

RODRIGO REIS MOTA

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA
SIMENTAL UTILIZANDO MODELOS MULTICARACTERÍSTICOS E DE
REGRESSÃO ALEATÓRIA**

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa,
como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Zootecnia, para obtenção do título
de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2012

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

M917a
2012

Mota, Rodrigo Reis, 1985-

Avaliação genética do crescimento de bovinos da raça
Simental utilizando modelos multicaracterísticos e de
regressão aleatória / Rodrigo Reis Mota. – Viçosa, MG,
2012.

xii, 112f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Paulo Sávio Lopes.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Bovino - Melhoramento genético - Métodos estatísticos.
2. Bovino - Crescimento. 3. Bovino - Registro de
desempenho 4. Métodos de regressão aleatória.
5. Estimativa de parâmetros. 6. Simental (Bovino).
I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22. ed. 636.20821

RODRIGO REIS MOTA

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA
SIMENTAL UTILIZANDO MODELOS MULTICARACTERÍSTICOS E DE
REGRESSÃO ALEATÓRIA**

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa,
como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Zootecnia, para obtenção do título
de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 15 de fevereiro de 2012.

Robledo de Almeida Torres
(Coorientador)

Luiz Fernando Aarão Marques
(Coorientador)

Fábio Luiz Buranelo Toral

Marcos Deon Vilela de Resende

Paulo Sávio Lopes
(Orientador)

Aos meus pais, José Carlos e Célia,
à minha irmã Débora,
e à Marcella,
dedico este trabalho.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade da realização deste curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudo.

À Associação Brasileira dos Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS), pela disponibilização dos dados para a realização deste trabalho.

Ao meu orientador, professor Paulo Sávio Lopes, pela orientação, ensinamentos, amizade, confiança e paciência.

Ao professor Luiz Fernando Aarão Marques, pela orientação, amizade, confiança e todo o esforço para a disponibilização dos dados e tempo para me auxiliar.

Ao professor Robledo de Almeida Torres, pelos ensinamentos, orientação, amizade, confiança e grande apoio durante essa jornada.

Ao professor Dr. Fábio Luiz Buranelo Toral, pelos conselhos na realização deste estudo.

Ao professor Dr. Marcos Deon Vilela de Resende, pelas sugestões na realização deste trabalho.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides, pela amizade e apoio para a realização deste trabalho.

À professora Simone Eliza Facioni Guimarães, pela disponibilização do *Workstation* para as análises estatísticas.

Ao professor Fabyano Fonseca e Silva, pelas considerações e conselhos.

Ao professor da UNESP Jaboticabal Henrique Nunes de Oliveira, pelo auxílio com as análises estatísticas e todo o suporte.

Ao pesquisador da Embrapa Gado de Corte, Dr. Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes, pela grande ajuda para que este trabalho fosse possível.

Ao doutorando em Genética e Melhoramento da UFV, Felipe Gomes da Silva, pela disponibilização do programa Renped para renumeração do pedigree durante este trabalho.

Aos doutorandos, André Marubayashi Hidalgo, Carla Daniela Sugimoto Leite, Jeferson Correa Ribeiro, Luciano Pinheiro da Silva, Mariele Freitas Sousa, Matilde da Conceição Pessoa e Rodrigo de Oliveira Pacheco pelo suporte, ensinamentos, disponibilidade, confiança e sincera amizade, meu muito obrigado.

Aos Doutorandos da UNESP Jaboticabal, Diogo Anastácio Garcia e Francisco Ribeiro de Araújo Neto, meu obrigado pelo suporte e ensinamentos durante a realização deste trabalho.

Aos estudantes da pós-graduação da UFV, em ordem alfabética: Ali Canaza Cayo, Aline Camporez Crispim, Ana Lúcia Puerro de Melo, Bruno Bastos Teixeira, Carolina Filardi de Campos, Cristina Moreira Bonafé, Edson Costa, Henrique Ventura, Joashlenny Alves de Oliveira, Laís Costa Brito, Lucas Lima Verardo, Luiz Fernando Brito, Marcos Lagrotta e Renata Veroneze, pela amizade e troca de conhecimentos.

Ao pessoal do Labtec, por toda ajuda, meu muito obrigado.

Ao estagiário Giovani Costa Caetano, pela amizade e todo apoio.

Ao estudante de pós-graduação em Engenharia de Alimentos, Robledo de Almeida Torres Filho, pela troca de conhecimentos e amizade.

Ao funcionário da granja de melhoramento de suínos, José Geraldo Costa, pela força e amizade durante todo o tempo.

Aos funcionários do Departamento de Zootecnia da UFV, pelos seus trabalhos dedicados à Universidade Federal de Viçosa.

Aos professores da UFES - Universidade Federal do Espírito Santo, meu sincero agradecimento por transferir conhecimentos, experiências, objetividades, dedicações para a minha formação profissional como Zootecnista.

Aos meus pais, José Carlos Souza Mota e Célia Maria Reis Mota, pela educação, amor, carinho, ensinamentos e por todo esforço para que eu pudesse chegar até aqui.

À minha irmã Débora Reis Mota, pelo incentivo ao longo da vida.

À Marcella Ramos Sant'Ana, pelo carinho, companheirismo, incentivo, paciência e compreensão em todos os momentos da minha vida.

A toda minha família, pela torcida e apoio.

À República Vira-Latas de Alegre-ES, onde deixei grandes amigos, meu muito obrigado pela sincera amizade.

À República Calango de Viçosa-MG, onde fiz novas amizades, obrigado pelo apoio e paciência.

A Deus, por tornar tudo isso, possível.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

RODRIGO REIS MOTA, filho de José Carlos Souza Mota e Célia Maria Reis Mota, nasceu em 23 de maio de 1985, em Ponte Nova, Minas Gerais.

No dia 13 de outubro do ano de 2004, ingressou no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo (CCAUFES), em Alegre, Espírito Santo, onde iniciou o Curso de Zootecnia, concluído no dia 21 de agosto de 2009.

Durante a graduação foi bolsista como monitor na disciplina de Estatística Básica, por três anos; monitor voluntário da disciplina de Zoologia Aplicada às Ciências Agrárias, durante o ano de 2005; auxiliou na execução das aulas da disciplina Melhoria Animal Básico sob a responsabilidade do Professor Luiz Fernando Aarão Marques, no primeiro semestre do ano de 2008; e foi voluntário em um projeto de iniciação científica, orientado pelo Professor Luiz Fernando Aarão Marques, no período de julho de 2008 a junho de 2009.

Ainda durante o período de graduação fez dois estágios. O primeiro nos meses de fevereiro e março de 2008, na Universidade Federal de Viçosa, onde pôde acompanhar os programas de melhoramento genético de suínos e de codornas de corte, respectivamente, sob a supervisão dos professores Paulo Sávio Lopes e Robledo de Almeida Torres. O segundo estágio aconteceu no período de março a maio de 2009 no Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Leite (CNPGL) - EMBRAPA GADO DE LEITE - onde teve a oportunidade de acompanhar, tanto na sede, localizada no município de Juiz de Fora - MG quanto na área experimental, localizada em Coronel Pacheco - MG, os programas de melhoramento das raças Holandês e Girolando, com a supervisão do doutor Ary Ferreira de Freitas.

Em março de 2010, ingressou no Programa de Pós Graduação em Zootecnia, pela Universidade Federal de Viçosa (UFV), Minas Gerais, para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Zootecnia, submetendo-se à defesa de dissertação em 15 de fevereiro de 2012.

Sumário

RESUMO	IX
ABSTRACT	XII
INTRODUÇÃO GERAL	01
REVISÃO DE LITERATURA	06
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	21
CAPÍTULO 1	29
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DA RAÇA SIMENTAL UTILIZANDO MODELOS MULTICARACTERÍSTICOS E DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	29
RESUMO	29
ABSTRACT	30
INTRODUÇÃO	31
MATERIAL E MÉTODOS	33
RESULTADOS E DISCUSSÃO	43
CONCLUSÕES	57
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	58
CAPÍTULO 2	62
EFEITO DA INCLUSÃO DE ANIMAIS ORIUNDOS DA TÉCNICA DE TRANSFERÊNCIA DE EMBRIÕES, NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA SIMENTAL, UTILIZANDO MODELOS MULTICARACTERÍSTICOS	62
RESUMO	62
ABSTRACT	64
INTRODUÇÃO	65
MATERIAL E MÉTODOS	68
RESULTADOS E DISCUSSÃO	73
CONCLUSÕES	80
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	81

CAPÍTULO 3	83
EFEITO DA INCLUSÃO DE ANIMAIS ORIUNDOS DA TÉCNICA DE TRANSFERÊNCIA DE EMBRIÕES, NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA SIMENTAL, UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	83
RESUMO	83
ABSTRACT	85
INTRODUÇÃO	87
MATERIAL E MÉTODOS	89
RESULTADOS E DISCUSSÃO	96
CONCLUSÕES	109
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	110

RESUMO

MOTA, Rodrigo Reis, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2012. **Avaliação genética do crescimento de bovinos da raça Simental utilizando modelos multicaudacterísticos e de regressão aleatória.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Coorientadores: Luiz Fernando Aarão Marques e Robledo de Almeida Torres.

Foram utilizados 29.510 registros de pesos, referentes a 10.659 animais da raça Simental, provenientes da Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS), com o objetivo de estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, para pesos, ao longo da curva de crescimento, usando Modelos Multicaudacterísticos (MMC) e Modelos de Regressão Aleatória (MRA). Nas análises MMC, o teste da razão de verossimilhança (LRT) foi utilizado para determinar a significância dos efeitos aleatórios incluídos no modelo e definir o modelo mais adequado. Todos os efeitos aleatórios avaliados foram significativos e considerados no modelo final de análise. Nas análises MRA, diferentes ordens de ajustes para os polinômios foram comparados por cinco diferentes critérios, a fim de se escolher o modelo mais adequado. Um modelo de ordem três, para os efeitos, genético aditivo direto, ambiente permanente direto, genético aditivo materno e ambiente permanente materno, foi suficiente para modelar a estrutura das variâncias do peso, ao longo da curva de crescimento dos animais. Os componentes de (co)variância foram, de maneira geral, semelhantes em MMC e MRA. As herdabilidades diretas de MMC foram ligeiramente inferiores às de MRA e variaram, respectivamente, de 0,04 a 0,42 e 0,16 a 0,45. As correlações genéticas aditivas diretas foram, em sua maioria, positivas e de alta magnitude, sendo maiores, em idades mais próximas. Diante dos resultados encontrados e pelo fato de ser possível a implementação dos MRA e estes não requererem o pré-ajustamento dos pesos às idades padrão, os MRA podem ser recomendados na avaliação genética de bovinos, da raça Simental, no Brasil. Em um segundo estudo, registros de pesos foram utilizados na avaliação genética do crescimento, mediante inclusão ou não, de animais oriundos da técnica de transferência de embriões (TE). Um modelo multicaudacterístico, com exclusão de indivíduos de TE (MMC1), continha 29.510 registros de 10.659 animais e outro, sem exclusão (MMC2), continha 62.895 registros de 23.160

animais. Os registros foram ajustados para as idades aos 100, 205, 365, 450, 550 e 730 dias. Com exceção da variância de ambiente permanente materno, os componentes de (co)variância foram equivalentes nos dois modelos. As herdabilidades diretas (h^2_d) em MMC1 foram 0,04, 0,11, 0,20, 0,27, 0,31 e 0,42, e em MMC2 0,11, 0,11, 0,17, 0,21, 0,22 e 0,26, respectivamente, para as idades aos 100, 205, 365, 450, 550 e 730 dias. As estimativas de h^2_d para MMC1 foram superiores às encontradas em MMC2, a partir do peso aos 365 dias. As correlações genéticas aditivas diretas, em ambos os modelos, foram de moderadas a altas, indicando que as características devem ser determinadas, em grande parte, pelos mesmos genes. Os animais oriundos da técnica de transferência de embriões podem ser incluídos na avaliação genética de bovinos da raça Simental, no Brasil, resultando em potencial ganho em acurácia nas avaliações e maiores ganhos genéticos em razão da diminuição do intervalo de gerações. Em um terceiro estudo, utilizou-se modelos de regressão aleatória, nos mesmos registros de pesos do segundo estudo, para avaliação genética do crescimento, mediante inclusão ou não de animais de TE. De modo geral, os componentes de (co)variância foram similares nos dois modelos, com exceção dos componentes de ambiente permanente materno e residual. No MRA1, houve oscilação no início da trajetória observada para o componente de ambiente permanente materno. O componente residual, em MRA1, foi de magnitude maior em relação a MRA2, podendo indicar um potencial ganho em acurácia em MRA2. As herdabilidades diretas em MRA1 e MRA2 apresentaram comportamentos similares, com oscilações ao longo da curva e foram levemente superiores em MRA1, variando em torno de 0,1 a 0,5, e em MRA2 variando de 0,1 a 0,4. As estimativas de correlações, de modo geral, foram de mesma magnitude e com menores valores, à medida que as idades se distanciaram. Tais resultados sugerem que a inclusão de animais oriundos da técnica de transferência de embriões, no processo de avaliação genética, pode ser feita utilizando-se modelos de regressão aleatória, visto que a inclusão destes animais proporcionaria maiores ganhos genéticos por unidade de tempo, em razão da redução do intervalo de gerações, obtido pelo uso dessa técnica reprodutiva.

ABSTRACT

MOTA, Rodrigo Reis, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2012. **Genetic evaluation of growth using multi-trait and random regression models in Simmental beef cattle.** Adviser: Paulo Sávio Lopes. Co-advisers: Luiz Fernando Aarão Marques and Robledo de Almeida Torres.

Weight records from 10,659 Simmental beef cattle provided by the Associação Brasileira dos Criadores das Raças Simental e Simbrasil (Brazilian Association of Farmers of the Simmental and Simbrasil Breeds) (ABCRSS) were used to estimate the (co)variance components and genetic parameters for weights in the growth trajectory using multi-trait models (MTM) and random regression models (RRM). In the MTM analysis, the likelihood ratio test (LRT) was used to determine the significance of random effects included in the model and define the most appropriate model. All random effects evaluated were significant and included in the final model of analysis. In the RRM analysis, different adjustments of polynomials orders were compared for five different criteria to choose the best fit model. A model of third order for additive direct genetic, direct permanent environment, additive maternal genetic and maternal permanent environment effects was sufficient to model weight variances structure in the growth trajectory of the animals. The (co)variance components were in general similar in RRM and MTM. Direct heritabilities in MTM were slightly lower than RRM and they varied from 0.04 to 0.42 and 0.16 to 0.45, respectively. Additive direct correlations were mostly positive and high magnitude, being highest at closest ages. Considering the results and the facts that RRM can be implemented and the pre-adjustment of the weights to standard ages is not required, RRM can be recommended in genetic evaluation of Simmental beef cattle in Brazil. In a second study, weight records were used in genetic evaluation of growth by inclusion or exclusion of animals from the technique of embryo transfer (ET). One multi-trait model with exclusion of ET individuals (MTM1) contained 29,510 records of 10,659 animals and another one without exclusion (MTM2) contained 62,895 records of 23,160 animals. Records were adjusted for ages at 100, 205, 365, 450, 550 and 730 days old. Except the maternal permanent environment variance, (co)variance components were similar in both models. Direct heritabilities (h^2_d) in MTM1 were 0.04, 0.11, 0.20, 0.27, 0.31 and 0.42, and in MTM2 were 0.11, 0.11, 0.17, 0.21,

0, 22 and 0.26, respectively, for ages at 100, 205, 365, 450, 550 and 730 days. The estimates of h^2_d for MTM1 were higher than MTM2 from the weight at 365 days. Additive direct genetic correlations in both models were moderate to high, indicating that the characteristics should be determined mostly by the same genes. The animals from the technique of embryo transfer can be included in genetic evaluation of Simmental beef cattle in Brazil, resulting in potential accuracy in genetic evaluations and genetic gains due the reduction of the generation interval. In a third study, random regression models (RRM1 and RRM2) were used on the same weights records from the second study to genetic evaluation of growth by inclusion or exclusion of ET animals. In general, the (co)variance components were similar in both models, except the maternal permanent environment and residual components. In RRM1, oscillation was observed at the beginning of the trajectory in maternal permanent environment component. The residual component in RRM1 was higher than RRM2, indicating potential higher accuracy in RRM2. The direct heritability in RRM1 and RRM2 presented similar behavior with oscillations in the curve and were slightly higher in RRM1, ranging around 0.1 to 0.5, and in RRM2 ranged between 0.1 and 0.4. The estimates of correlations were generally the same and smaller as the ages have distanced themselves. These results suggest that the inclusion of animals from the technique of embryo transfer in the process of genetic evaluation can be done using random regression models inasmuch the inclusion of these animals would provide greater genetic gains per unit time due the reduction of the generation interval by the use of this reproductive technique.

Keywords: body weight, (co)variance components, embryo transfer, genetic parameters, growth trajectory.

INTRODUÇÃO GERAL

O sucesso na produção animal depende do grau de eficiência econômico-produtiva que se atinge (Menezes et al., 2008). Porém, obstáculos cada vez mais contundentes como a concorrência entre as cadeias produtivas, a questão ambiental e a disputa por terras com outras atividades agropecuárias têm exigido um grau cada vez mais elevado dessa eficiência.

No Brasil, destaca-se a bovinocultura de corte, em razão de o país ser um grande produtor e exportador de carne bovina, fazendo frente, nos dias atuais, à Austrália e aos Estados Unidos, que antes dominavam esse mercado.

Todavia, é importante salientar que a eficiência na bovinocultura de corte, como em qualquer outra atividade na produção animal, não significa, propriamente, máxima produtividade. Assim, a busca, por meio do melhoramento genético, de animais mais eficientes e não, exclusivamente, os mais produtivos, seguramente é uma tática a ser adotada (Menezes et al., 2008).

O valor genético predito de um animal é uma medida utilizada no processo de seleção dos reprodutores e corresponde à predição do valor médio dos genes que afetam uma determinada característica e que podem ser transmitidos à geração seguinte. Na seleção de reprodutores, em bovinos de corte, faz-se necessário a predição de valores genéticos com maior acurácia. Assim, produtores comerciais podem adquirir touros que possuem valores genéticos desejáveis para a obtenção de vantagens, em todas as características, especialmente as de caráter reprodutivo. Dessa forma, os criadores podem selecionar animais geneticamente superiores e se beneficiarem com esta informação (Nobre, 2001).

Na bovinocultura de corte brasileira, a seleção de reprodutores tem sido responsável por significantes mudanças (Alencar, 2004), sendo que a discussão atual entre os geneticistas de bovinos de corte, tem sido sobre qual a melhor forma de se melhorar a acurácia das avaliações genéticas existentes (Spiedel et al., 2010).

O melhoramento genético de uma raça envolve, dentre outras atividades, o processo de coleta e registro de medidas fenotípicas dos animais, relacionado com a eficiência econômica do sistema de produção. Tais medidas

auxiliam, diretamente, nas decisões em um programa de melhoramento. Porém, o uso de métodos elaborados no processamento dessas medidas, a fim de se obter informações de melhor qualidade e maior correção nas decisões adotadas, tem se tornado cada vez mais usual (Torres Júnior & Silva, 2008).

Segundo Sakaguti (2000), a obtenção dos dados necessários aos programas de melhoramento genético é um processo dispendioso, que demanda tempo, recursos humanos e financeiros na criação dos animais, coleta e armazenamento de dados em arquivos. As associações brasileiras de raças de bovinos de corte possuem, geralmente, um sistema de coleta de informações conhecido como "Controle de Desenvolvimento Ponderal" (CDP), através do qual os animais são pesados, no decorrer da vida (ABCZ, 2011). No entanto, nem todas as informações do CDP são utilizadas nas avaliações genéticas dos animais.

Nas avaliações genéticas em bovinos de corte, os componentes de (co)variância constituem uma ferramenta importante na determinação de parâmetros genéticos e na predição do mérito genético dos indivíduos e têm sido estimados por diferentes metodologias, como o método de estimação por quadrados mínimos (LS), método da máxima verossimilhança (ML), método da máxima verossimilhança restrita ou "residual" (REML), métodos Bayesianos, dentre outras que evoluem à medida que novas teorias e técnicas computacionais são desenvolvidas.

A Máxima Verossimilhança Restrita ou "residual" (REML) utiliza todas as informações disponíveis, possui convergência estável e leva em consideração a seleção. Devido a estas características, o REML é um método padrão para estimar componentes de (co)variância para o uso na avaliação genética animal. Métodos Bayesianos têm sido empregados para resolver, satisfatoriamente, muitos problemas relacionados à estimação de parâmetros em populações de animais (Nobre, 2001).

A melhor predição linear não viesada (BLUP) é uma metodologia padrão para avaliações genéticas e, em bovinos de corte, utiliza modelos que incluem, geralmente, os efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno, ambiente permanente direto e residual.

Em meio às alternativas de recursos genéticos disponíveis no Brasil, está a raça Simental, que se faz presente em todos os continentes, sendo o

germoplasma bovino de maior distribuição a nível mundial (ABCRSS, 2011). As avaliações genéticas, nessa e nas demais raças de bovinos de corte, normalmente têm sido conduzidas considerando-se pesos às idades padrão, como ao nascimento, ao desmame, a um ano de idade e final ou, ainda, os ganhos em peso entre essas idades (Marques et al., 1999; Marques et al., 2001; Nobre et al., 2003), ou seja, a maioria das avaliações para bovinos de corte têm se preocupado com a seleção de características múltiplas (Nobre, 2001).

No entanto, os modelos de características múltiplas fornecem estimativas em pontos específicos. Em contraste, os modelos de regressão aleatória (MRA) para dados longitudinais, inicialmente desenvolvidos por Henderson Jr. (1982) e Laird e Ware (1982), descrevem todos os pontos, ao invés de pontos específicos. O desenvolvimento de algoritmos mais eficientes e a adição da capacidade de processamento de hardware fazem com que as análises genéticas de dados longitudinais, por meio de MRA, sejam possíveis.

Meyer (2000), ao estudar pesos de bovinos de corte, por intermédio de modelos de regressão aleatória, concluiu que esses foram apropriados para o crescimento. Com isso, os MRA vêm sendo considerados ideais para análise de dados longitudinais, no melhoramento genético animal e têm sido utilizados para modelar várias características, em algumas espécies.

Ao contrário das metodologias tradicionais, o modelo de regressão aleatória considera, simultaneamente, que os registros produtivos do mesmo indivíduo correspondem à mesma característica (Biassus, 2009).

