para os modelos BSPC10.10.4.4 e BSPQ5.5.3.3, são apresentados na Tabela 2.

Como se pode observar na Tabela 2, para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, a magnitude das correlações entre os coeficientes de regressão com o intercepto e entre os coeficientes de regressão, diminuiu a medida em que a distância entre os segmentos foi maior. Além disso, a magnitude das variâncias dos coeficientes de regressão aumentou gradualmente a partir do primeiro coeficiente de regressão até o último coeficiente de regressão, correspondente ao último segmento. Estes resultados são contraditórios em relação aos resultados obtidos quando foi utilizado polinômio de Legendre, em que o intercepto apresentou a maior estimativa de variância. Para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno o intercepto apresentou a maior estimativa de variância. A magnitude das variâncias dos coeficientes de regressão diminuiu gradualmente a partir do primeiro coeficiente de regressão até o último coeficiente de regressão no modelo BSQ5.5.3.3.

As variâncias estimadas para os pesos do nascimento até a idade adulta utilizando os modelos BSC10.10.4.4, BSQ5.5.3.3, Leg4.3.5.2_4 e análise multicaracterísticas, são apresentadas na Figura 1. As estimativas de variância genética direta dos modelos BSC10.10.4.4 e BSQ5.5.3.3 seguiram tendência semelhante daquelas obtidas na análise multicaracterísticas. IWASAKI et al. (2005), utilizando pesos ao nascimento, desmame e ao ano de idade em bovinos da raça Gelbvieh, relataram estimativas de variâncias genéticas semelhantes quando empregaram análise multicaracterística e modelos de regressão aleatória sobre funções “spline” (polinômio linear). Neste trabalho, a partir dos seis anos de idade o modelo BSC10.10.4.4 apresentou variâncias genética direta inferiores em relação aos modelos BSQ5.5.3.3 e

Leg4352_4. Segundo MEYER (2005b), para idades com número suficiente de observações não se espera encontrar diferenças importantes nas estimativas obtidas por modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” ou polinômio de Legendre.

Tabela 2- Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (acima da diagonal) e correlações (abaixo da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória e seus autovalores (λ) para os modelos BSPC10.10.4.4 e BSPQ5.5.3.3 para os efeitos genéticos aditivo direto e aditivo materno e de ambiente permanente direto e materno, respectivamente.

BSPC10.10.4.4												
		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	λ
Genético aditivo direto	0	1.942	-0,91	-0,04	0,08	-0,23	-0,005	-0,16	0,27	-0,03	0,03	3.053
	1	-481	145	-0,12	-0,1	0,12	-0,06	0,16	-0,28	0,21	-0,06	0,1
	2	-25,9	-19,7	179	0,86	0,65	0,79	0,72	0,67	0,45	-0,1	5,9
	3	59,1	-20,2	199	299	0,60	0,90	0,82	0,84	0,59	-0,14	8,6
	4	-201	29,7	174	208	400	0,74	0,85	0,46	0,57	-0,29	25,8
	5	-4,4	-16,2	233	342	326	485	0,95	0,91	0,62	-0,18	189
	6	-149	39,3	198	294	349	431	425	0,79	0,72	-0,22	93,7
	7	287	-83,6	219	354	226	487	398	594	0,51	-0,09	683
	8	-84,2	138	335	574	629	752	819	685	3.075	-0,55	2.145
	9	128	-69,1	-138	-250	-606	-412	-481	-220	-3.179	10.803	12.142
Ambiente Permanente Direto	0	2.179	-0,97	0,14	-0,21	-0,06	-0,04	-0,08	-0,03	-0,07	0,09	2.911
	1	-630	196	-0,37	0,04	-0,11	-0,08	-0,06	-0,02	-0,01	-0,05	0,01
	2	153	-121	522	0,65	0,64	0,61	0,47	0,40	0,04	0,04	48,7
	3	-202	11,5	307	428	0,68	0,69	0,58	0,41	0,06	0,06	85,5
	4	-72,8	-42,1	383	369	690	0,82	0,86	0,59	0,22	-0,03	131
	5	-47,2	-318	377	382	578	723	0,85	0,79	0,06	0,13	221
	6	-110	-23,8	310	347	651	658	834	0,60	0,37	-0,07	548
	7	-51,9	-8,6	363	338	613	840	686	1.564	-0,26	0,33	2.348
	8	270	-15,1	70,8	104	511	132	949	-904	7.713	-0,71	4.479
	9	2.862	-452	648	855	-499	2.502	-1.306	8.955	-42.376	468.440E+01	472.517
Genético Materno	0	123	-0,90	-0,34	-0,48							134
	1	-34,6	12,0	0,59	0,74							5,6
	2	-3,2	1,8	0,7	0,98							0,6
	3	-11,6	5,6	1,8	4,6							0,0
Ambiente Permanente Materno	0	119	-0,47	-0,74	-0,36							174
	1	-15,9	9,4	-0,23	-0,59							37,7
	2	-70,1	-6,1	74,6	0,86							0,7
	3	-12,1	-5,6	22,9	9,5							0,1