O uso dos MRA demanda o emprego de funções para a descrição dos efeitos fixos e aleatórios, atuantes nas características em estudo (Cobuci et al., 2006). Tais funções podem ser ortogonais, paramétricas ou de covariâncias (Cobuci et al., 2004). Contudo, polinômios ortogonais de Legendre têm sido as funções mais usadas na maioria dos estudos, pois além de serem normalizados e ortogonais, são também indicados para analisar padrões de variações genéticas, em trajetórias de crescimento (Kirkpatrick et al., 1990).

Segundo Sarmiento (2007), modelos animais em análises multicaracterísticas têm sido utilizados nas avaliações genéticas de bovinos de corte no Brasil. Porém, um ponto importante neste tipo de análise é que o número de parâmetros a serem estimados cresce, acentuadamente, com

aumento do número de características, o que torna o modelo excessivamente parametrizado, podendo inviabilizar a análise, em face de limitações computacionais e dificuldades de interpretação. Com isso, o MRA surge como alternativa às análises multicaracterísticas, sendo encontrados, na literatura, vários trabalhos com bovinos de corte como Meyer (2000), Albuquerque & Meyer (2001a), Nobre et al. (2003), Sakaguti et al. (2003), Meyer (2005a), Iwaisaki et al. (2005), Robbins et al. (2005), Santoro et al. (2005), Dias et al. (2006), Albuquerque & El Faro (2008), Sánchez et al. (2008), Pelicioni et al. (2009).

Este estudo foi proposto para avaliar o crescimento de bovinos da raça Simental por meio de modelos de regressão aleatória, tendo em vista que a implementação dos MRA nas avaliações genéticas, em bovinos de corte, pode de fato descrever a trajetória do crescimento; estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos; prever valores genéticos de maneira mais acurada, além da possibilidade de se encontrar o ponto de maior herdabilidade, que culmina em maior ganho genético por geração e considerando a escassez de informações para o crescimento na raça Simental, no Brasil.

Objetivos:

O objetivo geral, no presente trabalho, foi estudar a variação genética do crescimento de bovinos da raça Simental, utilizando modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória.

Os objetivos específicos foram:

- avaliar diferentes modelos, em relação aos efeitos aleatórios considerados;
- estimar ordens de efeitos aleatórios de funções de (co)variância, na descrição da trajetória de crescimento, utilizando modelos de regressão aleatória ajustados por polinômios de Legendre;
- estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para pesos aos 100, 205, 365, 450, 540 e 730 dias de idade, usando modelos multicaracterísticos;

- estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para pesos ao longo da curva de crescimento, usando modelos de regressão aleatória;

- comparar as estimativas de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, obtidas nos dois modelos, a fim de verificar a viabilidade do uso de modelos de regressão aleatória para descrever a trajetória de crescimento de bovinos da raça Simental;

- avaliar o efeito da inclusão de animais oriundos da técnica de transferência de embriões na avaliação genética, utilizando modelos multicaracterísticos;

- avaliar o efeito da inclusão de animais oriundos da técnica de transferência de embriões na avaliação genética, utilizando modelos de regressão aleatória.

REVISÃO DE LITERATURA

A raça Simental e a produção de carne bovina no Brasil

A raça Simental é originária da região do vale do rio Simen, localizado na Suíça, de onde é derivado seu nome. No Brasil, essa raça foi introduzida em 1904, com a chegada dos primeiros animais importados pela Secretaria de Estado da Agricultura de São Paulo; entretanto, somente a partir de 1970, a importação de animais, sêmen e embriões foi intensificada, promovendo a formação das famílias e linhagens hoje existentes em todo o território brasileiro, segundo a Associação Brasileira dos Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS, 2011).

Segundo a ABCRSS (2011), a raça Simental é de dupla aptidão: produção de carne e de leite. Destaca-se pela precocidade produtiva e reprodutiva, precocidade de crescimento, alta fertilidade, além de possuir uma carne macia e marmorizada. Como animal de corte, o Simental apresenta crescimento rápido e corpo com boa musculatura, sem tendência a acumular excesso de gordura subcutânea, ao passo que a gordura intramuscular é bem desenvolvida, dando boa consistência e coloração às fibras musculares. As carcaças, nas diversas categorias de animais de abate, podem apresentar rendimentos de 60 a 65 %.

A raça Simental contribui de maneira significativa na bovinocultura de corte brasileira, principalmente em cruzamentos com animais zebuínos, proporcionando mestiços pesados, com excepcional adaptabilidade, vigor e habilidade materna, sendo assim, juntamente com as demais raças criadas no país, responsáveis pelo progresso da bovinocultura de corte.

Atualmente, o país ocupa, progressivamente, posição de destaque na produção e exportação de carne bovina. Com um rebanho bovino estimado em 190 milhões de cabeças, o país ocupa a segunda posição entre os países produtores de carne bovina, com uma produção de 9,77 milhões de toneladas de equivalente-carcaça em 2011, atrás apenas dos Estados Unidos. Com um abate de 21,65 milhões cabeças, o país é o maior exportador, chegando a um volume de 1,65 milhões de toneladas de equivalente-carcaça, segundo a Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne (ABIEC, 2011).

Além disso, o Brasil possui o maior rebanho bovino comercial do mundo, o maior potencial de aumento e diversificação de produção e exportação, bem como é o único país com capacidade de aumentar, ou até de dobrar a produção e exportação de carnes, sem afetar seu próprio mercado interno. Essa capacidade é baseada no crescimento do rebanho, na melhoria dos índices de produtividade, das áreas e diversificação de pastagens, disponibilidade de grãos e insumos, e no avanço de técnicas produtivas e diversificação genética, tanto de raças zebuínas quanto taurinas.

Modelos para análise de dados longitudinais

As medidas que se fazem necessárias em um programa de melhoramento e que, de acordo com Sakaguti (2000), são mensuradas várias vezes durante a vida de um animal e demandam, principalmente, tempo e recursos financeiros, são as chamadas “medidas repetidas” ou dados longitudinais.

Segundo Sarmiento (2007), características mensuradas várias vezes, ao longo da vida do animal, são consideradas como longitudinais. Esses dados consistem em observações de um conjunto de indivíduos, classificadas em diversos fatores como raça, sexo e estação, no decorrer de inúmeras ocasiões de medidas como tempo e distância, dentre outras.

Kirkpatrick & Heckman (1989) citam, como exemplo de característica longitudinal, a trajetória de crescimento de um animal que pode ser considerada como uma função que relaciona a idade do animal, com duas ou mais mensurações de seu tamanho, em vários estágios de sua vida. Assim, o tamanho do animal, em cada idade, pode ser considerado como uma característica diferente, existindo dessa forma, um número infinito de idades e de características (Menezes, 2010).

Na realidade, características como crescimento, ingestão de alimentos, ganho de peso, produção de leite e ovos têm caráter contínuo, segundo Kirkpatrick & Heckman (1989), que biologicamente, poderia ser explicado por diferentes genes que se expressam em diferentes idades do animal, causando

alterações de desempenho e alterações fisiológicas no mesmo (Schaeffer, 2009).

Essas características devem ter avaliação estatística especial, em razão das (co)variâncias entre medidas repetidas terem um padrão estruturado e, para que seja feito qualquer tipo de inferência sobre esses dados, é importante que a matriz de (co)variâncias seja modelada (Schaeffer, 2001).

A utilização de dados longitudinais, no melhoramento animal, apresenta vantagens em relação a dados pontuais, como o aumento do ganho genético por unidade de tempo, permitindo a avaliação de animais que tenham poucas medidas (Sarmiento, 2007). Pode-se citar, ainda, como vantagens: permitir melhor utilização das informações disponíveis, uma vez que todas as medidas do indivíduo são utilizadas; permitir a quantificação de fatores específicos de cada dia em que o indivíduo foi mensurado, com conseqüente aumento no controle dos efeitos de ambiente (Ptak & Schaeffer, 1993); dispensar o uso de fatores de ajuste e/ou projeção de lactações parciais, para produção na lactação, pois pressupõem a mesma curva para todos os animais, tendo como consequência, a eliminação de parte da variação genética entre os animais (El Faro e Albuquerque, 2003); aumentar a precisão das estimativas dos componentes de (co)variância e na predição dos valores genéticos (Swalve, 1995).

Gianola (2001) expõe que a análise de dados longitudinais que, em geral, descrevem curvas de crescimento, lactação e produção, inicialmente, envolve a utilização de funções matemáticas e fornecem interpretação biológica dos parâmetros para a descrição da trajetória esperada do animal. Em seguida, um submodelo é utilizado para descrever as variações dos parâmetros especificados inicialmente entre os indivíduos. Comumente são incluídos, também, os efeitos genéticos e ambientais.

Os estudos com dados longitudinais permitem incorporar uma estrutura de dependência entre as mensurações/observações repetidas em uma mesma unidade amostral, não se restringindo a dados balanceados ou regulares no tempo, além de permitir que, na análise, seja feita a inclusão de covariáveis (Rossi, 2008).

A análise de dados longitudinais pode ser feita por diversos modelos. O primeiro e mais simples destes, o modelo de repetibilidade, analisa os dados

longitudinais assumindo que todas as medidas, ao longo do tempo, representam a mesma característica, ou seja, todas as mensurações realizadas no indivíduo são consideradas pertencentes à mesma característica. No entanto, esse modelo pressupõe que a correlação entre as medidas repetidas seja igual à unidade. Por conseguinte, todas as (co)variâncias genéticas e fenotípicas entre as diferentes medidas do animal são de mesma magnitude, ou seja, assume-se que o desempenho do animal é controlado pelos mesmos genes, ao longo de sua vida (Sarmiento, 2007).

Porém, de acordo com Silva et al. (2008), isso pode representar um equívoco, uma vez que, na análise de uma determinada característica, é possível que um animal X seja geneticamente superior a um animal Y, em determinada idade, mas não em outra, pois, na mesma característica, cada idade do animal pode ser influenciada por diferentes genes, ou diferentes genes podem estar atuando em diferentes idades.

Ainda segundo Silva et al. (2008), considerar o mesmo efeito de ambiente permanente para todas as idades não é apropriado, uma vez que este efeito aleatório, em particular, possivelmente se acumula ao longo do tempo e assim, a correlação genética entre essas medidas seria menor do que a unidade.

O segundo modelo, que pode ser utilizado, para analisar características que são mensuradas várias vezes ao longo do tempo é a descrição da trajetória utilizando regressão sobre o tempo, por meio de modelos não-lineares, em que as informações de medições sucessivas, durante uma trajetória são explicadas por poucos parâmetros biologicamente interpretáveis (Sarmiento, 2007).

O estudo da curva de crescimento ou lactação do indivíduo, utilizando-se regressão não-linear, é feito em duas etapas: na primeira, estimam-se os parâmetros da curva média para uma população e determinam-se parâmetros para cada animal; na segunda, os efeitos de ambiente e os componentes de (co)variância são estimados para os parâmetros do modelo ajustado; posteriormente, faz-se a seleção dos mesmos, baseado nos parâmetros estimados (Braccini Neto, 1993). Na aplicação desse método, o parentesco é desconsiderado entre os animais e os que possuem um ou poucos registros são descartados da análise (Sarmiento, 2007). Além disso, ao se ajustar uma

curva, todas as medidas do indivíduo são utilizadas, porém, dados dessa natureza têm os erros correlacionados e isto não tem sido considerado neste método. Segundo Albuquerque (2004), é um método que raramente tem sido empregado, na prática, por programas de melhoramento genético.

Modelos uni ou multicaracterísticos também podem ser utilizados para análises de medidas repetidas. Nesses modelos, mais de uma característica é considerada no critério de seleção (Silva et al., 2008), ou seja, assume-se que cada mensuração feita nas várias idades do indivíduo é uma característica diferente (Sarmiento, 2007). Neste modelo, consideram-se associações entre as características e utilizam-se correlações genéticas e fenotípicas na avaliação da característica (Silva et al., 2008). No modelo multicaracterístico, as covariâncias entre os pesos, nas diferentes idades, variam e as correlações podem ser diferentes da unidade; no entanto, nenhuma pressuposição é feita sobre a estrutura de covariâncias (Sarmiento, 2007).

Os chamados "Modelos de Regressão Aleatória" (MRA) (Henderson Jr., 1982; Laird e Ware, 1982) surgiram como mais uma alternativa para analisar dados longitudinais. Estes modelos, que são utilizados nas avaliações genéticas de animais, empregam funções contínuas para descrever tanto os efeitos fixos como os aleatórios. Os valores genéticos são preditos por funções contínuas dos desvios de cada animal (tomados como aleatórios) em relação a uma curva média (tomada como fixa).

Nos modelos gerais de regressão, as (co)variáveis independentes são constantes e os coeficientes de regressão são fixos, isto é, os mesmos coeficientes de regressão estão associados a todos os indivíduos da população. Entretanto, existem modelos onde os coeficientes de regressão associados às covariáveis são diferentes para cada indivíduo, por possuírem distribuição aleatória (Henderson, 1984).

Os componentes de (co)variância estimados por meio dos MRA, são variâncias e covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória, para cada um dos fatores aleatórios contidos no modelo, independentemente do método de estimação. As estimações desses componentes e de parâmetros genéticos são feitas em função da idade, possibilitando que se obtenham estimativas ao longo de uma trajetória, ao invés de estimativas pontuais, como em modelos multicaracterísticos.

Schaeffer e Dekkers (1994) sugeriram a utilização dos MRA, tendo em vista que equações de regressão poderiam ser empregadas na descrição dos efeitos aleatórios, para a avaliação genética de características de distribuição contínua - como produção de leite ou de ovos - cujos valores fenotípicos são determinados ao longo do tempo. Os modelos de regressão aleatória também são indicados pelo fato de descreverem, em sua quase totalidade, a variação da característica com um menor número de parâmetros, em comparação aos modelos multicaracterísticos (Huisman et al., 2002; Araújo et al., 2006). Além disso, a diferença entre os MRA e os demais modelos animais é que, nas matrizes de incidência dos efeitos aleatórios, estas conteriam covariáveis e não apenas zero e um (Sakaguti, 2000).

Ao se ajustar um modelo de regressão aleatória, admite-se, implicitamente, uma determinada estrutura de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatória, que é imposta pelo MRA escolhido (Gengler et al., 2005) e caracteriza-se esse ajuste como uma função de covariância estimada diretamente das observações coletadas (Jamrozik et al., 1998; Jakobsen et al., 2002; Samoré et al., 2002). Desta forma, além de considerar as correlações na análise, assume-se uma determinada estrutura para as correlações (Sarmiento, 2007).

Além disso, os MRA usufruem de todas as vantagens atribuídas ao uso de dados longitudinais. Pode-se citar, como aspectos positivos do MRA: não exige número mínimo de medidas por animal; considera o parentesco existente entre os animais; as análises abrangem todo o intervalo contínuo em que as medidas foram tomadas, não permitindo extrapolação; permitem prever o valor genético do animal para as características em qualquer ponto desse intervalo; possibilitam obter estimativas de (co)variâncias para as características (idades), nas quais não há observações por meio de interpolação (Menezes, 2010).

Ainda segundo Menezes (2010), como ponto negativo do MRA, cita-se a maior necessidade computacional em decorrência do maior número de efeitos aleatórios, por animal, nas equações de modelos mistos e aumento no número de observações na análise. Todavia, na escolha de uma metodologia de avaliação genética, a exigência computacional já não é um problema, devido ao grande avanço da tecnologia, na área da informática.

Vários modelos de regressão aleatória podem ser utilizados para descrever dados longitudinais, os quais diferem entre si por meio das funções empregadas para ajustar a trajetória ao longo do tempo. Dentre as funções que podem ser empregadas, destacam-se as não-paramétricas, como polinômios ordinários e os polinômios ortogonais de Legendre, e as funções paramétricas, como a de Wilmink e a de Ali & Schaeffer.

Os modelos de regressão aleatória têm sido aplicados na modelagem de grande variedade de características longitudinais, em diversas espécies como codornas, suínos, bovinos de leite e de corte (Sarmiento, 2007). De acordo com Albuquerque (2004), os modelos de regressão aleatória estão sendo empregados para avaliações genéticas nacionais de bovinos leiteiros, em vários países como Holanda, Alemanha, Áustria, Canadá, dentre outros. No Brasil, esses modelos têm sido aplicados em trabalhos de pesquisa, com maior ênfase, aos dados de bovinos leiteiros (El Faro & Albuquerque, 2003; Cobuci et al., 2004, Cobuci et al., 2011, dentre outros), de bovinos de corte (Nobre et al., 2003; Baldi Rey, 2008; Nobre et al., 2009; Menezes, 2010), ovinos de corte (Sarmiento, 2003; Sarmiento et al., 2010), caprinos (Sousa et al., 2008; Oliveira, 2011; Silva, 2011) e aves (Venturini, 2009; Silva, 2010; Bonafé et al., 2011; Teixeira, 2011).

Herdabilidade materna e efeito materno

A herdabilidade é definida como a precisão, por meio da qual o valor fenotípico representa o valor genético de um animal, ou ainda, como a fração da variância fenotípica total, causada pela variação dos valores genéticos aditivos. No estudo de características quantitativas, a principal função da herdabilidade é seu caráter preditivo, ou seja, ela expressa o grau de confiança do valor fenotípico, como indicador do valor genético.

Na bovinocultura de corte, os efeitos oriundos das mães são importantes para o crescimento (Baldi Rey, 2008), pelo fato de elas proporcionarem um ambiente à suas proles, para seu desenvolvimento. Além disso, essas mães variam em relação à sua produção de leite, capacidade de defesa ou busca por alimentos. Os efeitos, denominados efeitos maternos, podem ser de origem

genética ou ambiental, sendo a soma destes, uma manifestação fenotípica definida como habilidade materna (Silva et al., 2008), que afetam, principalmente, o período do nascimento até o de desmame; entretanto, o efeito permanece durante toda a vida do animal (Meyer, 1992).

Meyer (2003), ao trabalhar com fêmeas da raça Angus, utilizando modelos de regressão aleatória, obteve estimativas de herdabilidade materna, crescentes do nascimento aos 200 dias de idade aproximadamente, e também, obteve estimativas, diminuindo o seu valor, gradativamente a zero, próximo aos 600 dias de idade. Dias et al. (2006), em um estudo com bovinos da raça Tabapuã, obtiveram estimativas que aumentaram do nascimento (0,08) a uma idade próxima ao desmame (0,14) e diminuíram nas demais idades, chegando a 0,06 aos 570 dias. Esses resultados confirmam a importância do efeito materno do período do nascimento até à desmama. Todavia, Pimenta Filho et al. (2001) encontraram valores de herdabilidade materna relativamente altos para os pesos aos 365 (0,28) e 550 (0,30) dias de idade, em bovinos da raça Guzará, sugerindo que, para o estudo em questão, o crescimento é consideravelmente dependente do efeito materno. Os autores concluíram, ainda, que o efeito materno deve ser considerado nos modelos para avaliação genética e deve fazer parte dos objetivos da seleção, em todas as fases do desenvolvimento.

Assim, tanto o genótipo do animal quanto o genótipo de sua mãe afetam o desempenho do indivíduo, fazendo com que esses efeitos sejam considerados na estimação de parâmetros genéticos do crescimento (Baldi Rey, 2008) e nos modelos que descrevem essas características. Segundo Meyer (1992), os modelos que não considerarem os efeitos maternos podem levar a estimações viesadas da herdabilidade direta.

Polinômios ortogonais de Legendre

As funções de covariância precisam do uso de polinômios para seu ajuste. Os polinômios mais usuais e de maior facilidade de aplicação são os polinômios ortogonais de Legendre.

Os polinômios ortogonais de Legendre estão sendo preferidos como covariáveis para estudos de variação genética, em trajetórias contínuas (Kirkpatrick et al., 1990), em razão de os coeficientes estimados possuírem, de maneira geral, menores correlações e pelo fato de as matrizes dos polinômios ortogonais possuírem colunas, que são mutuamente ortogonais - o que evita o problema de matrizes singulares, comum nos polinômios ordinários (Baldi Rey, 2008) – além de refletir, em vantagens computacionais e não requererem pressuposição sobre a forma da curva.

Segundo Schaeffer (2010), para o cálculo dos polinômios de Legendre é necessário definir primeiramente:

$$P_0(x) = 1,$$

então, em geral, o polinômio $n+1$ é descrito pela fórmula de recorrência:

$$P_{n+1}(x) = \frac{1}{n+1} ((2n+1)xP_n(x) - nP_{n-1}(x)). \text{ Assim,}$$

$$P_1(x) = x,$$

$$P_2(x) = \frac{1}{2} (3xP_1(x) - 1P_0(x)) = \left(\frac{3}{2}x^2 - \frac{1}{2}\right), \text{ e assim sucessivamente.}$$

Na forma “normalizada” tem-se:

$$\phi_n(x) = \left(\frac{2n+1}{2}\right)^{0,5} P_n(x)$$

então, tem-se a série de polinômios ortogonais:

$$\phi_0(x) = \left(\frac{1}{2}\right)^{0,5} P_0(x) = 0,7071$$

$$\phi_1(x) = \left(\frac{3}{2}\right)^{0,5} P_1(x) = 1,22467x$$

$$\phi_2(x) = \left(\frac{5}{2}\right)^{0,5} \left(\frac{3}{2}x^2 - \frac{1}{2}\right) = -0,7906 + 2,3717x^2$$

e assim por diante. No caso de uma ordem de ajuste seis (6) para a função de covariância e grau cinco para o polinômio de Legendre, temos a matriz Λ (apresentada na forma transposta) que contém os coeficientes dos polinômios ortogonais:

$$\Lambda' = \begin{bmatrix} 0,7071 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1,2247 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -0,7906 & 0 & 2,3717 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -2,8062 & 0 & 4,6771 & 0 & 0 \\ 0,7955 & 0 & 7,9550 & 0 & 9,2808 & 0 \\ 0 & 4,3973 & 0 & -20,5206 & 0 & 18,4685 \end{bmatrix}$$

A matriz Λ apresenta dimensão $k \times k$, em que k refere-se à ordem da função de covariância utilizada. Depois uma matriz M (de dimensão $t \times k$, em que t é o número de idades) que contém os valores de idade padronizados é definida. Os polinômios de Legendre são definidos para um máximo de 1 e mínimo de -1 e, conseqüentemente o ponto médio igual a zero.

Após definirmos M , podemos então, encontrar a matriz Φ (de dimensão $t \times k$) pela multiplicação de M por Λ ($\Phi = M \Lambda$). Por serem definidas por polinômios de Legendre e valores de idades padronizadas, essas matrizes não dependem dos valores contidos na matriz de variâncias e covariâncias genéticas (G), assim, sendo possível definir uma matriz de coeficientes estimados (H), de menor ordem que G . Essa redução pode ser constatada pela observação de seus autovalores e fazendo-se a estatística F , para verificação do ajuste (Kirkpatrick et al., 1990).

A partir da estimação de (H), polinômios de menor ordem podem ser escolhidos por diferentes critérios, como o teste da razão de verossimilhança (LRT), critério do máximo logaritmo da função de verossimilhança ($\ln L$), critério de informação de Akaike (AIC), critério Bayesiano de Schwarz (BIC), número de condição (NC), dentre outros, e posteriormente, utilizados para o ajuste dessas funções.

Tal artifício de se utilizar polinômios ortogonais, com idades padronizadas, foi proposto para a redução das correlações estimadas entre os coeficientes de regressão, evitando-se problemas de multicolinearidade severa, o que pode gerar impedimentos quando se utiliza métodos de estimação de

componentes de (co)variância como o REML ou Métodos Bayesianos, tornando a convergência mais lenta e de difícil processamento.

Vários trabalhos têm utilizado os polinômios ortogonais, 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, 2005c; Boligon, 2008; Baldi Rey, 2008).

Segundo Meyer (2000), os polinômios ortogonais são os mais apropriados para a modelagem de dados de crescimento, sobretudo, se necessária a utilização de polinômios de alto grau. Existem diversos tipos de polinômios ortogonais, porém, os mais freqüentemente utilizados são os polinômios de Legendre (Meyer, 2005b).

Apesar de a maioria dos trabalhos serem realizados utilizando-se os polinômios de Legendre, podem apresentar, como ponto negativo, limitações como alta ordem de ajuste que exigem uma grande demanda computacional, em termos de memória e processamento, para estimação de um grande número de parâmetros; e, algumas vezes, uma deficiência no ajuste e presença de artefatos no modelo (Meyer, 2007).

Critérios para escolha do melhor modelo de regressão aleatória

Na escolha do melhor modelo de regressão aleatória, contrasta-se o uso de diferentes equações para modelar a curva de crescimento dos animais, e diferentes classes de variâncias residuais são testadas. Entretanto, critérios são necessários para que o melhor modelo seja escolhido.

O acerto na escolha do modelo de regressão aleatória em uma avaliação genética, com o objetivo de estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos mais acurados, depende do polinômio ou da função utilizada no modelo para descrever as variações da característica estudada, em função do tempo. O modelo deve ser adequado para explicar o fenômeno, permitindo separar corretamente os efeitos, em fixos e aleatórios (genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente direto e ambiente

permanente materno).

Todavia, a comparação de modelos e a verificação de suas eficácias não é uma tarefa fácil e necessita seguir critérios, para que escolhas arbitrárias não sejam feitas. Os critérios atualmente mais usados são: teste da razão de verossimilhança (LRT), máximo logaritmo da função de verossimilhança (ln L), informação de Akaike (AIC) e informação Bayesiano de Schwarz (BIC).

Outro critério utilizado é o número de parâmetros, haja vista que modelos mais parcimoniosos são preferíveis, devido a menores erros nas estimativas dos parâmetros, menor tempo de análise, maior facilidade de convergência e menores erros de predições causados por ineficiência do conjunto software-hardware.

O teste da razão de verossimilhança (LRT) compara as diferenças entre as funções de máxima verossimilhança maximizadas de cada modelo e baseia-se na razão entre o logaritmo neperiano do máximo de duas funções de verossimilhança, exemplo: $\ln L_1$ e $\ln L_2$. Então, a estatística do teste será:

$$\text{LRT} = -2[\ln L_1 - \ln L_2] \sim \chi_g^2$$

em que g é o número de graus de liberdade.

O logaritmo do máximo da função de verossimilhança (ln L) pode ser utilizado como critério para escolha do melhor modelo. Tal critério, além de não penalizar os modelos com muitos parâmetros, acusando melhores resultados para os modelos mais parametrizados, também não faz teste de hipóteses. Logo, deve ser utilizado com senso crítico, e acompanhado de outros critérios.

Em 1971, Hirotugu Akaike criou o AIC, um critério de informação com o objetivo de auxiliar a seleção de modelos estatísticos. A teoria do AIC está descrita em Akaike (1973), em que o autor demonstra que a adição de $2p$, sendo que p representa o número de parâmetros no modelo - pode corrigir o estimador do máximo logaritmo de verossimilhança ($-2 \times \ln L$), também chamada de deviance (desvio) do modelo, que compara o logaritmo da verossimilhança do modelo em questão com o logaritmo da verossimilhança do modelo completo, o que é interessante, também do ponto de vista de se penalizar a parametrização excessiva dos modelos. O AIC não pode ser considerado um teste, pois não contém regras de valores críticos. Sua utilidade está em comparar modelos, sendo calculado um valor de AIC para cada

modelo avaliado, dentre esses, os que apresentarem menores valores serão melhores. Sua fórmula é:

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

em que:

$-2\ln L$ é a deviance do modelo;

L é o ponto de máximo da função de verossimilhança;

p corresponde ao número de parâmetros no modelo.

Bozdogan (1987) propôs uma correção para o critério da informação de Akaike, o AICc. Essa correção penaliza mais a adição de parâmetros (p), levando em consideração, também, o número de observações na amostra (n). AICc sempre será maior que AIC, entretanto, a diferença entre estes critérios diminui quando n aumenta e p diminui. Como, em geral, o número de observações é grande, em avaliações genéticas, os resultados do AICc são muito próximos aos do AIC, fazendo com que tal critério não seja muito utilizado. Sua fórmula é:

$$AICc = -2\ln L + 2p + 2\frac{p(p+1)}{n-p-1}$$

em que:

L é o máximo da função de verossimilhança;

p corresponde ao número de parâmetros no modelo;

n representa o número de observações na amostra.

O BIC, critério de informação criado por Gideon E. Schwarz em 1978, é considerado semelhante ao AIC, entretanto, geralmente penaliza mais a adição de novos parâmetros. Sua teoria está demonstrada em Schwarz (1978). A seguir está exposta a fórmula para se calcular o BIC.

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

em que:

$-2\ln L$ é a deviance do modelo;

p é o número de parâmetros estimados;

N é o número de observações;

$r(X)$ é o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos do modelo;

$\ln L$ é o máximo logaritmo da função de verossimilhança.

Entretanto, estes critérios não são os únicos que podem ser utilizados

para a escolha do melhor modelo. As análises dos autovalores e autovetores da matriz de correlações podem ser impostas como critério, devido à ocorrência de correlação entre as variáveis independentes no modelo de regressão, ou seja, problemas de multicolinearidade na matriz de correlações. Neter e Wasserman (1971) definiram multicolinearidade como a existência de correlação muito alta ou perfeita entre as variáveis independentes. Esta pode ser verificada por autovalores nulos ou então muito pequenos.

Montgomery e Peck (1981) propõem a avaliação do número de condição (NC) da matriz de correlações quando há uma ou mais dependências lineares, total ou aproximada. O valor de NC mede a multicolinearidade do modelo e consiste na razão entre o maior e menor autovalor (Tabela 1), ou seja:

$$NC = \frac{\lambda_{\text{máximo}}}{\lambda_{\text{mínimo}}}$$

em que:

λ máximo é o maior autovalor;

λ mínimo é o menor autovalor.

Tabela 1 Multicolinearidade do modelo de acordo com o número de condição (NC) da matriz de correlações

Número de condição	Multicolinearidade
NC < 100	Fraca
100 < NC < 1000	Moderada a forte
NC > 1000	Severa

A opção por equações muito simples e pouco parametrizadas pode dificultar a modelagem e não permitir grande flexibilidade entre as covariâncias das diferentes medidas. Desta forma, tal função pode ser ineficiente para explicar parte das variações genéticas, que podem se agregar à variância residual, independente da regressão.

Por outro lado, polinômios muito complexos e parametrizados podem dificultar a convergência dos algoritmos computacionais, inviabilizando a obtenção de resultados ou, até mesmo, reduzir a precisão das análises, por

utilizar critérios menos rigorosos de convergência. Também pode ocorrer perda da capacidade de explicar os fenômenos, ficando as estimativas dos parâmetros muito presas aos dados específicos da análise, sendo, portanto, necessário cautela na escolha do modelo, para que decisões equivocadas não sejam tomadas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABCRSS – Associação Brasileira dos Criadores das Raças Simental e Simbrasil. Disponível em: <http://simentalsimbrasil.org.br/?p=raca-simental>. Acesso em 09/09/2011.
- ABCZ – Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. Disponível em: <http://www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/cdp.html>. Acesso em 20/10/2011.
- ABIEC – Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne. Disponível em: http://www.abiec.com.br/download/EXP_JAN-DEZ_08.pdf. Acesso em 30/12/2011.
- AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. **Proceedings of 2nd International Symposium on Information Theory**, Budapest, Hungary, p.267–281, 1973.
- 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 DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004.
- ALBUQUERQUE, L.G.; EL FARO, L. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, p.238-246, 2008.
- 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: Sociedade Brasileira de Zootecnia, p.358-367, 2004.
- 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.
- ARAÚJO, C.V.; TORRES, R.A.; COSTA, C.N. et al. Uso de funções ortogonais para descrever a produção de leite no dia de controle por meio de modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.967-974, 2006.

- BALDI REY, F.S. **Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim com modelos de dimensão finita e infinita.** Jaboticabal, UNESP, 2008. 110p. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.
- BIASSUS, I.O. **Modelos de regressão aleatória na estimação de parâmetros genéticos para produção e persistência nas características produtivas de vacas da raça holandesa.** Porto Alegre, UFRGS, 2009. 104p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2009.
- 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.
- BONAFÉ, C.M.; TORRES, R.A.; SARMENTO, J.L.R. et al. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.765-771, 2011.
- BOZDOGAN, H. Model selection and Akaike's information criterion (AIC): The general theory and its analytical extensions. **Psychometrica**, p.345-370, 1987.
- BRACCINI NETO, J. **Estudo genético de curvas de crescimento de aves de postura.** Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS, 1993.
- COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; TEIXEIRA, N. et al. Estimativas de herdabilidade para produção de leite no dia do controle de vacas da raça Holandesa utilizando regressão aleatória. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004.
- COBUCI, J.A.; EUCLYDES, R. F.; COSTA, C.N. et al. 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, p.546-554, 2004.
- COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; TEIXEIRA, N.M. et al. Utilização dos polinômios de Legendre e da função de Wilmink em avaliações genéticas para persistência na lactação de animais da raça Holandesa. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, p.614-623, 2006.
- COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; NETO, J.B. et al. Parâmetros genéticos para produção de leite usando modelos de regressão aleatória com diferentes

alternativas de modelagem da regressão fixa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.557-567, 2011.

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. et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.1915-1925, 2006.

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

GENGLER, N.; WIGGANS, G.R.; GILLON, A. Adjustment for heterogeneous covariance due to herd milk yield by transformation of test-day random regressions. **Journal of Dairy Science**, v.88, p.2981-2990, 2005.

GIANOLA, D. Bayesian analyses of Longitudinal Data with Quantitative Genetic Applications. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO DE BIOMETRIA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA (RBRAS), 46., E SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA (SEAGRO), 9., ESALQ/USP, 2001, Piracicaba, **Proceedings...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Estatística, 2001.

HARTLEY, H.O.; RAO, J.N.K. Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, v.54, p.93-108, 1967.

HENDERSON, C.R. Applications of linear models in animal breeding, 1984. 423p.

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

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, p.575-582, 2002.

IWAISAKI, H.; TSURUTA, S.; MISZTAL, I. et al. 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.

JAKOBSEN, J.H.; MADSEN, P.; JENSEN, J. et al. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holstein estimated in random

regression models using REML. **Journal of Dairy Science**, v.85, p.1607-1616, 2002.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R.; GRIGNOLA, F. Genetic parameters for production traits and somatic cell score of Canadian Holsteins with multiple trait and random regression models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale, 1998.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, p.429-450, 1989.

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

LAIRD, N.M.; WARE, J.H. Random effects models for longitudinal data. **Biometrics**, v.38, p.963-974, 1982.

MARQUES, L.F.A.; OLIVEIRA, H.N.; PEREIRA, J.C.C. et al. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de crescimento da raça Simental no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.51, p.363-370, 1999.

MARQUES, L.F.A.; OLIVEIRA, H.N.; PEREIRA, J.C.C. et al. Análises uni e bicarâter em características de crescimento da raça Simental. **Revista Brasileira de Ciência Veterinária**, v.8, p.69-72, 2001.

MENEZES, G.R.O.; MELO, A.L.P.; BRITO, L.F. et al. Comparação de modelos de regressão aleatória utilizados na avaliação da produção de leite em cabras da raça Saanen. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008. São Carlos - SP. **Anais...** São Carlos, 2008.

MENEZES, G.R.O. **Uso de polinômios segmentados na modelagem de dados longitudinais de ponderal em bovinos da raça tabapuã**. Viçosa, UFV, 2010. 99p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2010.

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 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 regression 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. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetic Selection Evolution**, v.37 p.473–500, 2005a.
- MEYER, K. Advances in methodology for random regression analyses. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v.45, p.847-858, 2005b.
- 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, 2005c.
- MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML, **Journal Zhejiang University SCIENCE B**, v.8, p.815–821, 2007.
- MONTGOMERY, D.C.; PECK E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley & Sons, 1981. 504 p.
- NEPHAWE K.A. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. **South African Journal of Animal Science**, v.34, p.166-173, 2004.
- NETER, J.; WASSERMAN, W. **Applied linear statistical models**. Homewood: Richard D. Irwin, 1974. 842 p.
- NOBRE, P.R.C. **Analyses of sequential weights of Nellore cattle using multiple trait and random regression models**. Viçosa, UFV, 2001. 151p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003.
- NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N.; SILVA L.O.C. Genetic evaluation for large data sets by random regression models in Nellore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.61, p.959-967, 2009.

- OLIVEIRA, J.A. **Avaliação do Crescimento e de Modelos de Regressão Aleatória em Caprinos da Raça Alpina**. Viçosa, UFV, 2011. 85p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, 2011.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.
- PELICIONI, L.C.; ALBUQUERQUE, L.G.; QUEIROZ, S.A. Estimação de componentes de co-variância para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzerá empregando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.50-60, 2009.
- PIMENTA FILHO, E.C.; MARTINS, G.A.; SARMENTO J.L.R. et al. Estimativas de herdabilidade de efeitos direto e materno de características de crescimento de bovinos Guzerá, no estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1220-1223, 2001.
- PTAK, E.; SCHAEFFER, L.R. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. **Livestock Production Science**, v.34, p.23-34, 1993.
- ROBBINS, K.R.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. A practical longitudinal model for evaluating growth in Gelbvieh cattle. **Journal of Animal Science**, v.83, p.29-33, 2005.
- ROSSI, R.M. **Aspectos genéticos de curvas de probabilidade de postura em codornas**. Maringá, UEM, 2008. 121p. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual de Maringá, 2008.
- SAKAGUTI, E.S. **Funções de covariâncias e modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã**. Viçosa, UFV, 2000. 83p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2000.
- SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L. et al. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.864-874, 2003.
- SAMORÉ, A.B.; BOETTCHER, P.; JAMROZIK, J. et al. Genetic parameters for production traits and somatic cell scores estimated with a multiple trait random regression model in Italian Holsteins. In: WORLD CONGRESS GENETIC APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier, France. **Proceedings...** Montpellier, CD-ROM, 2002.
- SÁNCHEZ, J.P.; MISZTAL, I.; AGUILAR, I. et al. Genetic evaluation of growth in a multibreed beef cattle population using random regression-linear spline models. **Journal of Animal Science**, v.86, p.267-277, 2008.

- SANTORO, K.R.; BARBOSA, S.B.P.; SANTOS, E.S. et al. Uso de funções de covariância na descrição do crescimento de bovinos Nelore criados no estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.2290-2297, 2005.
- SARMENTO, J.L.R. **Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos multicaracterísticas e de regressão aleatória**. Viçosa, UFV, 2003. 67p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, 2003.
- SARMENTO, J.L.R. **Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês**. Viçosa, UFV, 2007. 101p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2007.
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; LOBO, R.N.B. et al. Modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.1723-1732, 2010.
- SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Random regression in animal models for test day production in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5., 1994, Guelph. **Proceedings...** Guelph, 1994. p.443-446.
- SCHAEFFER, L.R.; CALUS M.; LIU, X. Comparison of alternative genetic evaluation methods for conformation traits. **Livestock Production Science**, 69:129-137, 2001.
- SCHAEFFER, L.R. **Random regression models**. <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABModels/NOTES/RRM14a.pdf>. Acesso em 25 de novembro de 2010.
- SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, v.6, p.461-464, 1978.
- SILVA, F.G. **Estudo da produção de leite de caprinos utilizando modelos de regressão aleatória**. Viçosa, UFV, 2011. 166p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, 2011.
- SILVA, L.P. **Avaliação genética do crescimento em esquemas alternativos de pesagens e estimação de parâmetros genéticos de características produtivas em codornas de corte**. Viçosa, UFV, 2010. 35p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, 2010.
- SILVA, M.A.; THIÉBAUT, J.T.L.; VALENTE, B.D. et al. **Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal**. FEPMVZ Editora. Escola de Veterinária da UFMG. 375p. 2008.

- SOUSA, J.E.R.; SILVA, M.A.; SARMENTO, J.L.R. et al. Homogeneidade e heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória sobre o crescimento de caprinos Anglo-Nubianos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.1725-1732, 2008.
- SPIEDEL, S.E.; ENNS, R.M.; CREWS Jr., D.H. Genetic analysis of longitudinal data in beef cattle: a review. **Genetics and Molecular Research**, v.9, p.19-33, 2010.
- SWALVE, H.H. The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yield traits. **Journal of Dairy Science**, v.78, p.929-938, 1995.
- TEIXEIRA, B.B., **Estudo genético da produção de ovos em codornas de corte por meio de análises multicaracterísticas e regressão aleatória**. Viçosa, UFV, 2011. 50p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, 2011.
- 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. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual Paulista, 2004.
- TORRES JÚNIOR, R.A.A.; SILVA, L.O.C. Avaliações genéticas como suporte para decisões de acasalamento. In: Curso de Melhoramento de Gado de Corte da Embrapa – Geneplus, 19., 2008. Campo Grande, MS. **Anais ...** Campo Grande, CD-ROM, 2008.
- VENTURINI, G.C. **Modelos de dimensão finita e infinita para avaliação da produção de ovos em aves de postura**. Jaboticabal, UNESP, 2009. 57p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual Paulista, 2009.

Capítulo 1

AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DA RAÇA SIMENTAL UTILIZANDO MODELOS MULTICARACTERÍSTICOS E DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Resumo: Foram utilizados 29.510 registros provenientes de 10.659 animais da raça Simental, cedidos pela Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS), com o objetivo de estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para pesos, ao longo da curva de crescimento dos animais, usando modelos multicaracterísticos (MMC) e de regressão aleatória (MRA). Os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). Nas análises multicaracterísticas, o teste da razão de verossimilhança (LRT) foi utilizado para determinar a significância dos efeitos aleatórios incluídos no modelo e definir o modelo mais adequado. Todos os efeitos aleatórios avaliados foram significativos e considerados no modelo final de análise. Nas análises com modelos de regressão aleatória, diferentes ordens de ajustes para os polinômios foram comparados por cinco diferentes critérios, a fim de se escolher o modelo mais adequado. Um MRA de ordem três para os efeitos genético aditivo direto, ambiente permanente direto, genético aditivo materno e ambiente permanente materno, foi suficiente para modelar a estrutura das variâncias do peso ao longo da curva de crescimento dos animais. Os componentes de (co)variância foram, de maneira geral, semelhantes em MMC e MRA. As herdabilidades diretas de MMC foram ligeiramente inferiores às de MRA e variaram, respectivamente, de 0,04 a 0,42 e 0,16 a 0,45. As correlações genéticas diretas foram, em sua maioria, positivas e de alta magnitude, sendo maiores em idades mais próximas. Diante dos resultados encontrados e pelo fato de ser possível a implementação dos MRA e estes não requererem o pré-ajustamento dos pesos às idades padrão, os MRA podem ser recomendados na avaliação genética de bovinos, da raça Simental, no Brasil.

Palavras chave: componentes de (co)variância, herdabilidade, peso corporal, trajetória de crescimento.

Chapter 1

GENETIC EVALUATION USING MULTI-TRAIT AND RANDOM REGRESSION MODELS IN SIMMENTAL BEEF CATTLE

Abstract: 29,510 records from 10,659 Simmental beef cattle provided by the Associação Brasileira dos Criadores das Raças Simental e Simbrasil (Brazilian Association of the Farmers of the Simmental and Simbrasil Breeds) (ABCRSS) were used to estimate the (co)variance components and genetic parameters for weights in the growth trajectory using multi-trait models (MTM) and random regression models (RRM). The (co)variance components and genetic parameters were estimated by restrict maximum likelihood (REML). In MTM analysis, the likelihood ratio test (LRT) was used to determine the significance of random effects included in the model and to define the most appropriate model. All random effects evaluated were significant and included in the final model of analysis. In the RRM analysis, different adjustments of polynomials orders were compared for five different criteria to choose the best fit model. A RRM of third order for the direct additive genetic, direct permanent environment, maternal additive genetic and maternal permanent environment effects was sufficient to model weight variances structure in the growth trajectory of animals. The (co)variance components were generally similar in MTM and RRM. Direct heritabilities of MTM were slightly lower than RRM and varied, respectively, from 0.04 to 0.42 and 0.16 to 0.45. Additive direct correlations were mostly positive and high magnitude, being highest at closest ages. Considering the results and the facts that RRM can be implemented and the pre-adjustment of the weights to standard ages is not required, RRM can be recommended in genetic evaluation of Simmental beef cattle in Brazil.

Keywords: body weight, (co)variance components, heritability, growth trajectory.