Continuação Tabela 2.

BSPQ5.5.3.3												
		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	λ
Genético aditivo direto	0	206	-0,93	-0,44	-0,72	-0,18						11,0
	1	-218	270	0,52	0,79	0,39						92,6
	2	-130	178	429	0,67	0,54						202
	3	-250	314	334	578	0,36						888
	4	-187	468	810	631	5.308						5.597
Ambiente Permanente Direto	0	450,7	-0,98	-0,44	-0,44	0,21						5,2
	1	-492	552	0,44	0,49	-0,22						196
	2	-239	267	664	0,69	0,24						575
	3	-317	396	609	1168	-0,11						1.955
	4	387	-448	539	-337	7.873						7.975
Genético Materno	0	6,9	-0,64	-0,53								13,3
	1	-5,1	9,2	0,99								2,8
	2	-0,2	0,4	0,02								0,0
Ambiente Permanente Materno	0	109	-0,96	-0,15								176
	1	-84,3	70,8	0,42								5,6
	2	-2,4	5,4	2,3								0,01

Até os seis anos de idade, aproximadamente, as estimativas de variâncias de ambiente permanente direto seguiram a mesma tendência para todos os modelos. A partir dessa idade é possível observar que o modelo BSQ5.5.3.3 apresentou variâncias de ambiente permanente direto de menor magnitude em relação ao modelo empregando polinômio de Legendre. A utilização de funções “b-spline” quadráticas com três segmentos permitiu melhor controle do aumento da variância de ambiente permanente direto em relação ao modelo Leg4352_4 que empregou polinômio de Legendre a partir dos seis anos. Os polinômios de Legendre são mais susceptíveis ao menor número de observações e à maior dispersão dos dados observada nos extremos (MEYER, 2005b), como ocorreu neste estudo.