INTRODUÇÃO

As avaliações genéticas de bovinos de corte no Brasil têm sido realizadas por meio do modelo animal, sob a metodologia de modelos mistos e, rotineiramente, utilizam modelos multicaracterísticos (MMC) para prever os valores genéticos dos animais (Marques et al., 1999; Marques et al., 2001; Nobre et al., 2003). Os modelos de regressão aleatória (MRA) (Henderson Jr., 1982; Laird e Ware, 1982) surgiram como alternativa para análise de dados longitudinais (Dias et al., 2006; Albuquerque & El Faro, 2008; Sánchez et al., 2008).

Nos MMC, os animais são avaliados em diferentes idades pontuais para os pesos ao longo do tempo, devido aos registros de pesos serem coletados em diferentes idades. Com isso, na maior parte dos casos, os registros de pesos são feitos em intervalos específicos e pré-ajustados para idades fixas, e aqueles que se encontram fora dos intervalos, são descartados. A utilização de pesos ajustados para idades padrão ou a eliminação daqueles que se encontram fora do intervalo de idades preestabelecido pode levar à diminuição, na acurácia dos valores genéticos preditos dos animais (Meyer, 2004).

Nos MRA, os modelos que são utilizados nas avaliações genéticas de animais empregam funções contínuas para descrever tanto os efeitos fixos como os aleatórios. Os valores genéticos são preditos por funções contínuas dos desvios de cada animal (tomados como aleatórios), em relação a uma curva média (tomada como fixa). A aplicação dos MRA permite o uso de todos os registros disponíveis, portanto, o pré-ajustamento dos pesos às idades padrão não é necessário.

Uma grande crítica aos MRA é que, nos extremos das trajetórias ou quando os dados são insuficientes, os parâmetros estimados podem não ser acurados (Meyer, 1999). Tal fato é comum em bovinos de corte, uma vez que a coleta de dados é seqüencial e as observações referentes a idades mais avançadas dos animais são mais raras, resultando em estimativas de parâmetros menos acuradas para estas idades. Uma forma de avaliar a qualidade dos parâmetros dos MRA é a comparação de suas estimativas com aquelas obtidas dos MMC. Apesar das estimativas dos MMC poderem ser tendenciosas ou menos acuradas em relação ao modelo subjacente, devido à

pré-ajustamentos às idades padrão, estas tendem a ter menor propensão de serem afetadas por condições extremas de trajetórias.

As avaliações genéticas em bovinos de corte da raça Simental, no Brasil, têm sido conduzidas com modelos de características múltiplas, fornecendo estimativas em idades específicas como ao nascer, à desmama, ao sobreano e pós sobreano. Todavia, nos dias atuais, é possível estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, por meio de modelos de regressão aleatória, devido ao desenvolvimento de algoritmos e softwares capacitados em processar análises genéticas de dados longitudinais.

Tendo em vista os fatos supracitados, o presente estudo teve como objetivos estimar ordens da curva de regressão fixa e de efeitos aleatórios de funções de (co)variância, na descrição da trajetória de crescimento, utilizando modelos de regressão aleatória ajustados por polinômios de Legendre; estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para pesos, ao longo da curva de crescimento de bovinos de corte da raça Simental, no Brasil, usando modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória (MRA); e comparar as estimativas de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, obtidas nos dois modelos, a fim de se verificar a viabilidade do uso de modelos de regressão aleatória, para descrever a trajetória de crescimento dos animais.

MATERIAL E MÉTODOS

O banco de dados analisado neste estudo refere-se a pesos corporais de bovinos da raça Simental, proveniente de 485 fazendas e cedidos pela Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS), localizada no município de Cachoeiro de Itapemirim, Espírito Santo. Foram utilizados registros de peso do 60^o ao 819^o dia de idade, de animais nascidos entre 1974 e 2006.

Dois arquivos de dados foram preparados para as análises, sendo um usado nas análises com modelos multicaracterísticos (MMC) e análises bicaracterísticas; e o outro, nas análises com os modelos de regressão aleatória (MRA). Os dois arquivos foram compostos pelos mesmos animais. Os animais provenientes da técnica reprodutiva de transferência de embriões (TE) e aqueles, filhos de vacas, cujas idades ao parto eram inferiores a 700 dias e superiores a 2340 dias foram excluídos das análises, a fim de possibilitar o estudo dos efeitos maternos.

Em ambas as análises foi considerado como efeito fixo, o grupo de contemporâneos definido por animais do mesmo sexo, ano, estação (1 = janeiro a março, 2 = abril a junho, 3 = julho a setembro, 4 = outubro a dezembro) e fazenda de nascimento, além de classes de idade da vaca ao parto em dias (classe 1, de 700 a 1.109; classe 2, de 1.110 a 1.519; classe 3, de 1.520 a 1.919 e classe 4, de 1.920 a 2.340), como covariável nos efeitos linear e quadrático. Grupos de contemporâneos com menos de três observações foram excluídos das análises.

O arquivo de dados para as análises multicaracterísticas (MMC) foi composto por pesos ajustados para as idades aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade, sendo que foram aproveitadas para o cálculo de P100, P205, P365, P450, P550 e P730, respectivamente, as pesagens realizadas entre 60 e 149, 150 e 299, 300 e 419 e, 420 e 499, 500 e 619, 620 e 819 dias de idade.

Os pesos foram ajustados pela expressão:

$PP_i = P_j + [(P_i - P_j) / (D_i)] (L_i)$, em que:

PP_i = peso padronizado para a idade i;

P_i = peso observado próximo à idade padrão L_i;

P_j = peso anterior observado ao peso P_i ;

l_i = idade padrão, $[i=1$ (100 dias),..., 6 (730 dias);

D_i = idade em dias, quando da observação de P_i .

Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos - mais ou menos três desvios-padrão. Após as restrições, MMC ficou composto por 29.510 registros de 10.659 animais, filhos de 1.289 touros e 7.332 vacas. A estatística descritiva do arquivo de dados para análises multicaracterísticas está demonstrada na Tabela 1.

O arquivo de dados para as análises de regressão aleatória (MRA) foi composto pelos mesmos registros de pesos dos animais usados nas análises multicaracterísticas, porém não ajustados. Nas Tabelas 2 e 3 são apresentadas, respectivamente, as estatísticas descritivas e estrutura do arquivo com relação ao número de registros por animal. O número de registros e a média de peso corporal para cada idade estão apresentados na Figura 1.

Tabela 1 Descrição dos dados para pesos pré-ajustados aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade do arquivo de dados, para análises via modelos multicaracterísticos

Pesos	N	Touros	Vacas	GC	Média (Kg)	DP (Kg)	CV (%)	Min (Kg)	Max (Kg)
P(100)	6.236	975	4.606	1.192	130,76	40,26	30,79	49,10	319,55
P(205)	7.938	1.119	5.740	1.389	222,56	60,38	27,13	88,84	446,72
P(365)	6.070	961	4.504	1.208	338,47	83,77	24,75	156,63	639,57
P(450)	3.666	738	3.458	960	380,5	90,34	23,74	177,26	678,12
P(550)	3.468	693	2.790	902	441,1	104,51	23,69	196,5	793,17
P(730)	2.132	505	1.815	636	562,72	141,59	25,16	238,05	1.108,52

Número de observações (N), touros, vacas, grupos de contemporâneos (GC), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valor mínimo (Min) e valor máximo (Max).

Tabela 2 Descrição dos dados para pesos ao longo da curva de crescimento do arquivo de dados, para análises via modelos de regressão aleatória

Idade (dias)	N	Média (Kg)	DP (Kg)	CV (%)	Min (Kg)	Max (Kg)
60-149	6.236	129,73	29,89	23,04	63,57	218,54
150-299	7.938	220,20	49,45	22,45	106,33	352,85
300-419	6.070	331,93	77,03	23,20	166,80	550,49
420-499	3.666	385,17	89,39	23,21	183,96	641,73
500-619	3.468	438,03	100,26	22,89	210,5	758,35
620-811	2.132	530,44	125,09	23,58	250,93	955,15

Número de observações (N), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valor mínimo (Min) e valor máximo (Max).

Tabela 3 Estrutura do arquivo para análise de regressão aleatória, com relação ao número de registros por animal

Análise de dados	Número de animais	Porcentagem (%)
Total	10.659	100
Animais com 1 registro	2.915	27,35
Animais com 2 registros	2.401	22,53
Animais com 3 registros	1.938	18,18
Animais com 4 registros	1.624	15,23
Animais com 5 registros	1.203	11,29
Animais com 6 registros	578	5,42

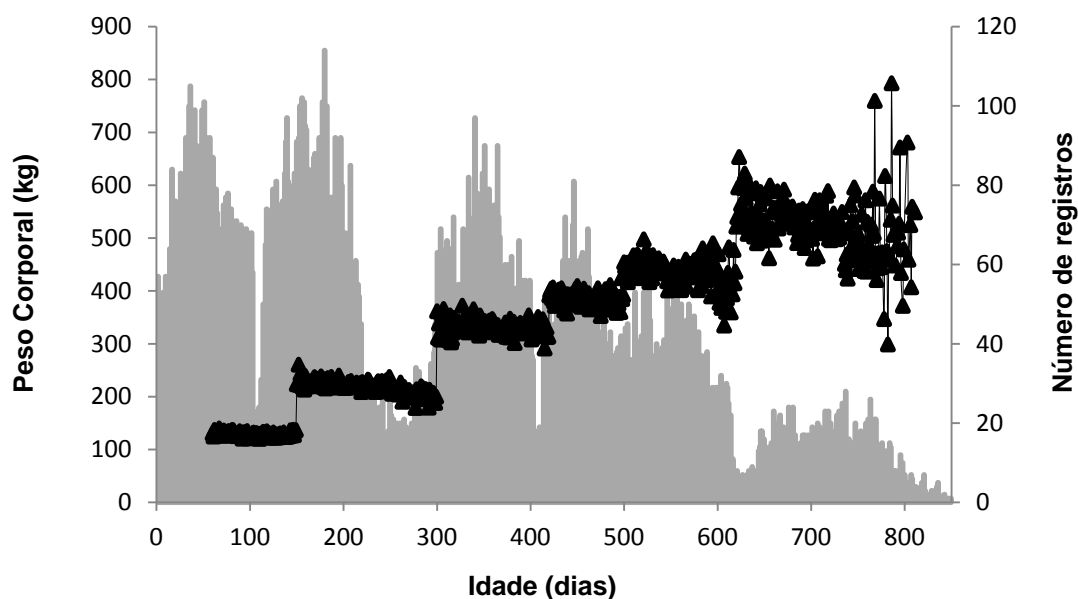


Figura 1 Número de registros (barras cinzas) e peso corporal médio (triângulos pretos) para cada idade, no arquivo de dados MRA.

A organização e a análise de consistência dos arquivos de dados foram realizadas utilizando-se o *software* SAS; a estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos tanto para as análises com modelos multivariados quanto para os modelos de regressão aleatória, foram realizadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) - desenvolvido por Patterson & Thompson (1971) - e obtidos pela utilização do programa WOMBAT, desenvolvido por Meyer (2007), que utiliza os algoritmos AI, EM, DF e PX-EM. Foram consideradas as *prioris* do *default* do programa, como critério de convergência.

O WOMBAT pode ser definido como um programa que utiliza um particular algoritmo, para se encontrar o máximo da função de verossimilhança e, por padrão, o WOMBAT inicia as análises com o algoritmo AI, que propõe um aumento no ln de verossimilhança, a cada iteração, podendo utilizar algumas iterações com o algoritmo PX-EM, para facilitar a convergência. Contudo, o programa oferece opções de se utilizar os algoritmos de diferentes maneiras.

Modelo multicaracterístico (MMC)

Primeiramente, foram realizadas análises unicaracterísticas para as seis características, aplicando-se três diferentes modelos, que diferiram quanto aos efeitos aleatórios, desde o mais completo (efeito genético aditivo direto, genético aditivo materno e ambiente permanente materno) até o reduzido (efeito genético aditivo direto). Com probabilidades de erro tipo 1, de 1% e 5%, o teste da razão de verossimilhança (LRT) foi utilizado para verificar a significância dos efeitos aleatórios incluídos no modelo e definir os modelos mais adequados para as análises bicaracterísticas.

Posteriormente, $n = \frac{p(p-1)}{2}$ análises bicaracterísticas foram realizadas, em que: n é o número de análises realizadas e p é o número de características, totalizando 15 (quinze) combinações (P100-P205, P100-P365, P100-P450, P100-P550, P100-P730, P205-P365, P205-P450, P205-P550, P205-P730, P365-P450, P365-P550, P365-P730, P450-P550, P450-P730, P550-P730) na estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos.

O modelo animal utilizado continha o efeito fixo de grupos contemporâneos; a covariável, classes de idade da vaca ao parto; os efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e residual, e pode ser descrito, matricialmente, da seguinte forma:

$$y = X\beta + Z_1d + Z_2m + Z_3mp + e$$

em que:

y = vetor de observações;

β = vetor de efeitos fixos;

d = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

m = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos;

mp = vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno;

X = matriz de incidência dos efeitos fixos;

Z_1 , Z_2 e Z_3 = matrizes de incidência, respectivamente, aos efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno e de ambiente permanente materno;

e = vetor de efeitos aleatórios residuais.

As seguintes pressuposições foram assumidas:

$$E \begin{bmatrix} y \\ d \\ m \\ mp \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} e V \begin{bmatrix} d \\ m \\ mp \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \otimes G_d & 0 & 0 & 0 \\ 0 & A \otimes G_m & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_v \otimes Q & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_n \otimes R \end{bmatrix}$$

em que:

G_d = matriz de (co)variâncias de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

G_m = matriz de (co)variâncias de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos;

Q = matriz de (co)variâncias de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno;

R = matriz de (co)variâncias de efeitos aleatórios residuais;

A = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright;

I_v = matriz identidade, cuja ordem é o número de mães;

I_n = matriz identidade, cuja ordem é o número de observações;

\otimes = operador produto de Kronecker.

Modelos de regressão aleatória (MRA)

Os modelos de regressão aleatória (MRA) podem ser estudados por dois conjuntos de regressão dos pesos, em função das idades mensuradas. O primeiro diz respeito à regressão fixa para os indivíduos pertencentes à mesma classe de efeitos fixos e, o segundo, é o aleatório que descreve os desvios de cada indivíduo, em relação à regressão fixa.

As regressões fixas e aleatórias foram representadas por funções contínuas, e um modelo de regressão aleatória foi ajustado para os efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, cujas covariáveis foram descritas por polinômios de Legendre.

As regressões fixas testadas foram de ordem três, quatro ou cinco e a escolhida foi feita com base no coeficiente de determinação R^2 . Para o efeito genético aditivo direto foram utilizados polinômios quadrático, cúbico, quártico e quártico, ou seja, $k_d = 3, 4, 5$ e 6 , respectivamente, em que k refere-se à ordem

da função de covariância. O efeito de ambiente permanente direto foi modelado considerando polinômios de segundo, terceiro, quarto e quinto grau, ou seja, $k_p = 3, 4, 5$ e 6 , respectivamente. Já para os efeitos genético aditivo materno e de ambiente permanente materno foram utilizados polinômios linear, quadrático e cúbico, ou seja, $k_m = k_{mp} = 2, 3$ e 4 , respectivamente. Em que, k_d , k_p , k_m e k_{mp} são as ordens da função de covariâncias, respectivamente para os efeitos genético aditivo direto, ambiente permanente direto, genético aditivo materno e ambiente permanente materno que, de maneira geral, foram escolhidos baseados nas ordens comumente testadas para bovinos de corte, na literatura (Boligon et al., 2010; Baldi Rey et al., 2010).

A estrutura de variâncias residuais foi modelada considerando de uma classe (homogênea) até seis classes de heterogeneidade. As classes utilizadas foram: CL1, para homogênea; CL2, 60-149 e 150-819 dias; CL3, 60-149, 150-299 e 300-819 dias; CL4, 60-149, 150-299, 300-499 e 500-819 dias; CL5, 60-149, 150-299, 300-419, 420-499 e 500-819 dias; CL6, 60-149, 150-299, 300-419, 420-499 e 500-649, 650-819 dias de idade, sendo CL m a modelagem de heterogeneidade de variância, em que “ m ” representa o número de classes. A matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright utilizada tanto nas análises multicaracterísticas quanto nas de regressão aleatória, continha 41.904 animais.

Os modelos com diferentes ordens de ajustes para os polinômios foram comparados pelos critérios máximo do logaritmo da função de verossimilhança ($\ln L$), informação de Akaike (AIC), informação Bayesiano de Schwarz (BIC), número de condição (NC), que consiste na razão entre o maior e o menor autovalor da matriz de correlação e pelo teste da razão de verossimilhança (LRT).

As estatísticas, $\ln L$, AIC e BIC foram obtidas pelo *software* Wombat (Meyer, 2007). AIC e BIC impõem penalidades de acordo com o número de parâmetros a serem estimados e são definidos como segue:

$$AIC = -2\ln L + 2p \quad \text{e} \quad BIC = -2\ln L + p \ln(N - r(X))$$

em que $-2\ln L$ é a deviance do modelo, p é o número de parâmetros estimados, N o número de observações, $r(X)$ o posto da matriz de incidência

dos efeitos fixos do modelo e $\ln L$ é o máximo do logaritmo da função de verossimilhança.

Já a estatística LRT foi obtida pela seguinte expressão: $LRT_{ij} = 2 \ln L_i - 2 \ln L_j$ em que $\ln L_i$ é o máximo da função de verossimilhança para o modelo completo i, e $\ln L_j$, o máximo da função de verossimilhança para o modelo reduzido j. A estimativa LRT foi comparada com o valor do Qui-quadrado (χ^2) tabelado, com ν graus de liberdade e nível de significância de 1%, sendo ν a diferença entre o número de parâmetros estimados pelos modelos completo e reduzido (aninhados). As conclusões foram feitas da seguinte maneira: se $LRT > \chi_{tab}^2(n; 0,01)$ o teste é significativo e o modelo completo fornece melhor ajuste, em relação ao modelo reduzido. A hipótese de nulidade testada foi de que os modelos, completo e reduzido, não diferiam entre si.

O modelo de regressão aleatória foi assim descrito:

$$y_{ij} = F_{ij} + \sum_{m=0}^{k_p-1} \beta_m \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_d-1} d_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_m-1} m_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_{mp}-1} mp_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_p-1} p_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + e_{ij}$$

em que:

y_{ij} = peso no $j^{\text{ésimo}}$ dia do $i^{\text{ésimo}}$ animal;

F_{ij} = conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (sexo, rebanho, ano e estação de nascimento) e pela covariável classe de idade da vaca ao parto, considerando efeito linear e quadrático;

$\beta_m = m^{\text{ésimo}}$ coeficiente de regressão fixo da curva média de crescimento da população;

d_{im} , m_{im} , mp_{im} e p_{im} = coeficientes de regressão aleatória referentes aos efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno, de ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, respectivamente, para o $i^{\text{ésimo}}$ animal;

k_d , k_m , k_{mp} e k_p = ordens das funções de covariâncias utilizadas para descrever, respectivamente, os efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto;

a_{ij}^* = idade j do animal i;

$\phi_m(a_{ij}^*)$ = polinômios de Legendre avaliados para a_{ij}^* , para a regressão fixa e os efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, considerando as ordens das funções de covariâncias k_d , k_m , k_{mp} e k_p , respectivamente;

e_{ij} = efeito aleatório residual.

Na forma matricial, o modelo com suas respectivas pressuposições, pode ser descrito como:

$$y = X\beta + \Phi_1 d + \Phi_2 m + \Phi_3 mp + \Phi_4 p + e$$

Sendo o vetor y composto seqüencialmente por idades dentro de indivíduo, tem-se a seguinte estrutura de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ d \\ m \\ mp \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad V \begin{bmatrix} d \\ m \\ mp \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \otimes k_d & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & A \otimes k_m & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_{Nm} \otimes k_{mp} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_{Nd} \otimes k_p & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que:

y = vetor de observações;

β = vetor de efeitos fixos que contém os coeficientes β_m da regressão fixa;

d = vetor de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos;

m = vetor de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos maternos;

mp = vetor de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente materno;

p = vetor de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente direto;

e = vetor aleatório residual;

X , Φ_d , Φ_m , Φ_{mp} e Φ_p = matrizes de incidência para os coeficientes polinomiais dos efeitos fixos, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, respectivamente;

K_d , K_m , K_{mp} e K_p = matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, respectivamente;

A = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright entre os indivíduos;

I_{Nd} = matriz identidade de dimensão d (número de animais com registro);

I_{Nm} = matriz identidade de dimensão m (número de vacas com filhos com registro);

R = matriz diagonal de variâncias residuais;

\otimes = operador produto de Kronecker.

A covariância entre os efeitos genético aditivo direto e genético aditivo materno tanto para MMC quanto para MRA foi assumida como igual a zero.

Para possibilitar a comparação das variâncias residuais obtidas em MMC e MRA, a variância residual utilizada em MRA foi uma variância residual composta, calculada pela soma da variância de ambiente permanente direto e a residual ($R = \Phi_p K_p \Phi_p' + I\sigma_e^2$), equivalendo-se, deste modo, à variância residual obtida por MMC. Este cálculo é importante, pois, equivale, em um MRA, à variância residual estimada para MMC (Menezes, 2010).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com o teste da razão de verossimilhança (LRT) utilizado em análises unicaracterísticas, a diferença entre o modelo completo (M1) e o modelo que continha os efeitos genético aditivo direto e genético aditivo materno (M2) foi significativa em todas as idades, com exceção de P550 (Tabela 4). Esses resultados indicam que a influência dos efeitos maternos continua mesmo após a fase de aleitamento dos animais, e que a inclusão desses efeitos no modelo, se faz necessária. Sarmento et al. (2003) afirmaram que o ambiente materno pode influenciar o bezerro tanto na fase pré como pós-natal, onde inclusive, o efeito pode ser alterado devido ao manejo proporcionado aos animais. Meyer et al. (1993), ao trabalharem com bovinos da raça Hereford e Wokalup, relataram que os efeitos maternos tiveram influência, desde o nascimento até os 600 dias de idade.

Os mesmos resultados não foram observados na comparação entre M1 e o modelo reduzido (M3) e entre M2 e M3, onde houve significância para as idades P100, P205 e P365 em M1 e M3, e para P100 e P205 em M2 e M3. Os resultados indicam que os efeitos maternos afetam os animais principalmente no período do nascimento até o desmame. Meyer (2003), ao trabalhar com fêmeas da raça Angus, utilizando modelos de regressão aleatória, obteve estimativas de herdabilidade materna crescente, do nascimento aos 200 dias de idade aproximadamente e diminuindo o seu valor gradativamente a zero, próximo aos 600 dias de idade.