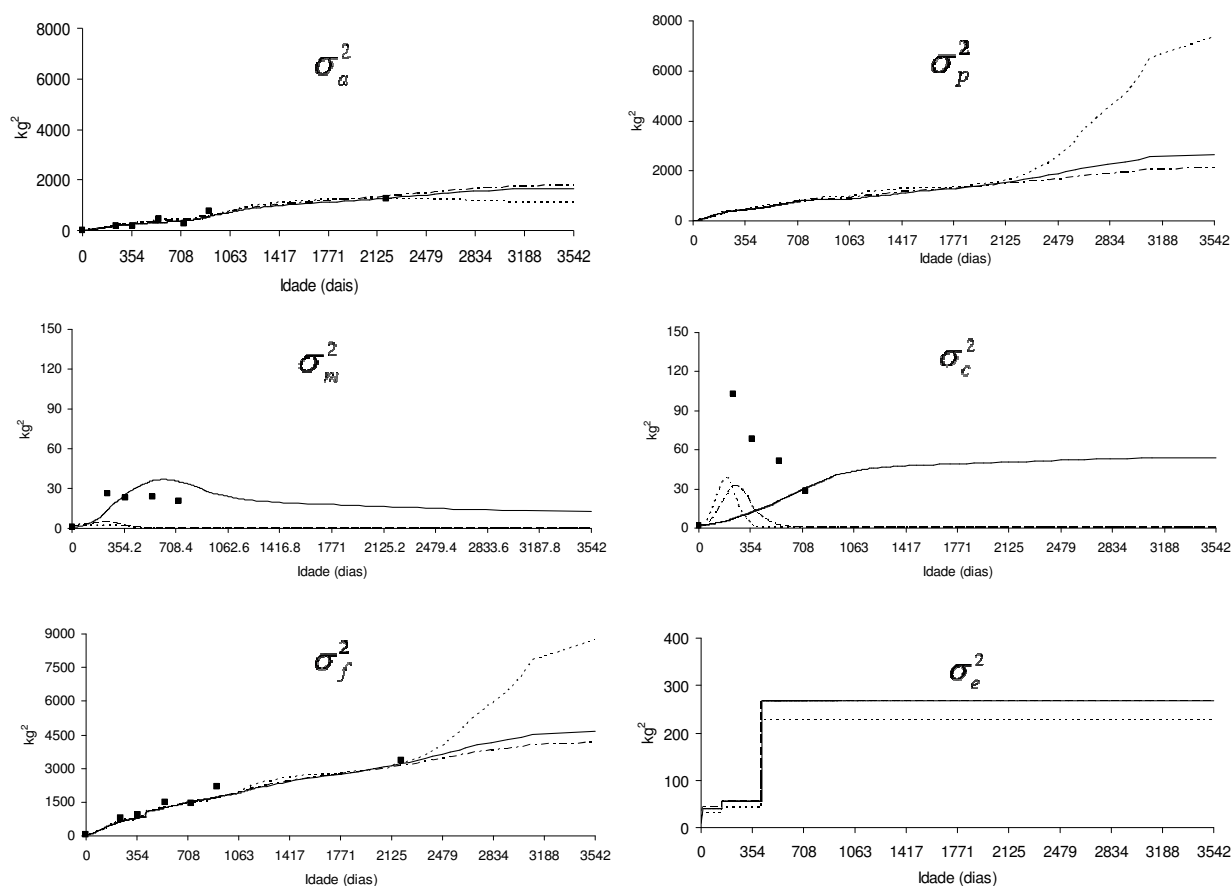


Figura 1- Estimativas de componentes de variância aditiva genética direta (σ_a^2), genética materna (σ_m^2), ambiente permanente direto (σ_p^2), ambiente permanente materno (σ_c^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_f^2), para o modelo Leg4352_4 (linha contínua), BSQ5.5.3.3 (ponto e linha) e BSC10.10.4.4 (linha de pontos) e por análise multicaracterística (■).

Existiu incremento na variância de ambiente permanente direto a partir dos seis anos de idade no modelo BSC10.10.4.4. Possivelmente, a posição dos nós e/ou o maior grau das funções utilizadas no modelo BSC10.10.4.4 (modelo superparametrizado) alterou a partição das variâncias provocando superestimação da variância de ambiente permanente direto em relação ao modelo BSQ5.5.3.3 em idades tardias, a partir dos seis anos de idade. Neste sentido, MEYER (2005b), empregando modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” cúbicas, relatou aumento na

magnitude e comportamento errático nas estimativas de variância de ambiente permanente direto e fenotípica. Resultados semelhantes foram encontrados neste estudo, pois aqueles modelos que empregaram funções “b-spline” cúbica tenderam a apresentar aumentos importantes na magnitude da variância do ambiente direto em idades tardias. Segundo MEYER (2005b), as funções “b-spline”, em algumas situações, não permitem solucionar os comportamentos erráticos das variâncias nos extremos da curva provocados pela inadequada estrutura e distribuição dos dados.

As estimativas de variância genética aditiva materna obtidas com modelos de BSQ5.5.3.3 e BSC10.10.4.4 seguiram tendência semelhante. A partir do nascimento, as estimativas de variância genética aditiva materna obtidas com modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” foram de magnitude inferior às obtidas empregando polinômio de Legendre ou análise multicaracterísticas (Figura 1). As estimativas de variância de ambiente permanente materno obtidas empregando funções “b-spline” seguiram a mesma tendência daquelas obtidas na análise multicaracterística, porém foram superiores às obtidas quando se utilizou polinômio de Legendre.

As estimativas de variância fenotípica obtidas a partir de modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” foram semelhantes e seguiram a mesma tendência das obtidas na análise multicaracterística até os seis anos de idade, aproximadamente. A partir desta idade, o modelo BSC10.10.4.4 apresentou variâncias fenotípicas superiores como consequência, possivelmente, da superestimação nos valores da variância de ambiente permanente direto. Já o modelo BSQ5.5.3.3 apresentou variâncias fenotípicas levemente inferiores daquelas obtidas a partir do modelo Leg4.3.5.2_4, como consequência da menor magnitude da variância de ambiente permanente direto.

As estimativas de herdabilidade para o efeito genético aditivo direto obtidas com modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline”, polinômios de Legendre e análise multicaracterística, em geral, mostraram a mesma tendência até os seis anos de idade (Figura 2). Entretanto, as herdabilidades para o efeito genético aditivo direto obtidas pelo modelo BSC10.10.4.4 diminuíram drasticamente a partir dos seis anos de idade. Já as herdabilidades estimadas pelo modelo BSQ5.5.3.3 permaneceram

relativamente constantes a partir dos seis anos de idade, apresentando comportamento assintótico (Figura 2).

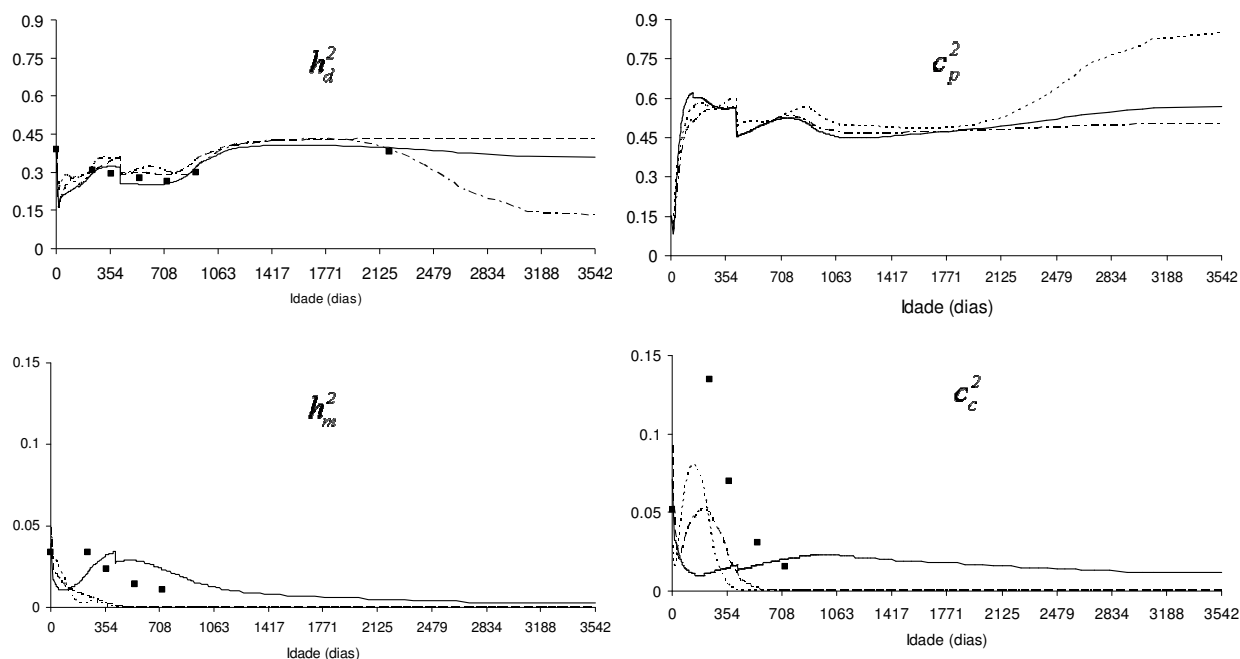


Figura 2- Estimativas de herdabilidade direta (h_d^2), herdabilidade materna (h_m^2), estimativa da variância de ambiente permanente de animal (c_p^2) e materna (c_c^2) como proporção da variância fenotípica total, obtidas por modelos de regressão aleatória para o modelo Leg4.3.5.2_4 (linha contínua), BSQ5.5.3.3 (ponto e linha) e BSC10.10.4.4 (linha de pontos) e por análise multicaracterística (■).

As estimativas da variância de ambiente permanente direto como proporção da variância fenotípica, estimadas com modelos de regressão aleatória utilizando funções “b-spline” e polinômios de Legendre, em geral, mostraram a mesma tendência até os seis anos de idade (Figura 2). Os modelos Leg4352_4 e BSC10.10.4.4 apresentaram incremento nas estimativas da variância de ambiente permanente direto como proporção da variância fenotípica a partir dos seis anos. Já as estimativas do modelo BSQ5.5.3.3 permaneceram praticamente constantes após os seis anos de idade. De acordo com MEYER (2005b), para modelar a trajetória do crescimento em gado de

corte, as funções “b-spline” são menos susceptíveis a problemas de estimação dos componentes de variância no extremo superior da curva, sobretudo para o efeito de ambiente permanente do animal, em relação ao uso de polinômios ortogonais.