Vários estudos em bovinos de corte têm demonstrado a importância da inclusão dos efeitos maternos nas análises (Meyer et al., 1993; Baldi Rey et al., 2010; Nobre et al., 2009 e Menezes, 2010). Meyer (1997), relatou que os modelos que descartam os efeitos maternos conduzem a super estimativas da herdabilidade direta. Desse modo, seria recomendável considerar os efeitos maternos no modelo de avaliação genética, para a obtenção de parâmetros genéticos mais acurados para pesos após o desmame, em análises multicaracterísticas (MMC).

Tabela 4 Mudanças nas estimativas da deviance (-2ln L) e sua significância causada pela utilização de diferentes modelos (M), para a análise dos pesos aos 100, 205, 365, 450, 550 e 730 dias de idade

Pesos	Mudança do -2 ln L ¹ estimado		
	M1-M2	M1-M3	M2-M3
P100	7,25**	16,70**	9,45**
P205	4,66*	19,91**	15,25**
P365	6,31*	8,37*	2,07 ^{ns}
P450	8,92**	5,93 ^{ns}	3,02 ^{ns}
P550	1,97 ^{ns}	2,16 ^{ns}	0,19 ^{ns}
P730	5,99*	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}

M1: efeito genético aditivo direto, efeito genético aditivo materno e efeito de ambiente permanente materno; M2: efeito genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno; M3: efeito genético aditivo direto; **P<0,01,*P<0,05 ns:não significativo. ¹L=função de verossimilhança.

A escolha da ordem do polinômio da curva de regressão fixa, para modelar a trajetória de crescimento utilizando-se MRA foi feita com base no coeficiente de determinação (R²). O aumento na ordem do polinômio da curva fixa não resultou em melhora significativa do R², portanto, um polinômio de ordem três foi escolhido para modelar a curva de crescimento dos animais (Figura 2).

Os valores do máximo da função do logaritmo de verossimilhança (ln L), de modo geral, foram menores em modelos menos parametrizados; no entanto, alguns modelos, com maior número de parâmetros, apresentaram valores menores do ln L. Em relação, aos critérios de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), houve tendência de menores valores em modelos mais parametrizados; contudo, nem sempre o aumento no número de parâmetros promoveu modelos mais adequados. Já o NC, apresentou, de maneira geral, maiores valores à medida que se aumentou a ordem dos polinômios, ou seja, houve acréscimo na multicolinearidade, com aumento na ordem do polinômio (Tabela 5).

Dois modelos foram mais adequados de acordo com os critérios estatísticos adotados. O modelo Leg3633_1, com 40 parâmetros, apresentou-se mais adequado pelo critério do ln L e no teste da Razão de Verossimilhança (LRT), o que permitiu verificar diferença significativa na quantidade de

parâmetros. Portanto, o teste indicou que o modelo mais parametrizado, Leg3633_1, com 40 parâmetros, diferiu estatisticamente ($P < 0,01$) dos demais, ou seja, o modelo completo apresentou-se mais adequado em relação ao modelo reduzido. Todavia, o melhor modelo para os demais critérios (AIC, BIC e NC) foi o Leg3333_1, com 25 parâmetros, que apresentou menores valores nestes critérios. Jamrozik & Schaeffer (2002), ao avaliarem 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.

Legarra et al. (2004) afirmaram que modelos mais parcimoniosos são preferíveis, em razão da menor demanda computacional, susceptibilidade e erros numéricos. Assim, o modelo Leg3333_1, com 25 parâmetros, foi escolhido para modelar a trajetória de crescimento dos animais e para a obtenção de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, uma vez que é mais parcimonioso e por ter permitido a obtenção de estimativas mais próximas daquelas encontradas nas análises multicaracterísticas.

Ao se modelar classes de heterogeneidade de variâncias residuais, o modelo homogêneo promoveu o pior ajuste de acordo com os critérios $\ln L$, LRT e NC, indicando comportamento diferente da variância residual, no decorrer do crescimento dos indivíduos. Resultados semelhantes foram encontrados por Baldi Rey et al. (2010) e Sarmiento et al. (2010), que sugeriram a utilização de heterogeneidade de variâncias residuais ao trabalharem, respectivamente, com bovinos da raça Canchim e ovinos da raça Santa Inês. No entanto, pelos demais critérios (AIC e BIC), o modelo que considera homogeneidade de variância residual foi o mais adequado, sendo, portanto, o mais indicado para modelar a trajetória de crescimento de bovinos da raça Simental.

Além disso, na inclusão de classes de variâncias residuais, estas promoveram um incremento na variância genética aditiva direta, gerando estimativas de herdabilidades bem maiores e divergentes daquelas comumente encontradas na literatura (Marques et al., 1999; Krejcová et al., 2007; Baldi Rey et al., 2010; Menezes, 2010) para características de crescimento de bovinos de corte. Assim sendo, optou-se por utilizar o modelo que considera

homogeneidade de variâncias, apesar de não ter sido o mais adequado em todos os critérios (In L, LRT e NC). Outra justificativa para a escolha deste modelo foi a sua maior parcimônia e o fornecimento de estimativas de herdabilidades (parâmetros genéticos) mais realísticas e próximas daquelas encontradas na literatura.

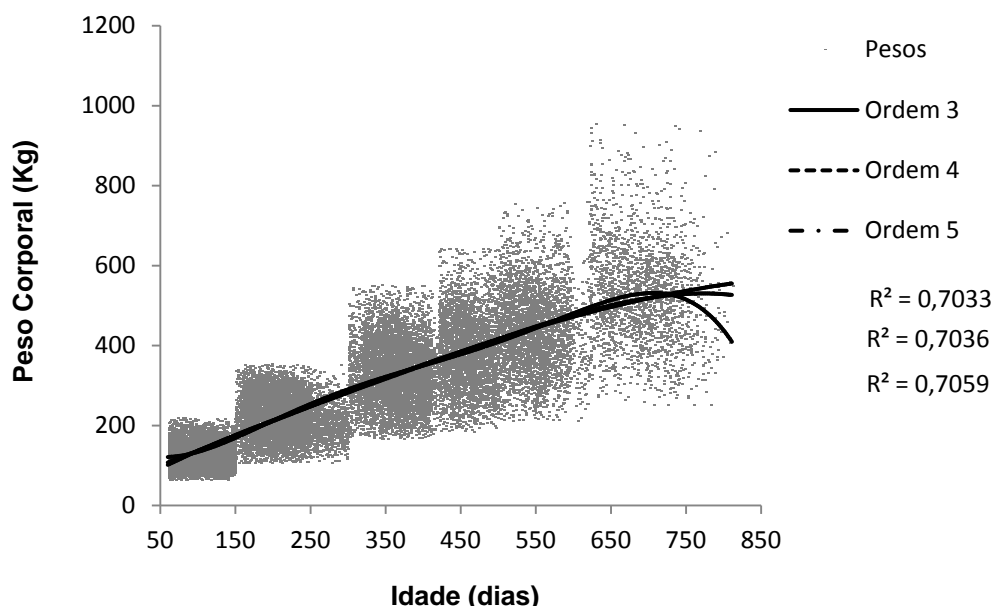


Figura 2 Comportamento da curva de regressão fixa na trajetória de crescimento, em diferentes ordens de polinômios.

Como pode ser observado na Figura 3, houve um aumento na variância fenotípica (σ^2_f) em relação à idade dos animais, tanto para as análises multicaracterísticas (MMC) quanto de regressão aleatória (MRA). Esse aumento foi atribuído, principalmente, à progressão da variância genética aditiva direta (σ^2_d), ao longo da curva de crescimento, e também, pelo fato de que em idades mais elevadas, os pesos normalmente são de maior magnitude, devido ao efeito escala. Resultados semelhantes foram encontrados por Marques et al. (1999), que ao trabalharem com animais da raça Simental, em modelos multicaracterísticos, observaram estimativas de variâncias genética aditiva direta crescentes. Já Baldi Rey et al. (2010), ao trabalharem com bovinos da raça Canchim, observaram incremento dessas variâncias a partir dos 18 meses de idade e de mesma magnitude, tanto em análises MMC quanto em MRA.

As estimativas de variâncias genéticas maternas (σ^2_m) foram, de maneira geral, divergentes nos modelos MMC e MRA (Figura 3). Dos 100 aos

205 dias de idade, houve um leve crescimento para MMC e um acentuado decréscimo em MRA. O crescimento em MMC é esperado, pela maior influência materna nesse período, porém, o decréscimo em MRA não. Esse decréscimo, pode ser acarretado pela má estrutura dos dados e pelos problemas que modelos de regressão aleatória apresentam no ajuste da função polinomial, nas extremidades das curvas, podendo estimar componentes de (co)variância não condizentes com a realidade biológica. A partir dos 205 dias de idade, um decréscimo foi observado em MMC até os 550 dias de idade; em contrapartida, MRA apresentou acréscimo das estimativas neste mesmo intervalo. A partir dessa idade, um crescimento proeminente foi constatado em ambos os modelos.

Resultados divergentes em modelos MMC foram reportados por Marques et al. (1999), que observaram um crescimento leve e constante no decorrer da curva de crescimento. Já para os modelos MRA, Nobre et al. (2003), encontraram estimativas de variância genética materna, com crescimento constante do nascimento à idade adulta, em bovinos da raça Nelore.

Em relação ao efeito de ambiente permanente materno (σ_{mp}^2), as estimativas foram divergentes em ambos os modelos, com crescimento mais agudo em MRA, principalmente após os 550 dias de idade, fato este que, provavelmente, ocorreu devido ao baixo número de registros nesse período. Menezes (2010) obteve aumento abrupto das estimativas de ambiente permanente materno, a partir dos 480 dias em bovinos da raça Tabapuã (Figura 3). Todavia, outro ponto importante que pode ter acarretado essas estimativas foi o baixo número de filhos, por vaca, observado - que foi em média 1,45. Pelicioni et al. (2003), ao trabalharem com bovinos da raça Guzerá, com número médio de filhos, por mãe, entre 1,2 e 1,5 do nascimento à idade adulta, afirmaram que não foi possível estimar o efeito de ambiente permanente materno. Tanaka et al. (2009) e Bittencourt et al. (2002), também não conseguiram estimar o efeito de ambiente permanente materno, em animais da raça Guzerá, ao trabalharem com número médio de filhos, por vaca, inferior a 2.

Maniatis & Pollott, (2003), ao trabalharem com ovinos da raça Suffolk, afirmaram que dados com estrutura limitada podem ser a causa de estimativas

biologicamente impossíveis e que seriam necessárias várias gerações de registros e o maior número possível de informação de parentesco entre os animais e suas mães, para a obtenção de estimativas mais precisas.

Tabela 5 Ordem do polinômio para os efeitos genéticos aditivo direto (k_d) e aditivo materno (k_m) e de ambiente permanente direto (k_p) e materno (k_{mp}), número de parâmetros (N_p); máximo logaritmo da função de verossimilhança ($\ln L$), teste da razão de verossimilhança (LRT), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC) e critério da norma de condição (NC) para os modelos estudados

Modelo	k_d	k_p	k_m	k_{mp}	N_p	$\ln L$	LRT	AIC	BIC	NC
Leg3333_1	3	3	3	3	25	-122.368,328	1148,70**	-122.393,328	-122.496,294	111,37
Leg4333_1	4	3	3	3	29	-122.104,783	621,61**	-122133,783	-122.253,224	497,04
Leg5333_1	5	3	3	3	34	-121.854,781	121,61**	-121888,781	-122.028,816	738,64
Leg3433_1	3	4	3	3	29	-122.135,619	683,28**	-122164,619	-122.284,061	201,17
Leg3533_1	3	5	3	3	34	-121.978,672	369,39**	-122.012,672	-122.152,707	216,70
Leg3633_1 ^a	3	6	3	3	40	-121.793,978	-	-121.833,978	-121.998,725	301,45
Leg3323_1	3	3	2	3	22	-122.327,717	1067,48**	-122.349,717	-122.440,328	202,27
Leg3343_1	3	3	4	3	29	-122.211,915	835,87**	-122.240,915	-122.360,357	188,20
Leg3332_1	3	3	3	2	22	-122.328,092	1068,23**	-122.350,092	-122.440,702	201,41
Leg3342_1	3	3	4	2	26	-122.229,141	870,33**	-122.255,141	-122.362,227	173,61
Leg3344_1	3	3	4	4	33	-122.275,415	962,874**	-122.308,415	-122.444,331	163,88
Leg3333_1	3	3	3	3	25	-122.368,328	595,09**	-122.393,328	-122.496,294	111,37
Leg3333_2	3	3	3	3	26	-122.310,915	480,26**	-122.336,915	-122444,001	61,68
Leg3333_3	3	3	3	3	27	-122.305,438	469,31**	-122.332,438	-122.443,642	63,93
Leg3333_4	3	3	3	3	28	-122.337,228	532,88**	-122.365,228	-122.480,551	64,86
Leg3333_5	3	3	3	3	29	-122.256,278	370,99**	-122.285,278	-122.404,720	65,74
Leg3333_6 ^b	3	3	3	3	30	-122.070,784	-	-122.100,784	-122.224,344	64,83

Legkdkpkmkp_r: ordem da função de covariâncias para os efeitos genético aditivo direto (k_d), de ambiente permanente direto (k_p), genético aditivo materno (k_m) e de ambiente permanente materno (k_{mp}) e a estrutura de variâncias residuais (r). Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em $\ln L$, AIC, BIC e NC. **a** Modelo homogêneo completo ou mais parametrizado. **b** Modelo heterogêneo completo ou mais parametrizado. ** Significativo a 1% de probabilidade.

De maneira geral, as estimativas de variâncias residuais compostas (σ^2_{ec}) foram de mesma magnitude, nos dois modelos. Em MMC, as variâncias residuais compostas aumentaram até os 365 dias, quando um leve decréscimo foi observado, até os 450. A partir desta idade, um novo e mais acentuado crescimento dessas variâncias ocorreu (Figura 3). Baldi Rey et al. (2010) e Menezes (2010) encontraram estimativas de variâncias residuais crescentes ao longo da trajetória de crescimento. No MRA, também houve tendência de crescimento das variâncias em magnitude, com o aumentar da idade. Porém, um declínio da variância foi observado no intervalo dos 100 aos 205 dias de idade. Isto pode ser possível pelo número maior de registros próximos à idade de 205 dias, em relação aos 100 dias, acarretando menor erro. Ainda, em relação à MRA, resultados fora da realidade biológica foram diagnosticados a partir dos 550 dias de idade, sendo provável que tenham acontecido pelo pequeno número de registros disponíveis nesse período, como já citado anteriormente.

As herdabilidades diretas (h^2_d) foram semelhantes em tendência, para pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade, contudo, e em geral, as estimativas de herdabilidade obtidas por modelos de regressão aleatória para peso à idade adulta são maiores em relação às estimativas obtidas por modelos multicaracterísticos (Tabela 6). De certa forma, foi observado crescimento contínuo dessas herdabilidades, com exceção da ligeira queda observada a partir de P550 em MRA, possivelmente, em razão dos MRA proverem ajustes menos adequados quando há reduzido número de registros de pesos.

Nos MMC, as estimativas foram semelhantes às encontradas por Marques et al. (2000) que encontraram valores de h^2_d para P100, P205, P365 e P550, respectivamente iguais a 0,08, 0,13, 0,19 e 0,24, em bovinos da raça Simental. Em relação aos MRA, as herdabilidades encontradas foram, em geral, superiores às reportadas por Krejcová et al. (2007) que, ao utilizarem um modelo de terceira ordem, para o efeito genético aditivo direto, em bovinos da raça Simental, encontraram valores de herdabilidades diretas iguais a 0,07, 0,15, 0,12 e 0,07, em intervalos que compreendem, respectivamente, as idades aos 100, 205, 365 e 450 dias.

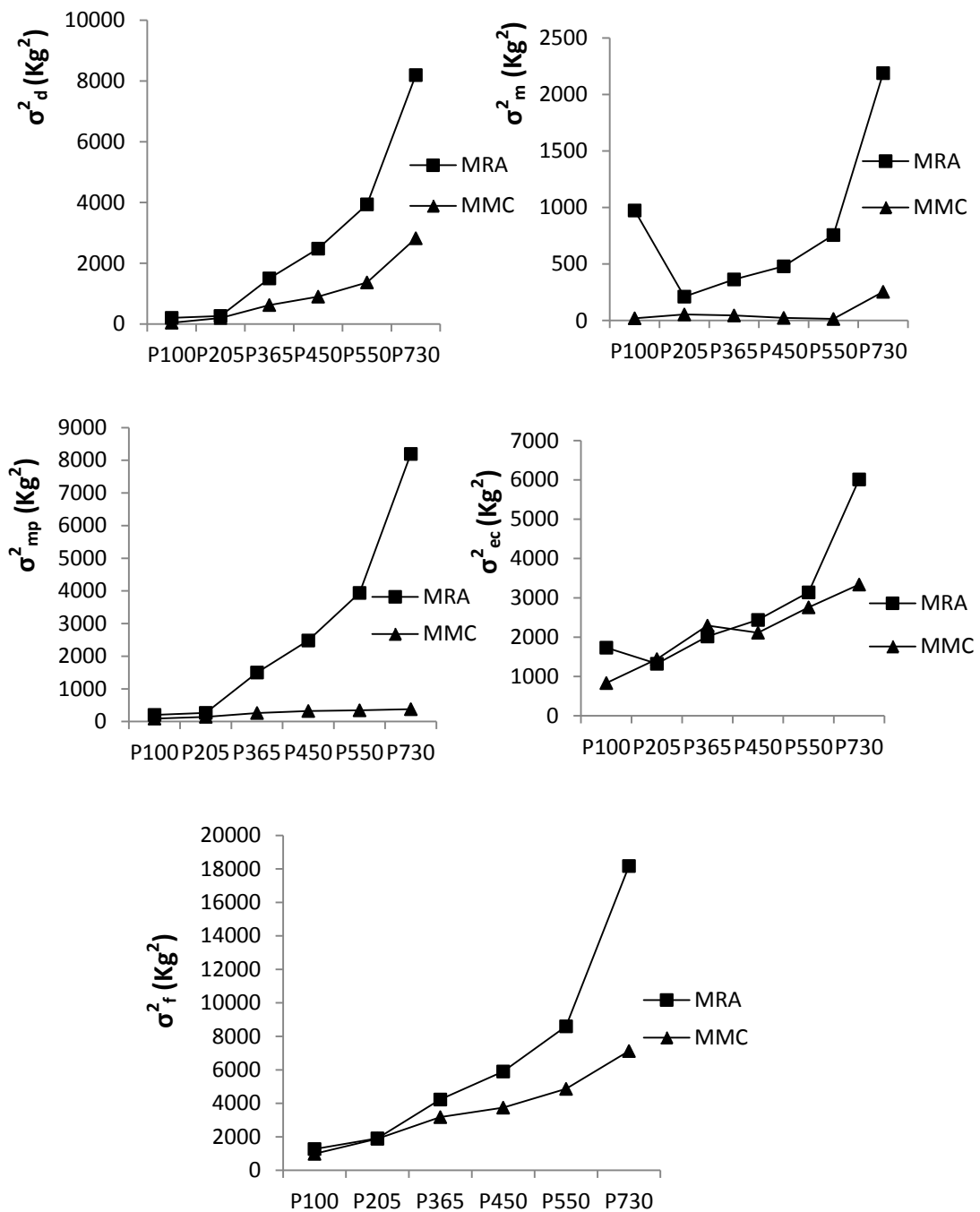


Figura 3 Médias das estimativas de variâncias genética direta (σ^2_d), genética materna (σ^2_m), ambiente permanente materno (σ^2_{mp}), residual composta (σ^2_{ec}) e fenotípica (σ^2_f) obtidas pelos modelos multicaracterísticos (MMC) e de regressão aleatória (MRA), para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade.

Os valores de herdabilidades maternas (h^2_m) encontradas neste estudo foram de baixa magnitude e tiveram de maneira geral, mesmo comportamento, crescendo até à desmama, com uma pequena queda aos 365 dias e, depois, nova ascendência, até à idade adulta (Tabela 6). Essa não esperada ascendência, após os 365 dias de idade, muito provavelmente, pode ser explicada pelo baixo número de registros observados, a partir de um ano de idade. Resultados divergentes ao do presente estudo foram encontrados por Baldi Rey et al. (2010) e Boligon et al. (2009), que encontraram estimativas máximas ao nascimento, diminuição abrupta após o nascimento, incremento até os 400 dias de idade e nova queda gradual, até o final da trajetória de crescimento, respectivamente, em bovinos das raças Canchim e Nelore.

Assim como aconteceu para as estimativas de herdabilidades diretas, àquelas estimadas via modelos de regressão aleatória, foram, em tese, superiores. Menezes (2010), ao trabalhar com bovinos da raça Tabapuã, encontrou estimativas de herdabilidades maternas, em geral, superiores em modelos de regressão aleatória quando comparadas aos modelos multicaracterísticos.

As estimativas de variância de ambiente permanente materno (mp^2), como proporção da variância fenotípica, foram, em geral, similares nos dois modelos (Tabela 6). Contudo, as estimativas para o modelo MMC foram levemente superiores no início da curva de crescimento e ligeiramente inferiores no final da mesma.

Diferentemente dos resultados obtidos neste trabalho, Baldi Rey et al. (2010) encontraram estimativas de variâncias de ambiente permanente materno superiores, em modelos multicaracterísticos, quando comparadas aos de regressão aleatória. Já Menezes (2010) e Boligon et al. (2009) encontraram resultados divergentes e não observaram diferenças entre as estimativas obtidas nos dois modelos, e em ambos os resultados, também houve diminuição gradual destas estimativas a partir, respectivamente, da desmama e nascimento.

Com relação à variância residual composta (ec^2), como proporção da variância fenotípica, os resultados obtidos por MMC foram superiores aos de MRA, em toda a trajetória de crescimento dos animais (Tabela 6), o que pode ser indicativo de qualidade superior de ajuste para os MRA, em relação aos

MMC (Menezes, 2010). Resultados equivalentes foram encontrados por Menezes (2010), em bovinos da raça Tabapuã - valores de ec^2 , ligeiramente superiores em MMC.