Ao nascimento, as herdabilidades maternas obtidas por meio de modelos de regressão aleatória empregando funções “b-spline” ou polinômios de Legendre foram semelhantes àquela obtida pela análise multicaracterística. Após o nascimento, as herdabilidades maternas obtidas por meio de modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” diminuíram gradualmente até zero próximo ao ano de idade, e ficaram com valores inferiores às estimativas obtidas na análise multicaracterística e por modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre.

As estimativas da variância de ambiente permanente materna como proporção da variância fenotípica obtidas com modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” seguiram a mesma tendência, porém com valores inferiores às obtidas na análise multicaracterística. Já as estimativas obtidas utilizando modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre foram inferiores e próximas a zero. MEYER (2005b), utilizando modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline”, obteve estimativas da variância de ambiente permanente materna como proporção da variância fenotípica maiores e valores de herdabilidade materna menores em relação às obtidas utilizando modelos de dimensão finita.

As estimativas de correlação genética direta e materna entre os pesos do nascimento à idade adulta para o modelo BSQ5.5.3.3 estão apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3 – Estimativas das correlações genéticas aditiva direta (acima da diagonal) e materna (abaixo da diagonal) entre as características de crescimento, obtidas em análise utilizando o modelo BSQ5.5.3.3

Característica ¹	PN	PD	P12	P18	P24	P30	PAD
PN		0,53	0,47	0,42	0,45	0,56	0,65
PD	0,60		0,93	0,84	0,88	0,88	0,72
P12	0,56	0,99		0,97	0,94	0,89	0,75
P18	0,59	0,99	0,99		0,95	0,89	0,74
P24	0,66	0,99	0,99	0,99		0,96	0,77
P30	0,66	0,99	0,99	0,99	0,99		0,88
PAD	0,66	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	

¹Peso ao nascimento (PN), à desmama (PD), aos 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24) e 30 meses de idade (P30) e à idade adulta (PAD)

As correlações genéticas diretas obtidas por modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” e polinômios de Legendre foram semelhantes com exceção da correlação do peso ao nascimento e do peso à desmama com o peso adulto, em que as estimativas obtidas sobre funções “b-spline” foram superiores para a correlação entre peso ao nascimento e o peso adulto e menores entre peso ao desmama e o peso adulto, em relação àquelas obtidas empregando polinômios de Legendre. MEYER (2005b) relatou pequenas oscilações nos valores das correlações genética direta e de ambiente permanente direto em aquelas idades em que tinham sido inseridos os nós. As estimativas de correlação genética materna obtidas por modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” e polinômios de Legendre apresentaram os mesmos valores para idades após o nascimento. Entretanto, os valores das correlações genéticas maternas para o peso ao nascimento com os pesos nas demais idades foram maiores empregando funções “b-spline” em relação àquelas obtidas sobre polinômios de Legendre. De acordo com IWASAKI et al. (2005), os modelos de regressão aleatória sobre funções “spline” permitem obter estimativas de parâmetros genéticos com trajetórias mais moderadas, em razão do melhor ajuste fundamentalmente naquelas idades com menor número de observações.

As estimativas de correlação de ambiente permanente direto e materno entre os pesos do nascimento à idade adulta para o modelo BSQ5.5.3.3 estão apresentadas na Tabela 4. As estimativas de correlação de ambiente permanente direto obtidas por

modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” e polinômios de Legendre foram semelhantes entre pesos após o nascimento. Já as magnitudes das correlações do peso ao nascimento com pesos nas demais idades obtidas sobre de funções “b-spline” foram maiores em relação àquelas obtidas empregando polinômios de Legendre.