Tabela 6 Estimativas de herdabilidade direta (h^2_d) e materna (h^2_m) e proporção da variância de ambiente permanente materno (mp^2) e residual (ec^2), em relação à variância fenotípica total, obtidas para os modelos MMC e MRA (entre parênteses), sob o modelo Leg3333_1 para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade

Pesos	$h^2_d^*$	$h^2_m^*$	mp^{2*}	ec^{2*}
P100	0,04 (0,16)	0,01 (0,08)	0,09 (0,01)	0,86 (0,75)
P205	0,11 (0,14)	0,01 (0,11)	0,08 (0,06)	0,80 (0,69)
P365	0,20 (0,36)	0,00 (0,09)	0,08 (0,08)	0,72 (0,47)
P450	0,27 (0,42)	0,01 (0,08)	0,10 (0,09)	0,62 (0,41)
P550	0,31 (0,46)	0,00 (0,09)	0,08 (0,09)	0,61 (0,36)
P730	0,42 (0,45)	0,03 (0,12)	0,06 (0,10)	0,49 (0,33)

* Média das análises bicaracterísticas para MMC.

Com exceção das correlações obtidas entre P100 e as demais idades, via modelos de regressão aleatória, onde estas foram negativas e de baixa magnitude, os resultados encontrados para as correlações genéticas aditivas diretas, tanto para MRA quanto MMC, estão dentro da faixa de valores encontrados na literatura (Sakaguti et al., 2003; Dias et al., 2006; Baldi Rey et al., 2010; Menezes, 2010; Sousa Júnior et al., 2010). As estimativas de correlações genéticas aditivas diretas obtidas para os modelos MMC e MRA, foram, em geral, altas e positivas, indicando que parte dos genes de ação aditiva que influenciam uma característica, também influenciam as outras (Tabela 7).

Porém, àquelas obtidas via MMC foram, de maneira geral, superiores às de MRA. Resultados semelhantes foram reportados por Iwaisaki et al. (2005) e Menezes, (2010), que ao trabalharem, respectivamente, com as raças Gelbvieh e Tabapuã, obtiveram estimativas de correlação genética aditiva direta superiores, em modelos multicaracterísticos, quando comparadas aos modelos de regressão aleatória.

É provável que os resultados das estimativas entre P100 e as demais idades estimadas possa ser explicado por problemas oriundos da função polinomial, uma vez que correlações entre essas medidas, predominantemente positivas, são esperadas pelo fato de o peso dos animais ser o resultado da soma acumulada do ganho ao longo da vida, o que cria uma dependência estrutural entre os mesmos.

Em relação às correlações fenotípicas entre os pesos estudados, estas tenderam, de maneira geral, a serem maiores em idades mais próximas. Porém, o mesmo comportamento não foi observado para as correlações entre P100 e as demais idades, provavelmente, como consequência do comportamento das correlações genéticas diretas, em que tal situação também foi verificada (Tabela 7). Sarmiento et al. (2006) ao avaliarem características de crescimento de ovinos da raça Santa Inês, reportaram aumento na magnitude das correlações, à medida que as idades se aproximavam.

As correlações fenotípicas obtidas em MMC foram de maior magnitude em relação à MRA (Tabela 7), o que difere dos resultados encontrados por Sarmiento et al. (2006), que observaram menores correlações fenotípicas para MMC.

Tabela 7 Estimativas de correlações genéticas aditivas diretas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) obtidas via MMC e MRA (entre parênteses), sob o modelo Leg3333_1 para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade

Pesos	P100	P205	P365	P450	P550	P730
P100	-	0,99 (0,05)	0,92 (-0,42)	0,66 (-0,47)	1,00 (-0,48)	0,82 (-0,42)
P205	0,69 (0,24)	-	0,99 (0,86)	1,00 (0,78)	0,96 (0,68)	1,00 (0,46)
P365	0,34 (0,10)	0,53 (0,58)	-	0,94 (0,99)	0,93 (0,94)	0,83 (0,78)
P450	0,42 (0,04)	0,53 (0,54)	0,91 (0,80)	-	0,98 (0,98)	0,92 (0,86)
P550	0,30 (-0,02)	0,46 (0,45)	0,81 (0,76)	0,91 (0,85)	-	1,00 (0,94)
P730	0,19 (-0,11)	0,40 (0,23)	0,61 (0,58)	0,74 (0,72)	0,81 (0,85)	-

As correlações genéticas maternas apresentaram comportamento contrastante daquelas normalmente vistas na literatura (Albuquerque & Meyer, 2001; Baldi Rey et al., 2010; Menezes, 2010). Estes autores encontraram estimativas semelhantes, de alta magnitude e positivas, entre os modelos multicaudados e de regressão aleatória. Variavelmente, no presente estudo, observou-se superioridade dos valores encontrados para MMC, em relação à MRA (Tabela 8).

Valores elevados foram observados, principalmente entre as idades iniciais e, segundo Boligon et al. (2010), isto indica que os efeitos maternos para essas idades são controlados pelos mesmos genes. Além disso, estimativas de correlações negativas foram verificadas tanto em MMC quanto MRA, indicando um comportamento fora da realidade biológica, por correlações positivas e de alta magnitude serem esperadas, como explicado anteriormente.

As estimativas de correlações de ambiente permanente materno, tanto em MMC quanto MRA, foram, de maneira geral, de alta magnitude e positivas, e grande parte delas, igual à unidade (Tabela 8). Para o MMC foi observado comportamento aleatório ao longo da curva, próximos à unidade, entre as idades no início e final da curva e, levemente menor, nas idades localizadas no meio da trajetória, corroborando com os resultados encontrados por Menezes (2010), que ao trabalhar com bovinos da raça Tabapuã, obteve estimativas de correlações de ambiente permanente materno positivas e de alta magnitude.

Já para MRA as correlações tenderam a serem menores à medida que as idades se distanciaram. Estes resultados estão de acordo com os encontrados por Dias et al. (2006), em bovinos da raça Tabapuã e contrastam com os reportados por Baldi Rey et al. (2010), que obtiveram estimativas de correlações de ambiente permanente materno, próximas à unidade, em bovinos da raça Canchim.

Diante dos resultados obtidos, pode-se indicar o uso dos modelos de regressão aleatória (MRA) nas avaliações genéticas dos programas de melhoramento de bovinos da raça Simental. Ressalta-se, ainda, o fato de os MRA não requererem o pré-ajustamento dos pesos às idades padrão e do potencial ganho em acurácia em MRA. Meyer (2004) trabalhando com dados simulados para bovinos de corte utilizando MMC e MRA, conclui que os modelos de regressão aleatória são mais acurados que os modelos

multicaracterísticos devido à melhor modelagem dos componentes de variância e parâmetros genéticos, além da eliminação de idades pré ajustadas em MRA.

Tabela 8 Estimativas de correlações genéticas maternas (acima da diagonal) e de ambiente permanente materno (abaixo da diagonal), obtidas via MMC e MRA (entre parênteses), sob o modelo Leg3333-1 para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade

Pesos	P100	P205	P365	P450	P550	P730
P100	-	1,00 (0,97)	1,00 (0,77)	1,00 (0,55)	-1,00 (0,23)	-1,00 (-0,23)
P205	1,00 (1,00)	-	-1,00 (0,90)	-0,19 (0,74)	-1,00 (0,47)	-0,96 (0,02)
P365	0,88 (0,95)	0,89 (0,96)	-	0,08 (0,96)	1,00 (0,80)	-1,00 (0,45)
P450	0,69 (0,88)	0,67 (0,90)	1,00 (0,98)	-	1,00 (0,94)	-1,00 (0,69)
P550	0,82 (0,74)	1,00 (0,76)	0,85 (0,91)	1,00 (0,97)	-	0,99 (0,89)
P730	1,00 (0,41)	1,00 (0,44)	1,00 (0,66)	1,00 (0,79)	1,00 (0,92)	-

CONCLUSÕES

Um modelo de regressão aleatória, de ordem três, para a curva de regressão fixa e para os efeitos aleatórios, genético aditivo direto, efeito genético materno, efeito de ambiente permanente materno e ambiente permanente direto foi suficiente para modelar a estrutura das variâncias do peso com a idade dos animais.

Em razão da possibilidade de implementação e de não requererem o pré-ajustamento de pesos, às idades padrão, os modelos de regressão aleatória (MRA) podem ser utilizados nas avaliações genéticas dos programas de melhoramento de bovinos da raça Simental no Brasil.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001.
- ALBUQUERQUE, L.G.; EL FARO, L. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, p.238-246, 2008.
- BALDI REY, F.S.; ALENCAR, M.M.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim utilizando modelos de dimensão finita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.2409-2417, 2010.
- BALDI REY, F.S.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M. Random regression models on Legendre polynomials to estimate genetic parameters for weights from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.127, p.289-299, 2010.
- BITTENCOURT, T.C.C.; ROCHA, J.C.M.C.; LOBO, R.B. et al. Estimação de componentes de (co)variâncias e predição de DEP's para características de crescimento pós-desmama de bovinos da raça Nelore, usando diferentes modelos estatísticos. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, vol.54, p.303-308, 2002.
- BOLIGON, A.A.; MERCADANTE, M.E.Z.; BALDI REY, F.S. et al. Multi-trait and random regression mature weight heritability and breeding value estimates in Nelore cattle. **South African Journal of Animal Science**, v.39, p.145-148, 2009.
- BOLIGON, A.A.; MERCADANTE, M.E.Z.; FORNI, S. et al. Covariance functions for body weight from birth to maturity in Nellore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 2010.
- DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H. et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.1915-1925, 2006.
- HENDERSON Jr., C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v.38, p.623-640, 1982.
- IWAISAKI, H.; TSURUTA, S.; MISZTAL, I. et al. Genetic parameters estimated with multi-trait 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. 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, CDROM, 2002.
- LAIRD, N.M.; WARE, J.H. Random effects models for longitudinal data. **Biometrics**, v.38, p.963-974, 1982.
- LEGARRA, A.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Construting covariance functions for random regression models for growth in Gelbvieh beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.1564-1571, 2004.
- KREJCOVÁ, H.; MIELENZ N.; PRIBYL J. et al. Estimation of Genetic Parameters for Daily Gains of Bulls with Multi-Trait and Random Regression Models. **Archiv Tierzucht**, v.50, p.37-46, 2007.
- MANIATIS, N.; POLLOTT, G.E. The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. **Journal of Animal Science**, v.81, p.101-108, 2003.
- MARQUES, L.F.A.; OLIVEIRA, H.N.; PEREIRA, J.C.C. et al. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de crescimento da raça Simental no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.51, p.363-370, 1999.
- MARQUES, L.F.A.; PEREIRA, J.C.C.; OLIVEIRA, H.N. et al. Análise de característica de crescimento da raça Simental. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**,v.52, p. 527-533, 2000.
- MARQUES, L.F.A.; OLIVEIRA, H.N.; PEREIRA, J.C.C. et al. Análises uni e bicarâter em características de crescimento da raça Simental. **Revista Brasileira de Ciência Veterinária**, v.8, p.69-72, 2001.
- MENEZES, G.R.O. **Uso de polinômios segmentados na modelagem de dados longitudinais de ponderal em bovinos da raça tabapuã**. Viçosa, UFV, 2010. 99p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2010.
- 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 weaning weight of beef cattle fitting a regression on maternal phenotype. **Livestock Production Science**, v.52, p.187-199, 1997.
- 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. 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. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. **Journal Zhejiang University SCIENCE B**, v.8, p.815–821, 2007.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003.
- NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N.; SILVA L.O.C. Genetic evaluation for large data sets by random regression models in Nellore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.61, p.959-967, 2009.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrics**, v.58, p.545-554, 1971.
- PELICIONI, L.C.; QUEIROZ S.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de Parâmetros Genéticos para Pesos ao Nascer e Mensais até 450 dias em Bovinos Guzerá. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.11, p.34-39, 2003.
- SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; QUAAS, R.L. et al. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.864-874, 2003.
- SÁNCHEZ, J.P.; MISZTAL, I.; AGUILAR, I. et al. Genetic evaluation of growth in a multibreed beef cattle population using random regression-linear spline models. **Journal of Animal Science**, v.86, p.267-277, 2008.
- SARMENTO, J.L.R.; PIMENTA FILHO, E.; RIBEIRO, M.N. et al. Efeitos ambientais e genéticos sobre o ganho em peso diário de bovinos nelore no estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.325-330, 2003.
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H. et al. Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterísticas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, p.581/4-589, 2006.
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; PEREIRA, C.S. et al. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, p.68/1-77, 2006.
- SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; LOBO, R.N.B. et al. Modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de ovinos da

raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.1723-1732, 2010.

SAS Institute Inc. **SAS/STAT® 9.0 User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc, 2004.

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

TANAKA, A.L.R.; CARVALHEIRO, R.; FRIES, L.A. et al. Comparação de critérios de seleção para precocidade de crescimento em bovinos da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.284-291, 2009.

Capítulo 2

EFEITO DA INCLUSÃO DE ANIMAIS ORIUNDOS DA TÉCNICA DE TRANSFERÊNCIA DE EMBRIÕES, NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA SIMENTAL, UTILIZANDO MODELOS MULTICARACTERÍSTICOS

Resumo: Dados de pesos de bovinos da raça Simental, cedidos pela Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS), foram utilizados na avaliação genética do crescimento, mediante inclusão ou não, de animais oriundos da técnica de transferência de embriões (TE). Um modelo multicaracterístico, com exclusão de indivíduos de TE (MMC1), continha 29.510 registros de 10.659 animais, e outro modelo multicaracterístico, sem exclusão de indivíduos de TE (MMC2), continha 62.895 registros de pesos de 23.160 animais. Os registros de pesos foram ajustados para as idades aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade. Os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). Com exceção da variância de ambiente permanente materno, os componentes de (co)variância foram equivalentes nos dois modelos. As herdabilidades diretas (h^2_d) em MMC1 foram 0,04, 0,11, 0,20, 0,27, 0,31, 0,42, e, em MMC2 foram 0,11, 0,11, 0,17, 0,21, 0,22, e 0,26, respectivamente, para as idades aos 100, 205, 365, 450, 550 e 730 dias. As estimativas de h^2_d para MMC1 foram ligeiramente superiores às encontradas em MMC2, a partir do peso aos 365 dias de idade. As correlações genéticas aditivas diretas entre os pesos, em ambos os modelos, foram de moderadas a altas, indicando que as características devem ser determinadas, em parte, pelos mesmos genes. Os animais oriundos da técnica de transferência de embriões podem ser incluídos na avaliação genética de bovinos da raça Simental, no Brasil, resultando em potencial ganho em acurácia nas avaliações e maiores ganhos genéticos, em razão da diminuição do intervalo de gerações, pelo uso desta técnica reprodutiva.

Palavras-chave: avaliação genética, componentes de (co)variância, herdabilidade, peso corporal.

Chapter 2

EFFECT OF INCLUSION OF ANIMALS FROM EMBRYO TRANSFER TECHNIQUE IN GENETIC EVALUATION OF GROWTH USING MULTI-TRAIT MODELS IN SIMMENTAL BEEF CATTLE

Abstract: Weight records from Simmental beef cattle provided by the Associação Brasileira dos Criadores das Raças Simental e Simbrasil (Brazilian Association of Farmers of the Simmental and Simbrasil Breeds) (ABCRSS) were used in genetic evaluation of growth by with or without inclusion of animals from the embryo transfer technique (ET). A multi-trait model excluding individual from ET (MTM1) contained 29,510 records of 10,659 animals, and another multi-trait model without exclusion of these animals (MTM2) contained 62,895 weight records of 23,160 animals. The weight records were adjusted for constant ages at 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) and 730 (P730) days old. The (co)variance components and genetic parameters were estimated by restrict maximum likelihood (REML). Excepting the maternal permanent environment variance, the (co)variance components were similar in both models. The direct heritabilities (h^2_d) in MTM1 were 0.04, 0.11, 0.20, 0.27, 0.31, 0.42, and in MTM2 were 0.11, 0.11, 0.17, 0.21, 0.22 and 0.26, respectively, for ages at 100, 205, 365, 450, 550 and 730 days. The estimates of h^2_d for MTM1 were higher than in MTM2 beginning from the weight at 365 days old. The direct additive genetic correlations between weights in both models were from moderate to high, indicating that these traits can be determined mainly by the same genes. The animals from the technique of embryo transfer may be included in genetic evaluation of Simmental beef cattle in Brazil, resulting in potential accuracy gains in genetic evaluations and more genetic gains because of the reduction of the generation interval by the use of this reproductive technique.

Keywords: body weight, (co)variance components, genetic evaluation, heritability.

INTRODUÇÃO

Na bovinocultura de corte, as mães exercem maior influência, em relação aos pais, no fenótipo dos descendentes. Além da contribuição genética, as fêmeas de mamíferos contribuem com o ambiente materno proporcionado à prole. Essa influência do ambiente materno, sobre o fenótipo dos animais, recebe o nome de efeito materno e pode ser definido, segundo Hohenboken (1983), como qualquer contribuição, impacto ou influência no fenótipo de um indivíduo, atribuível diretamente ao fenótipo de sua mãe.

A eficácia de um programa de melhoramento depende da acurácia da avaliação genética à qual os indivíduos são submetidos. Para tal, torna-se necessário o desenvolvimento de modelos mais adequados para a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos mais confiáveis, com o objetivo de classificar os melhores indivíduos e quantificar sua contribuição para o ganho genético. Portanto, para estimação de componentes de (co)variância mais confiáveis e obtenção de melhores respostas à seleção, é imprescindível que se considere a produção e a genealogia das fêmeas, e que cada efeito seja devidamente estimado (efeito genético aditivo direto, efeito genético aditivo materno e efeito de ambiente permanente materno) (Pires & Lopes, 2001).

A taxa reprodutiva dos bovinos de corte pode ser acrescida ao uso de biotecnologias reprodutivas que, aliadas ao melhoramento genético, podem acelerar as mudanças genéticas nos rebanhos (Bilhassi et al., 2010). Entre estas técnicas, está a técnica de transferência de embriões (TE) que, quando adotada nos rebanhos bovinos e aliadas à inseminação artificial e às técnicas de genética quantitativa, permitem ganhos genéticos em grande escala, nos programas de melhoramento animal.

A seleção torna-se mais rápida e acurada, em razão do aumento da intensidade de seleção e da redução do intervalo de gerações de fêmeas, pela obtenção de várias crias por fêmea (Costa e Silva, 2004). Souza (2008), ao trabalhar com dados simulados, reportou que ao longo de 42 anos, enquanto a metodologia tradicional continha apenas seis gerações, a metodologia que inclui os animais oriundos de TE, continha 14. Contudo, a inclusão dessa técnica gera um problema na avaliação genética dos indivíduos, em razão de não permitir a estimação dos efeitos maternos da mãe biológica (genéticos

aditivos e de ambiente permanente), uma vez que a prole é criada por uma mãe receptora e não pela mãe biológica.

A abordagem geralmente empregada é a exclusão dos animais oriundos da técnica de transferência de embriões das avaliações genéticas em características, para as quais o efeito materno possa ser importante. Isto ocorre devido ao efeito de ambiente permanente materno ser proporcionado pela mãe receptora e não pela biológica. Além disso, na maioria das vezes as progênes de uma mesma fêmea biológica são criadas por receptoras diferentes. Entretanto, a exclusão desses animais pode provocar diminuição da precisão das estimativas de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, e das predições de valores genéticos.

Uma alternativa à abordagem supracitada seria a inclusão da genealogia da mãe biológica, para o efeito genético aditivo materno nas análises, o que poderia, de modo geral, fazer com que se tenham estimativas de componentes de (co)variância mais precisos e, simultaneamente, a exclusão da genealogia da mãe biológica, para o efeito de ambiente permanente materno - pelo fato de que as receptoras são as que proporcionam tal efeito e, normalmente, estas não são da raça Simental. Esta metodologia inclui as receptoras, como efeitos aleatórios no modelo; todavia, estas são consideradas sem genealogia conhecida e sem parentesco com os animais presentes no vetor de soluções, para os efeitos genético aditivo direto e genético aditivo materno. Além disso, considera-se que cada progênie é oriunda de uma receptora diferente, ou seja, mesmo que uma receptora tenha mais de uma progênie, cada progênie é considerada como se as mães receptoras fossem diferentes (Van Vleck, 1990).

Bilhassi et al. (2010), ao trabalharem com bovinos da raça Simental utilizando modelos multicaracterísticos, para pesos aos 100 e 120 dias, verificaram que maiores valores de herdabilidade direta foram obtidos por modelos que incluíam animais oriundos da técnica de transferência de embriões, e concluíram que a inclusão desses animais possibilita maiores ganhos genéticos, em um programa de melhoramento genético.

Tendo em vista que a inclusão de animais oriundos de transferência de embriões pode acarretar maiores ganhos genéticos e que trabalhos na literatura utilizando essa abordagem são escassos, objetivou-se, no presente trabalho, avaliar o efeito da inclusão de animais oriundos da técnica de

transferência de embriões na avaliação genética, utilizando-se modelos multicaracterísticos.

MATERIAL E MÉTODOS

O banco de dados analisado neste estudo refere-se a pesos de bovinos da raça Simental, provenientes de 485 fazendas e cedidos pela Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS), localizada no município de Cachoeiro de Itapemirim, Espírito Santo. Foram utilizados registros de peso do 60º ao 819º dia de idade, de animais nascidos entre 1974 e 2006.

Dois arquivos de dados foram preparados para as análises, utilizando-se modelos multicaracterísticos (MMC). No primeiro arquivo (MMC1), os animais oriundos da técnica de transferência de embriões foram excluídos; o segundo arquivo (MMC2) inclui esses indivíduos e adota a metodologia proposta por Van Vleck (1990), que inclui a genealogia da mãe biológica para a estimação do efeito genético aditivo materno e, simultaneamente, inclui as receptoras sem genealogia conhecida e sem parentesco com os animais presentes no vetor de soluções, para os efeitos genético aditivo direto e genético aditivo materno, para a estimação do efeito de ambiente permanente materno.

Filhos de vacas cujas idades ao parto eram inferiores a 700 e superiores a 2340 dias foram excluídos das análises. Foram considerados nas análises, como efeito fixo, o grupo de contemporâneos definidos por animais do mesmo sexo, ano, estação (1 = janeiro a março, 2 = abril a junho, 3 = julho a setembro, 4 = outubro a dezembro) e fazenda de nascimento, além de classes de idade da vaca ao parto em dias (classe 1, de 700 a 1.109; classe 2, de 1.110 a 1.519; classe 3, de 1.520 a 1.919 e classe 4, de 1.920 a 2.340), como covariável nos efeitos linear e quadrático e como efeitos aleatórios, os efeitos genético aditivo direto, aditivo materno e ambiente permanente materno. Grupos de contemporâneos com menos de três observações foram excluídos das análises.