Tabela 4 - Estimativas das correlações de ambiente permanente direto (acima da diagonal) e de ambiente permanente materno (abaixo da diagonal) entre as características de crescimento, obtidas em análise utilizando o modelo modelo BSQ5.5.3.3

Característica ¹	PN	PD	P12	P18	P24	P30	PAD
PN		0,58	0,46	0,38	0,47	0,45	0,14
PD	-0,41		0,92	0,73	0,68	0,59	0,23
P12	-0,31	0,99		0,93	0,84	0,76	0,43
P18	0,24	0,78	0,85		0,95	0,89	0,56
P24	0,59	0,50	0,59	0,93		0,96	0,53
P30	0,59	0,50	0,59	0,93	0,99		0,73
PAD	0,59	0,50	0,59	0,93	0,99	0,99	

¹Peso ao nascimento (PN), à desmama (PD), aos 12 (P12), 18 (P18), 24 (P24) e 30 meses de idade (P30) e à idade adulta (PAD)

As correlações de ambiente permanente materno obtidas com modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” e polinômios de Legendre foram da mesma magnitude entre pesos após os dois anos de idade. Para pesos anteriores aos dois anos de idade as correlações obtidas sobre funções “b-spline” foram de magnitude menor e até negativas em relação àquelas obtidas sobre polinômios de Legendre.

As três principais autofunções para o efeito genético aditivo direto para o modelo de regressão aleatória Leg4352_4 são apresentadas na Figura 3.

Os três autovalores principais da matriz de coeficientes para o efeito genético aditivo foram responsáveis por 98,5% da variação genética aditiva direta total, sendo o primeiro e segundo autovalores responsáveis por 95,5% dessa variação. A primeira e a segunda autofunções foram positivas em toda a trajetória, indicando que a seleção com base neles afetará na mesma direção os pesos para todas as idades. A terceira

autofunção foi negativa do nascimento até os 300 dias de idade e, após os três anos e meio de idade.

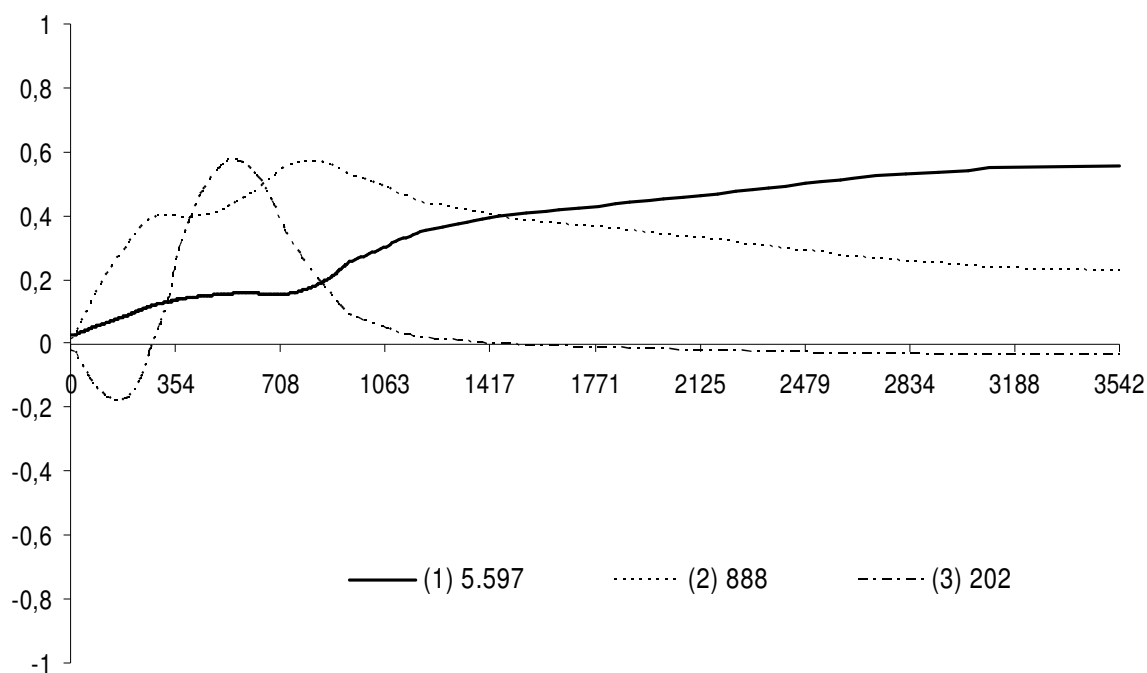


Figura 3 - Autofunções (1, 2 e 3) estimadas para o efeito genético aditivo direto e seus respectivos autovalores (5.597; 888 e 202), para o modelo BSPQ5.5.3.3.