Os arquivos de dados construídos para as análises foram compostos por pesos ajustados para as idades, aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade, sendo que foram aproveitadas para o cálculo de P100, P205, P365, P450, P550 e P730, respectivamente, as pesagens realizadas entre 60 e 149, 150 e 299, 300 e 419 e, 420 e 499, 500 e 619, 620 e 819 dias de idade.

Os pesos foram ajustados pela expressão:

$P_{Pi} = P_j + [(P_i - P_j) / (D_i)] (l_i)$, em que:

P_{Pi} = peso padronizado para a idade i ;

P_i = peso observado próximo à idade padrão l_i ;

P_j = peso anterior observado ao peso P_i ;

l_i = idade padrão, [$i=1$ (100 dias),..., 6 (730 dias)];

D_i = idade em dias, quando da observação de P_i .

Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos - mais ou menos três desvios-padrão. Após as restrições, o MMC1 ficou composto por 29.510 registros de 10.659 animais, filhos de 1.289 touros e 7.332 vacas e o MMC2, por 62.895 registros de 23.160 animais, filhos de 1.558 touros e 9.699 vacas. As estatísticas descritivas do MMC1 e MMC2 estão demonstradas respectivamente, nas Tabelas 1 e 2. Na Tabela 3 está apresentada a estrutura dos arquivos MMC1 e MMC2, com relação ao número de registros por animal.

A matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright utilizada nas análises, continha 41.904 animais.

Tabela 1 Descrição dos pesos pré-ajustados aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade, do arquivo MMC1

Pesos	N	Touros	Vacas	GC	Média (Kg)	DP (Kg)	CV (%)	Min (Kg)	Max (Kg)
P(100)	6.236	975	4.606	1.192	130,76	40,26	30,79	49,10	319,55
P(205)	7.938	1.119	5.740	1.389	222,56	60,38	27,13	88,84	446,72
P(365)	6.070	961	4.504	1.208	338,47	83,77	24,75	156,63	639,57
P(450)	3.666	738	3.458	960	380,5	90,34	23,74	177,26	678,12
P(550)	3.468	693	2.790	902	441,1	104,51	23,69	196,5	793,17
P(730)	2.132	505	1.815	636	562,72	141,59	25,16	238,05	1.108,52

Número de observações (N), touros, vacas, grupos de contemporâneos (GC), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valor mínimo (Min) e valor máximo (Max).

Tabela 2 Descrição dos pesos pré-ajustados aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade, do arquivo MMC2

Pesos	N	Touros	Vacas	GC	Média (Kg)	DP (Kg)	CV (%)	Min (Kg)	Max (Kg)
P(100)	13.102	1.197	6.247	2.029	130,46	38,72	29,68	46,41	319,55
P(205)	16.585	1.352	7.652	2.380	224,13	57,64	25,72	83,74	454,20
P(365)	13.090	1.173	6.155	2.099	341,08	79,58	23,33	154,50	641,11
P(450)	7.930	917	4.260	1.657	383,02	85,10	22,22	177,26	678,12
P(550)	7.551	859	4.037	1.557	447,27	100,10	22,38	193,56	815,77
P(730)	4.637	653	2.746	1.125	566,36	133,49	23,57	238,05	1.108,52

Número de observações (N), touros, vacas, grupos de contemporâneos (GC), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valor mínimo (Min) e valor máximo (Max).

Tabela 3 Número de registros por animal dos arquivos MMC1 e MMC2

Análise de dados	MMC1	MMC1	MMC2	MMC2
Registros	Número de animais	Porcentagem (%)	Número de animais	Porcentagem (%)
Total	10.659	100	23.160	100
Animais com 1 registro	2.915	27,35	6.473	27,95
Animais com 2 registros	2.401	22,53	5.433	23,46
Animais com 3 registros	1.938	18,18	4.352	18,79
Animais com 4 registros	1.624	15,23	3.243	14,00
Animais com 5 registros	1.203	11,29	2.426	10,48
Animais com 6 registros	578	5,42	1.233	5,32

A organização e a análise de consistência dos dados foram realizadas utilizando o *software* SAS e a estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram feitos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) - desenvolvido por Patterson & Thompson (1971), e obtidos pela utilização do programa WOMBAT, desenvolvido por Meyer (2007), que utiliza os algoritmos AI, EM, DF e PX-EM. Foram consideradas as *prioris* do *default* do programa, como critério de convergência.

O WOMBAT pode ser definido como um programa que utiliza um particular algoritmo, para se encontrar o máximo da função de verossimilhança e, por padrão, o WOMBAT inicia as análises com o algoritmo AI, que propõe um aumento no ln de verossimilhança, a cada iteração, podendo utilizar

algumas iterações com o algoritmo PX-EM, para facilitar a convergência. Contudo, o programa oferece opções de se utilizar os algoritmos de diferentes maneiras.

Modelo Multicaracterístico

As características foram avaliadas de duas a duas, ou seja, $n = \frac{p(p-1)}{2}$ análises bicaracterísticas foram realizadas, em que: n é o número de análises realizadas e p é o número de características, totalizando 15 (quinze) combinações (P100-P205, P100-P365, P100-P450, P100-P550, P100-P730, P205-P365, P205-P450, P205-P550, P205-P730, P365-P450, P365-P550, P365-P730, P450-P550, P450-P730, P550-P730) na estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos do presente estudo.

O modelo animal, com seis características de acompanhamento ponderal (peso aos 100, 205, 365, 450, 550 e 730 dias de idade), pode ser descrito, matricialmente, da seguinte forma:

$$y = X\beta + Z_1d + Z_2m + Z_3mp + e$$

em que:

y = vetor de observações;

β = vetor de efeitos fixos;

d = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

m = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos;

mp = vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno;

X = matriz de incidência dos efeitos fixos;

Z₁, Z₂ e Z₃ = matrizes de incidência respectivamente aos efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno e de ambiente permanente materno;

e = vetor de efeitos aleatórios residuais.

As seguintes pressuposições foram assumidas:

$$E \begin{bmatrix} y \\ d \\ m \\ mp \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} e V \begin{bmatrix} d \\ m \\ mp \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \otimes G_d & 0 & 0 & 0 \\ 0 & A \otimes G_m & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_v \otimes Q & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_n \otimes R \end{bmatrix}$$

em que:

G_d = matriz de (co)variâncias de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

G_m = matriz de (co)variâncias de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos;

Q = matriz de (co)variâncias de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno;

R = matriz de (co)variâncias de efeitos aleatórios residuais;

A = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright;

I_v = matriz identidade cuja ordem é o número de mães;

I_n = matriz identidade cuja ordem é o número de observações;

\otimes = operador produto de Kronecker.

A covariância entre os efeitos genético aditivo direto e genético aditivo materno foi assumida como igual a zero.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Verifica-se, na Figura 1, que as variâncias genéticas diretas (σ^2_d) para os dois modelos (MMC1 e MMC2) apresentaram comportamento equivalente e crescente, ao longo da trajetória de crescimento. Todavia, pôde ser observado que as estimativas para MMC2 foram, de maneira geral, inferiores às de MMC1, ou seja, a inclusão de animais oriundos de TE reduziu as variâncias genéticas aditivas. Bilhassi et al. (2010), ao trabalharem com animais da raça Simental, obtiveram resultados divergentes aos apresentados neste estudo, para as estimativas de variâncias genéticas aditivas.

As estimativas de variâncias genéticas maternas (σ^2_m) apresentaram comportamento similar e superiores para MMC2, em relação à MMC1 (Figura 1). Essas estimativas foram crescentes até os 205 dias, decaíram dos 205 aos 365, havendo, posteriormente, um novo crescimento, dos 365 aos 450 e nova queda, dos 450 aos 550 dias e, finalmente, um crescimento mais acentuado a partir desta idade, principalmente em MMC2. Estimativas de σ^2_m crescentes até à desmama são esperadas, por constituir o momento da vida do indivíduo em que este tem maior influência materna. Menezes (2010) e Sousa Jr. et al. (2010) relataram um mesmo comportamento da variância genética materna, em bovinos da raça Tabapuã.

O comportamento das variâncias de ambiente permanente materno (σ^2_{mp}) foi divergente em alguns intervalos, ao longo da curva de crescimento, nos modelos MMC1 e MMC2 (Figura 1). No MMC1, este comportamento foi ascendente em todos os pontos da curva de crescimento, enquanto no MMC2, o comportamento foi crescente, até os 365 dias, houve uma queda dos 365 aos 450 dias, nova ascendência dos 450 aos 550 e novo declínio, a partir dos 550 dias. Bilhassi et al. (2010) observaram comportamento divergente para os componentes relacionados ao ambiente permanente materno.

Essa diferença pode ser explicada, possivelmente, pela diferença média de filhos, por vaca, entre as idades do mesmo modelo. Em MMC2, a média de filhos, por vaca, foi de 2,3. Nas idades P450, P550 e P730, em que foi observada uma oscilação da variância de ambiente permanente materno, essa média foi de magnitude inferior e pode ter causado influência nas estimativas.

Em relação às estimativas de variância residual (σ_e^2) não foram observados comportamentos divergentes entre MMC1 e MMC2, sendo estes, crescentes ao longo da curva. É provável que isto tenha acontecido pela diminuição do número de registros em idades mais avançadas, causando incremento no resíduo e efeito escala.

Quanto ao comportamento da variância fenotípica (σ_f^2), esta foi similar e crescente para os dois modelos e estão de acordo com os resultados reportados por Marques et al. (1999), Baldi Rey et al. (2010), Menezes (2010) e Boligon et al. (2010), que trabalharam com diferentes raças de bovinos de corte, comprovando comportamento linear da variância fenotípica.

As herdabilidades diretas (h_d^2) variaram de 0,04 a 0,42, em MMC1, e de 0,11 a 0,26, em MMC2, e foram, de modo geral, similares e de média magnitude. Todavia, nas idades mais avançadas, as estimativas foram superiores para o modelo MMC1 em relação à MMC2 (Tabela 5). Estes resultados são semelhantes àqueles encontrados por Marques et al. (2000) que ao trabalharem com animais desta mesma raça, com modelo similar ao MMC1, nas idades P100, P205, P365 e P550 encontraram valores de herdabilidades direta, respectivamente, iguais a 0,08, 0,13, 0,19 e 0,24.

A similaridade nos valores encontrados em MMC1 e MMC2 pode indicar que a inclusão de animais de transferência de embriões possibilita ganhos genéticos congruentes em um programa de melhoramento, ou até mesmo superiores, principalmente pelo incremento na acurácia de seleção das fêmeas e animais jovens.

Em relação às estimativas de herdabilidades maternas (h_m^2), estas também foram similares nos dois modelos, porém de baixa magnitude com valores de zero (0) a 0,06 e concordantes com os resultados de Marques et al. (2000), que obtiveram estimativas de h_m^2 variando de zero (0) a 0,05. Porém, ao contrário do que ocorreu com h_d^2 , as estimativas de h_m^2 para MMC1 foram ligeiramente inferiores às obtidas por MMC2. Possivelmente, os menores valores de herdabilidades maternas para MMC1 estão associados com maiores valores de herdabilidades diretas, em razão de diferenças na partição das variâncias genéticas aditivas diretas e maternas, para pesos dos 100 dias à idade adulta.

No caso do ambiente permanente materno (mp^2), as proporções das variâncias foram semelhantes tanto em MMC1 quanto MMC2, indicando que, apesar das receptoras serem de outra composição genética, não parece haver diferença na variação entre os dois grupos. Bilhassi et al. (2010), em estudo semelhante, encontraram valores de mp^2 próximos, em ambos os modelos, tanto no que excluía quanto no que incluía os animais oriundos da técnica de TE.

Diferenças também não foram encontradas entre as estimativas de variância residual (ec^2), como proporção da variância fenotípica, para MMC1 e MMC2. Este mesmo comportamento indica que a inclusão de animais, oriundos de TE pode ser feita, e potenciais ganhos em acurácia podem ser almejados, desde que metodologias adequadas sejam utilizadas.

As correlações genéticas diretas entre os pesos, em ambas as abordagens utilizadas, foram de moderadas a altas, revelando que as características são determinadas, em parte, pelos mesmos genes e que a seleção para uma destas características trará resposta favorável nas demais, ou seja, ganhos genéticos podem ser obtidos, em determinada idade, fazendo-se seleção em outra (Tabela 6). Estes resultados são de magnitudes similares aos encontrados por Dib et al. (2008), que ao trabalharem com diversos pesos reportaram valores de 0,84 à unidade, na raça Simental. Além disso, 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 dos animais à idade adulta.

As correlações residuais entre MMC1 e MMC2 também foram semelhantes, porém de magnitude inferior quando comparadas às correlações genéticas aditivas diretas. Esses valores estão coerentes aos encontrados para a raça Simental na literatura (Marques et al., 2000; Dib et al., 2008; Bilhassi et al., 2010).

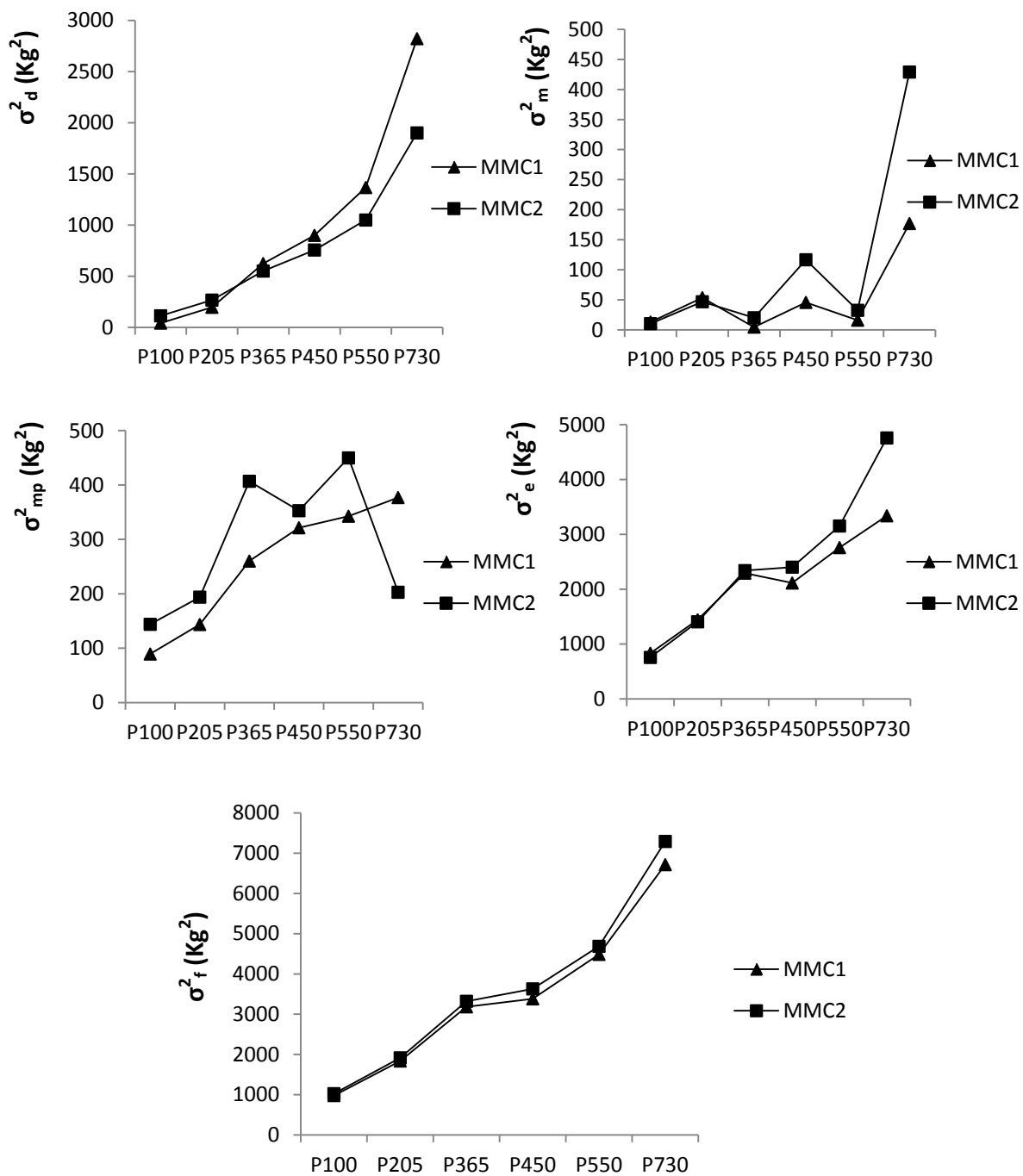


Figura 1 Médias das estimativas das variâncias genética aditiva direta (σ^2_d), genética aditiva materna (σ^2_m), de ambiente permanente materno (σ^2_{mp}), residual (σ^2_e) e fenotípica (σ^2_p) dos arquivos MMC1 (\blacktriangle) e MMC2 (\blacksquare), para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade.

Tabela 5 Estimativas de herdabilidades direta (h^2_d) e materna (h^2_m) e proporção da variância de ambiente permanente materno (mp^2) e residual (ec^2), em relação à variância fenotípica total, obtidas para os arquivos MMC1 e MMC2 (entre parênteses), para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade

Pesos	$h^2_d^*$	$h^2_m^*$	mp^2^*	ec^2^*
P100	0,04 (0,11)	0,01 (0,01)	0,09 (0,14)	0,85 (0,74)
P205	0,11 (0,11)	0,01 (0,02)	0,08 (0,10)	0,81 (0,76)
P365	0,20 (0,17)	0,00 (0,01)	0,08 (0,12)	0,72 (0,71)
P450	0,27 (0,21)	0,01 (0,03)	0,10 (0,10)	0,62 (0,66)
P550	0,31 (0,22)	0,00 (0,01)	0,08 (0,10)	0,61 (0,67)
P730	0,42 (0,26)	0,03 (0,06)	0,06 (0,03)	0,50 (0,65)

* Média das análises bicaracterísticas para MMC1 e MMC2 (entre parênteses).

Tabela 6 Estimativas de correlações genéticas diretas (acima da diagonal) e residuais (abaixo da diagonal) obtidas dos arquivos MMC1 e MMC2 (entre parênteses), para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade

Pesos	P100	P205	P365	P450	P550	P730
P100	-	0,99 (0,82)	0,92 (0,69)	0,66 (0,59)	1,00 (0,75)	0,82 (0,71)
P205	0,63 (0,66)	-	0,99 (0,92)	1,00 (0,86)	0,96 (0,87)	1,00 (0,76)
P365	0,21 (0,29)	0,41 (0,49)	-	0,94 (0,98)	0,93 (0,95)	0,83 (0,80)
P450	0,35 (0,39)	0,39 (0,47)	0,90 (0,90)	-	0,98 (0,97)	0,92 (0,88)
P550	0,16 (0,29)	0,32 (0,41)	0,76 (0,77)	0,87 (0,89)	-	1,00 (0,95)
P730	0,06 (0,18)	0,24 (0,35)	0,53 (0,59)	0,65 (0,72)	0,62 (0,74)	-

A tabela 7 apresenta as estimativas de correlações genéticas maternas e de ambiente permanente materno. As correlações genéticas maternas foram, em geral, de alta magnitude para MMC1 e de média a alta magnitude para MMC2. Entretanto, essas correlações são contrastantes em algumas idades, onde se pôde observar estimativas negativas para MMC1. Esses resultados estão divergentes daqueles encontrados por Menezes (2010) que obteve correlações altas e positivas em bovinos Tabapuã.

Por outro lado, as estimativas de correlações de ambiente permanente materno foram positivas, exceção feita àquela entre P100 e P730, que foi de (-

0,16) em MMC2, com valores de moderada a alta magnitude e ligeiramente superiores em MMC1 (Tabela 7). Valores de média a alta magnitude indicam que os efeitos gerados pelo meio proporcionado pela mãe, durante a fase pré-desmama, é de fundamental importância ao longo da vida do animal, o que reafirma a necessidade de vacas com boa habilidade materna, para o sucesso de um sistema de produção, em bovinos de corte (Menezes, 2010).

As correlações fenotípicas estimadas entre as idades P100, P205, P365, P450, P550 e P730 tanto em MMC1 quanto em MMC2 foram de média magnitude e maiores em idades mais próximas (Tabela 8). Estes resultados se assemelham aos reportados por Marques et al. (2000), que encontraram correlações fenotípicas de 0,31 a 0,74.

Tabela 7 Estimativas de correlações genéticas maternas (acima da diagonal) e de ambiente permanente materno (abaixo da diagonal) obtidas dos arquivos MMC1 e MMC2 (entre parênteses), para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade

Pesos	P100	P205	P365	P450	P550	P730
P100	-	1,00 (1,00)	1,00 (1,00)	1,00 (1,00)	-1,00 (0,48)	-1,00 (0,96)
P205	1,00 (0,75)	-	-1,00 (1,00)	-0,19 (0,69)	-1,00 (0,64)	-0,96 (0,65)
P365	0,88 (0,44)	0,89 (0,57)	-	0,08 (1,00)	1,00 (1,00)	-1,00 (0,99)
P450	0,69 (0,54)	0,67 (0,96)	1,00 (0,97)	-	1,00 (1,00)	-1,00 (0,79)
P550	0,82 (0,46)	1,00 (0,53)	0,85 (0,86)	1,00 (0,98)	-	0,99 (0,40)
P730	1,00 (-0,16)	1,00 (0,54)	1,00 (0,97)	1,00 (1,00)	1,00 (1,00)	-

Tabela 8 Estimativas de correlações fenotípicas obtidas dos arquivos MMC1 (acima da diagonal) e MMC2 (abaixo da diagonal), para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade

Pesos	P100	P205	P365	P450	P550	P730
P100	-	0,69	0,34	0,42	0,30	0,19
P205	0,69	-	0,53	0,53	0,46	0,4
P365	0,37	0,57	-	0,91	0,81	0,61
P450	0,44	0,56	0,92	-	0,91	0,74
P550	0,33	0,51	0,81	0,92	-	0,81
P730	0,27	0,44	0,64	0,76	0,81	-

CONCLUSÕES

A inclusão de animais, oriundos da técnica de transferência de embriões, no processo de avaliação genética pode ser realizada por meio da utilização de modelos de características múltiplas.