MEYER (2005c), utilizando pesos de fêmeas da raça Angus a partir do ano de idade encontrou maior flutuação na trajetória das duas primeiras autofunções quando o número de segmentos ou nós aumentou, em razão da maior redundância dos modelos. Resultados semelhantes foram encontrados neste estudo quando se comparam as três primeiras autofunções obtidas a partir dos modelos BSPQ5.5.3.3 e BSC10.10.4.4.

Segundo MEYER (2005b), as autofunções para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto obtidas por modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” foram mais consistentes ou regulares em relação àquelas obtidas sobre polinômios ordinários, em razão do melhor ajuste das funções “b-spline”.

Contrariamente, no presente trabalho, as três primeiras autofunções obtidas para o efeito genético direto por meio de modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” apresentaram comportamento mais errático em relação às aquelas obtidas quando se utilizou polinômio de Legendre como função base. Possivelmente, diferenças nos modelos de regressão aleatória empregados (ordem, número e posição dos nós) estejam explicando estas diferenças.

Conclusões

Os modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” com maior número de segmentos tendeu a superestimar as variâncias fenotípicas e de ambiente permanente direto no final da curva de crescimento e subestimar as variâncias aditivas.

O modelo que considerou funções “b-spline” quadráticas com três segmentos para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, e um segmento para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno, foi suficiente para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais. Além disso, em idades tardias, propiciou melhor descrição da trajetória das variâncias em relação aos polinômios ordinários, entretanto, foi necessário utilizar maior número de parâmetros e conseqüentemente maior número de iterações e tempo para atingir a convergência das análises.

Os resultados dos modelos de regressão aleatória sobre funções “b-spline” indicam que existe pouca possibilidade para modificar a curva de crescimento em bovinos da raça Canchim, visando selecionar animais de rápido crescimento a idades jovens e baixo peso adulto nas fêmeas.

Referências bibliográficas

- ALBUQUERQUE L.G., MEYER K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001(a).
- ALBUQUERQUE, L.G. and MEYER, K. 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, 2001(b).
- ARANGO J. A., CUNDIFF L. V., VAN VLECK L. D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.
- BARBOSA, P. F. Critérios de seleção para a raça Canchim. In: CONVENÇÃO NACIONAL DA RAÇA CANCHIM, 3., 1997, São Carlos. **Anais....** São Carlos: Embrapa-CPPSE/São Paulo, ABCCAN, 1997. p.47-75.
- BOLIGON, A.A. **Estimativas de (co)variância genética de pesos do nascimento até a maturidade em rebanhos da raça Nelore usando modelos de regressão aleatória e de características múltiplas**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2008. 91p Dissertação (Mestrado)-Universidade Estadual Paulista, 2008.
- CYRILLO, J.N.S.G. **Estimativas de funções de covariância para crescimento de machos Nelore utilizando modelos de regressão aleatória**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2003. 72p Tese (Doutorado)-Universidade Estadual Paulista, 2003.
- 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 Tabapua utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006.
- IWAISAKI, H., TSURUTA S., MISZTAL I., BERTRAND J. K. Genetic parameters estimated with multitrait and linear spline-random regression models using Gelbvieh early growth data. **Journal Animal Science**, v.83, p.757-763, 2005.
- MARX, B.D.; EILERS, P.H.C. Direct generalized additive modelling with penalized likelihood. *Computational Statistic & Data Analysis*, v.28, p.193-209, 1998.
- MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; SILVA, L.O.C.; BARBOSA, R.T.; BARBOSA, P.F. Estimativas de (Co)Variâncias e Tendências Genéticas para Pesos em um Rebanho Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1707-1714, 2002.

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

MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.

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

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

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

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

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

MEYER, K. "WOMBAT" – Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: World Congress on genetic applied to Livestock Production, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006, CD-ROM.

MISZTAL, I. (2001). REMLF90 Manual. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html/>. Acessado 06/04/2007.

NEPHAWE K.A.. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. **South African Journal of Animal Science**, v.34, n.3, p.166-173, 2004.

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

SAKAGUTI, E.S. **Funções de covariâncias e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã**. 2000. 81f. Tese (Doutorando em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

SCHAEFFER, L.R., JAMROZIK, J. Random regression models: a longitudinal perspective. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.125, n., p.145-146, 2008.

TORRES JÚNIOR, R.A.A. **Markov chain Monte Carlo methods for estimating the covariance structure of longitudinal data – an application to dairy cattle data.** Ph.D. thesis, Cornell University, 2001.

WHITE I.M.S., THOMPSON R., BROTHERSTONE S., Genetic and environmental smoothing of lactation curves with cubic spline. **Journal Dairy Science**, v. 82, p.632–638, 1999.

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

CAPITULO 5 – CONSIDERAÇÕES FINAIS

Nos programas de melhoramento genético animal, o objetivo principal consiste em alterar a média das características de importância econômica. Parte do êxito de um programa de melhoramento genético animal depende da disponibilidade de estimativas de parâmetros genéticos para as características de interesse. Para a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos precisas é importante definir corretamente os efeitos fixos e aleatórios a serem considerados no modelo da análise.

Em gado de corte, diferentes modelos, em relação aos efeitos fixos e aleatórios considerados, têm sido propostos para a estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento. Normalmente, os efeitos maternos nem sempre são considerados para a estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento após a desmama. Neste sentido, é essencial verificar a necessidade de incluir ou não os efeitos maternos no modelo de análise para a estimação de parâmetros genéticos para pesos após o desmame.

A seleção de animais com base nas características de crescimento para bovinos de corte normalmente é praticada até um ano e meio de idade, aproximadamente. Este fato determina que aqueles pesos tomados após o processo seletivo, geralmente peso adulto, sejam tomados a partir de uma amostra ou grupo selecionado de animais. Desta forma, quando parâmetros genéticos são estimados para esses pesos é observado desvio ou viés nas estimativas de variâncias genéticas obtidas. Uma forma de corrigir esse viés é considerar na análise a informação prévia à seleção, peso ao desmame, através de análises bi e multicaracterística.

Neste estudo, os modelos de regressão aleatória permitem descrever de forma contínua a trajetória das variâncias genéticas e não genéticas para crescimento, do nascimento até a idade adulta, assim como obter estimativas de parâmetros genéticos para qualquer idade do animal. Quando polinômios de Legendre foram utilizados, se observou certo grau de analogia do modelo escolhido em relação aos relatados na literatura, os quais estimaram funções de covariância para características de crescimento, do nascimento até a idade adulta, em bovinos de corte. Entretanto, ainda

são escassos na literatura os estudos que utilizam funções “b-spline” para estimar funções de covariância e descrever a trajetória do crescimento, ressaltando a relevância dos resultados obtidos neste estudo.

As estimativas de parâmetros genéticos para pesos a idades padrão obtidas pela análise multicaracterística e por modelos de regressão aleatória foram semelhantes, sendo que nos modelos de regressão aleatória foi necessário estimar menor número de parâmetros para os modelos selecionados, de acordo com os critérios utilizados. Além disso, os modelos de regressão aleatória propiciaram correlações genéticas diretas para pesos padrão entre idades extremas mais estáveis em relação às correlações obtidas a partir da análise multicaracterística, em razão da estrutura que os modelos de regressão impõem sobre a matriz de covariâncias e uma utilização eficiente dos dados.

As funções “b-spline” modelaram de melhor forma a trajetória da variância de ambiente permanente direto, especialmente para idades avançadas, em que o número de observações diminui e a frequência de registro de peso é maior. Contudo, para idades em que normalmente são estimados parâmetros genéticos para características de crescimento, como pesos anteriores de seis anos de idade, não houve diferenças importantes nas estimativas obtidas a partir de modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre ou funções “b-spline”. Além disso, foi necessário utilizar maior número de parâmetros e conseqüentemente maior número de iterações e tempo para atingir a convergência nas análises empregando funções “b-spline”. Provavelmente, as características da base de dados utilizada neste estudo, em relação à estrutura e distribuição das observações, estejam explicando a similaridade entre as estimativas obtidas a partir de polinômios de Legendre e funções “b-spline”.

Existe pouca possibilidade de modificar a curva de crescimento em bovinos da raça Canchim, visando selecionar animais de moderado peso adulto nas fêmeas, mas de rápido crescimento a idades jovens. Entretanto, existe possibilidade através dos efeitos de ambiente permanente direto (manejo, nutrição, etc.) de promover alterações permanentes na trajetória de crescimento de bovinos da raça Canchim. A seleção de animais de maior peso a idade jovem acarretará um incremento no peso adulto das fêmeas e, portanto, na exigência nutricional do rebanho. Este fato é de importância

fundamental nos sistemas de produção do Brasil, visto que o rebanho é mantido em regime exclusivo de pastagens.