Os animais oriundos da técnica de transferência de embriões podem ser incluídos na avaliação genética de bovinos da raça Simental, no Brasil, resultando em potenciais ganhos em acurácia nas avaliações e maiores ganhos genéticos, em razão da diminuição do intervalo de gerações, pelo uso desta técnica reprodutiva.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BALDI REY, F.S.; ALENCAR, M.M.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim utilizando modelos de dimensão finita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 2409-2417, 2010.
- BILHASSI T.B.; NETO F.R.A.; DIAZ I.D.P. et al. Efeito da inclusão de animais provindos de transferência de embriões na avaliação genética de medidas ponderais na raça Simental. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8., 2010. Maringá - PR. **Anais...** Maringá - PR, 2010.
- BOLIGON, A.A.; MERCADANTE, M.E.Z.; FORNI, S. et al. Covariance functions for body weight from birth to maturity in Nellore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 2010.
- COSTA, P.A.; SILVA, F.M. Segurança sanitária em transferência de embriões: revisão bibliográfica. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v.28, p.253-258, 2004.
- DIB, M.G.; ARAÚJO NETO, F.R.; MARQUES, L.F.A. et al. Inferência Bayesiana na estimação de parâmetros genéticos e componentes de (co)variância para características de desenvolvimento ponderal da raça Simental. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008. São Carlos – SP. **Anais...** São Carlos, 2008.
- HOHENBOKEN, W.D. Maternal effects. In: Hohenboken, W.D. (ed.) general and quantitative genetics. Amsterdam, **Elsevier Science**, 1985. p.135-49.
- MARQUES, L.F.A.; OLIVEIRA, H.N.; PEREIRA, J.C.C. et al. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de crescimento da raça Simental no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 51, p.363-370, 1999.
- MARQUES, L.F.A.; PEREIRA, J.C.C.; OLIVEIRA, H.N. et al. Análise de característica de crescimento da raça Simental. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.52, p. 527-533, 2000.
- MENEZES, G.R.O. **Uso de polinômios segmentados na modelagem de dados longitudinais de ponderal em bovinos da raça tabapuã**. Viçosa, UFV, 2010. 99p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2010.
- MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. **Journal Zhejiang University SCIENCE B**, v.8 p.815–821, 2007.

- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrics**, v.58, p.545-554, 1971.
- PIRES, A.V.; LOPES, P.S. Efeito materno em suínos. **Revista Ceres**, v.48, p.115-125, 2001.
- SAS Institute Inc. **SAS/STAT® 9.0 User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc, 2004.
- SOUSA JÚNIOR, S.C.S.; OLIVEIRA, S.M.P.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.1037-1045, 2010.
- SOUZA, G.H. **Avaliação de biotecnologias reprodutivas em programas de melhoramento utilizando simulação de dados**. Viçosa, UFV, 2008. 47p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2008.
- VAN VLECK, L.D. Alternative animal models with maternal effects and foster dams. **Journal Animal Science**, v.68, p.4026-4038, 1990.

Capítulo 3

EFEITO DA INCLUSÃO DE ANIMAIS ORIUNDOS DA TÉCNICA DE TRANSFERÊNCIA DE EMBRIÕES, NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA SIMENTAL, UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Resumo: Dados de pesos de bovinos da raça Simental, cedidos pela Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS), foram utilizados na avaliação genética do crescimento, mediante inclusão ou não, de animais oriundos da técnica de transferência de embriões (TE). Um modelo de regressão aleatória, com exclusão de indivíduos de TE (MRA1), continha 29.510 registros de pesos de 10.659 animais e outro modelo de regressão aleatória, sem exclusão de indivíduos de TE (MRA2), continha 62.895 registros referentes a 23.160 animais. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). As regressões fixas e aleatórias foram representadas por funções contínuas e o modelo de regressão aleatória de ordem três, para a curva de regressão fixa e para os efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto foi utilizado considerando homogeneidade de variância residual. De modo geral, os componentes de (co)variância foram similares em ambos os modelos (MRA1 e MRA2), com exceção dos componentes de ambiente permanente materno e residual. No MRA1 houve oscilação no início da trajetória observada para o componente de ambiente permanente materno. Já, para o componente residual, MRA1 foi maior em relação a MRA2 indicando potencial ganho em acurácia em MRA2. As herdabilidades diretas em MRA1 e MRA2 apresentaram o mesmo comportamento, com oscilações ao longo da curva de crescimento e foram levemente superiores em MRA1, variando em torno de 0,1 a 0,5, e, em MRA2, variou entre 0,1 e 0,4. Todas as estimativas de correlações, de modo geral, foram de mesma magnitude e, menores, à medida que as idades se distanciaram. Tais resultados sugerem que a inclusão de animais oriundos da técnica de transferência de embriões, no processo de avaliação genética, pode

ser feita utilizando-se modelos de regressão aleatória, visto que a inclusão destes animais proporcionaria potencial ganho em acurácia e maiores ganhos genéticos por unidade de tempo, em razão da redução do intervalo de gerações, obtido pelo uso desta técnica reprodutiva.

Palavras-chave: avaliação genética, componentes de (co)variância, herdabilidade, peso corporal.

Chapter 3

EFFECT OF INCLUSION OF ANIMALS FROM EMBRYO TRANSFER TECHNIQUE IN GENETIC EVALUATION OF GROWTH USING RANDOM REGRESSION MODELS IN SIMMENTAL BEEF CATTLE

Abstract: Weight records from Simmental beef cattle provided by the Associação Brasileira dos Criadores das Raças Simental e Simbrasil (Brazilian Association of the Farmers of the Simmental and Simbrasil Breeds) (ABCRSS) were used in genetic evaluation of growth by with or without inclusion of animals from the technique of embryo transfer (ET). A random regression model excluding individual from ET (RRM1) contained 29,510 weight records of 10,659 animals, and another random regression model without exclusion of these animals (RRM2) contained 62,895 weight records of 23,160 animals. (Co)variance components and genetic parameters were estimated by restricted maximum likelihood (REML). The fixed and random regressions were represented by continuous functions and a model with order three for the fixed curve and random effects (direct additive genetic, maternal additive genetic, maternal permanent environment and direct permanent environment) was used considering homogeneity residual variance. In general, the components of (co)variance were similar in both models, excepting the maternal permanent environment and residual components. In RRM1 an oscillation was observed at the beginning of the trajectory for the maternal permanent environment component. For the residual component, RRM1 was bigger than RRM2, indicating potential accuracy gains in RRM2. The direct heritabilities in RRM1 and RRM2 showed the same behavior with oscillations along the growth curve and were slightly higher in RRM1, ranging around 0.1 to 0.5, and in RRM2 ranged among 0.1 and 0.4. Generally, the estimated correlations were the same and smaller as the ages have distanced themselves. These results suggest that the inclusion of animals from the technique of embryo transfer in the process of genetic evaluation can be done using random regression models, inasmuch the inclusion of these animals would provide potential accuracy gains and greater genetic gains per unit time because of the reduction of the generation interval by the use of this reproductive technique.

Keywords: body weight, (co)variance components, genetic evaluation, heritability.

INTRODUÇÃO

Nas últimas décadas, o uso da técnica de transferência de embriões (TE) em animais de produção proporcionou enorme progresso científico, sobretudo, na espécie bovina, como uma das biotecnologias da reprodução empregadas (De Bem et al., 1995). Tal técnica, aliada ao melhoramento genético, pode acelerar as mudanças genéticas nos rebanhos (Bilhassi et al., 2010).

O melhoramento animal passa, de modo geral, pela troca ou importação de outras localidades, países ou continentes, de material genético. Essa troca envolve elevados custos nos transportes e grande risco na transmissão de doenças, podendo estes fatores serem reduzidos ou eliminados, pelo transporte de embriões frescos, refrigerados ou congelados (Dobrinisky, 2001).

A TE, aliada às técnicas de genética quantitativa, oferece uma série de vantagens para a seleção zootécnica, com conseqüente reflexo sobre a produção animal, possibilitando a seleção de mães de touros para inseminação, aumento do número de descendentes de animais superiores geneticamente, redução do intervalo de gerações, aumento da velocidade do melhoramento (Andrade et al., 2002) e da acurácia das estimativas de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos.

Bilhassi et al. (2010) ao trabalharem com bovinos da raça Simental, utilizando modelos multicaracterísticos para pesos aos 100 e 120 dias, verificaram que maiores valores de herdabilidade direta foram obtidos por modelos que incluíam animais oriundos da técnica de transferência de embriões, e concluíram que a inclusão destes animais no processo de avaliação genética, possibilita maiores ganhos genéticos, em programas de melhoramento genético.

Além disso, os resultados que bovinos da raça Simental vêm alcançando, no Brasil, são significativos. Esses animais, por possuírem ótimo desempenho, fazem com que os criadores solicitem mais trabalhos de pesquisa no âmbito da técnica de transferências de embriões (Demczuk et al., 1998).

Os modelos de regressão aleatória têm sido utilizados como alternativa para modelar características longitudinais, como o crescimento em bovinos de

corde (Meyer, 1998, 2000). A aplicação desses modelos permite estimar parâmetros e prever valores genéticos para qualquer idade desejada - mesmo para idades em que o animal não tenha sido mensurado - e permite a utilização eficiente de toda a informação disponível de cada animal, uma vez 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). Além disso, a utilização de modelos de regressão aleatória permite, também, considerar mudanças na média e variâncias da característica ao longo do tempo, assim como estimar o ponto de maior herdabilidade e conseqüente maior ganho genético por geração.

Aliar a técnica de transferência de embriões ao uso de modelos de regressão aleatória parece ser uma alternativa a ser considerada na avaliação genética dos animais, promovendo, de forma significativa, um avanço no melhoramento animal.

A partir da escassez de trabalhos na literatura que incluam animais oriundos da técnica de transferência de embriões, utilizando-se modelos de regressão aleatória e da real possibilidade de avanço nas avaliações genéticas, este estudo foi desenvolvido com o objetivo de avaliar o efeito da inclusão de animais oriundos da técnica transferência de embriões na avaliação genética, utilizando modelos de regressão aleatória.

MATERIAL E MÉTODOS

O banco de dados analisado neste estudo refere-se a registros de pesos de bovinos da raça Simental, provenientes de 485 fazendas e cedidos pela Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS), localizada no município de Cachoeiro de Itapemirim, Espírito Santo. Foram utilizados registros de peso do 60^o ao 819^o dia de idade, de animais nascidos entre 1974 e 2006.

Dois arquivos de dados foram utilizados para as análises, via modelos de regressão aleatória (MRA). O primeiro arquivo (MRA1) consiste no procedimento adotado, usualmente, nas avaliações genéticas da raça, em que, animais provindos da técnica TE são eliminados. No segundo arquivo (MRA2), esses indivíduos foram incluídos e foi adotada a metodologia proposta por Van Vleck (1990), que inclui a genealogia da mãe biológica para a estimação do efeito genético aditivo materno; e as receptoras, como efeitos aleatórios no modelo, a fim de possibilitar a estimação do efeito de ambiente permanente materno, uma vez que são estas que proporcionam este efeito à prole.

Contudo, essa metodologia considera as receptoras sem genealogia conhecida e sem parentesco com os animais, presentes no vetor de soluções, para os efeitos genético aditivo direto e genético aditivo materno, uma vez que estas receptoras, normalmente, não são da mesma raça que as mães biológicas e não se dispõe, nos registros das associações, de maiores informações sobre estes animais. Além disso, considera-se que cada progênie é oriunda de uma receptora diferente, ou seja, mesmo que uma receptora tenha mais de uma progênie, cada progênie é considerada como se as mães receptoras fossem diferentes.

Filhos de vacas cujas idades ao parto eram inferiores a 700 e superiores a 2340 dias foram excluídos das análises. Foram considerados como efeito fixo, o grupo de contemporâneos definidos por animais do mesmo sexo, ano, estação (1 = janeiro a março, 2 = abril a junho, 3= julho a setembro, 4 = outubro a dezembro) e fazenda de nascimento, além de classes de idade da vaca ao parto em dias (classe 1, de 700 a 1.109; classe 2, de 1.110 a 1.519; classe 3, de 1.520 a 1.919 e classe 4, de 1.920 a 2.340), como covariável nos efeitos linear e quadrático.

Nos arquivos de dados para as análises de regressão aleatória MRA1 e MRA2 os grupos contemporâneos possuíam, no mínimo, três animais e registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos - mais ou menos três desvios-padrão foram excluídos. Após as restrições, o MRA1 ficou composto por 29.510 registros de 10.659 animais, filhos de 1.289 touros e 7.332 vacas e o MRA2 por 62.895 registros de 23.160 animais, filhos de 1.558 touros e 9.699 vacas. A matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright utilizada nas análises continha 41.904 animais.

Nas Tabelas 1 e 2 são apresentadas, respectivamente, as estatísticas descritivas dos arquivos MRA1 e MRA2. As estruturas dos arquivos MRA1 e MRA2, com relação ao número de registros por animal, estão apresentadas na Tabela 3. O número de registros e o peso corporal médio para cada idade dos arquivos MRA1 e MRA2 estão apresentados, respectivamente, nas Figuras 1 e 2.

Tabela 1 Estatística descritiva do arquivo MRA1 ao longo da curva de crescimento

Idade (dias)	N	Média (Kg)	DP (Kg)	CV (%)	Min (Kg)	Max (Kg)
60-149	6.236	129,73	29,89	23,04	63,57	218,54
150-299	7.938	220,20	49,45	22,45	106,33	352,85
300-419	6.070	331,93	77,03	23,20	166,80	550,49
420-499	3.666	385,17	89,39	23,21	183,96	641,73
500-619	3.468	438,03	100,26	22,89	210,5	758,35
620-811	2.132	530,44	125,09	23,58	250,93	955,15

Número de observações (N), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valor mínimo (Min) e valor máximo (Max).

Tabela 2 Estatística descritiva do arquivo MRA2 ao longo da curva de crescimento

Idade (dias)	N	Média (Kg)	DP (Kg)	CV (%)	Min (Kg)	Max (Kg)
60-149	13.102	137,77	28,10	20,40	107,19	172,12
150-299	16.585	223,70	46,82	20,93	106,21	353,5
300-419	13.090	334,74	72,23	21,58	166,8	550,49
420-499	7.930	387,29	83,88	21,66	183,86	641,73
500-619	7.551	443,49	95,28	21,48	209,69	758,35
620-811	4.637	534,94	117,56	21,98	249,50	955,15

Número de observações (N), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valor mínimo (Min) e valor máximo (Max).

Tabela 3 Estrutura dos arquivos MRA1 e MRA2, com relação ao número de registros por animal

Análise de dados	MRA1	MRA1	MRA2	MRA2
Registros	Número de animais	Porcentagem (%)	Número de animais	Porcentagem (%)
Total	10.659	100	23.160	100
Animais com 1 registro	2.915	27,35	6.473	27,95
Animais com 2 registros	2.401	22,53	5.433	23,46
Animais com 3 registros	1.938	18,18	4.352	18,79
Animais com 4 registros	1.624	15,23	3.243	14,00
Animais com 5 registros	1.203	11,29	2.426	10,48
Animais com 6 registros	578	5,42	1.233	5,32

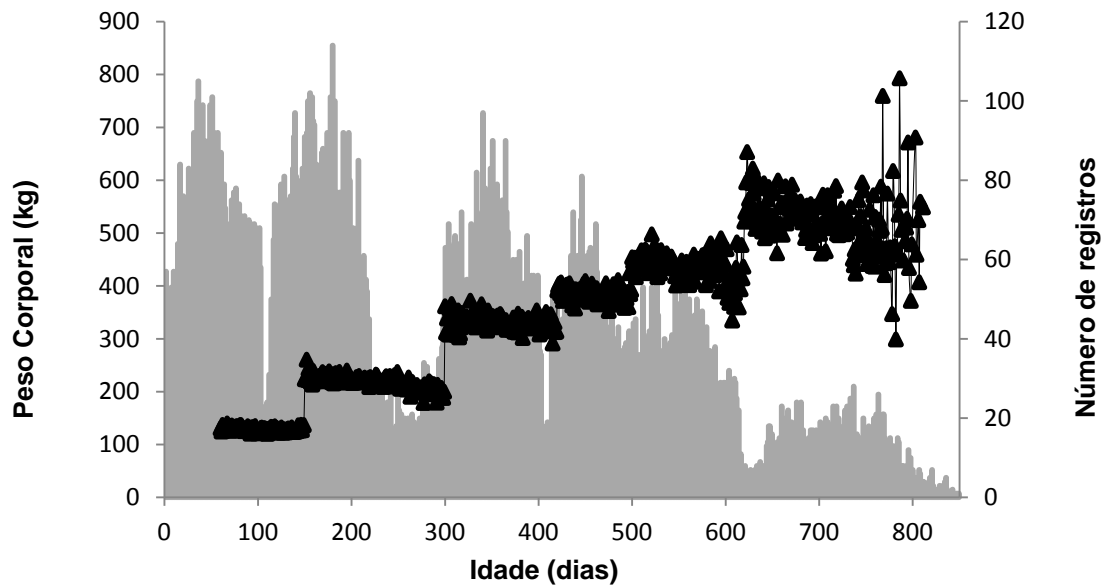


Figura 1 Número de registros (barras cinzas) e peso corporal médio (triângulos pretos) para as idades contidas no arquivo MRA1.

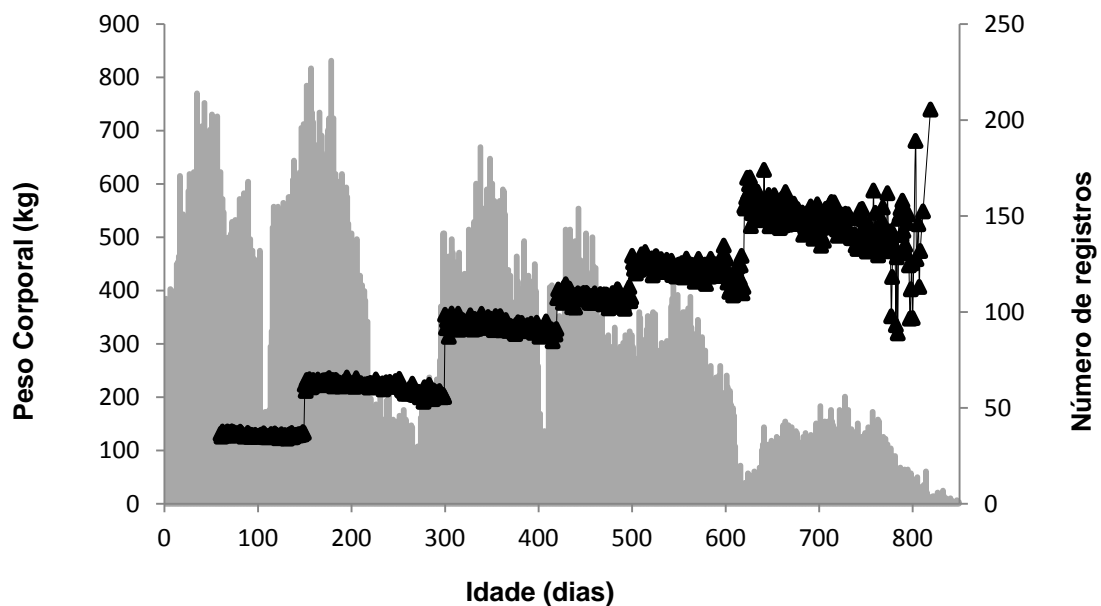


Figura 2 Número de registros (barras cinzas) e peso corporal médio (triângulos pretos) para as idades contidas no arquivo MRA2.

A organização e a análise de consistência dos arquivos de dados foram realizadas utilizando o *software* SAS e a estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram feitos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) - desenvolvido por Patterson & Thompson (1971), e obtidos pela utilização do programa WOMBAT, desenvolvido por

Meyer (2007), que utiliza os algoritmos AI, EM, DF e PX-EM. Foram consideradas as *prioris* do *default* do programa, como critério de convergência.

O WOMBAT pode ser definido como um programa que utiliza um particular algoritmo, para se encontrar o máximo da função de verossimilhança e, por padrão, o WOMBAT inicia as análises com o algoritmo AI, que propõe um aumento no ln de verossimilhança, a cada iteração, podendo utilizar algumas iterações com o algoritmo PX-EM, para facilitar a convergência. Contudo, o programa oferece opções de se utilizar os algoritmos de diferentes maneiras.

Modelo de regressão aleatória

As regressões fixas e aleatórias foram representadas por funções contínuas, e o modelo de regressão aleatória Leg33333_1, de ordem três para a curva de regressão fixa e para os efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, escolhido no capítulo 1 para modelar a estrutura das variâncias do peso, foi utilizado neste estudo.

O modelo de regressão aleatória foi assim descrito:

$$y_{ij} = F_{ij} + \sum_{m=0}^{k_{\beta}-1} \beta_m \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_d-1} d_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_m-1} m_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_{mp}-1} mp_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_p-1} p_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + e_{ij}$$

em que:

y_{ij} = peso no $j^{\text{ésimo}}$ dia do $i^{\text{ésimo}}$ animal;

F_{ij} = conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (sexo, rebanho, ano e estação de nascimento) e pela covariável classe de idade da vaca ao parto, considerando efeito linear e quadrático;

β_m = $m^{\text{ésimo}}$ coeficiente de regressão fixo da curva média de crescimento da população;

d_{im} , m_{im} , mp_{im} e p_{im} = coeficientes de regressão aleatória referentes aos efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno, de ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, respectivamente, para o $i^{\text{ésimo}}$ animal;

k_d , k_m , k_{mp} e k_p = ordens das funções de covariâncias utilizadas para descrever, respectivamente, os efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto;

a_{ij}^* = idade j do animal i;

$\phi_m(a_{ij}^*)$ = polinômios de Legendre avaliados para a_{ij}^* , para a regressão fixa e os efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, considerando as ordens das funções de covariâncias k_d , k_m , k_{mp} e k_p , respectivamente;

e_{ij} = efeito aleatório residual.

Na forma matricial, o modelo com suas respectivas pressuposições, pode ser descrito como:

$$y = X\beta + \Phi_1 d + \Phi_2 m + \Phi_3 mp + \Phi_4 p + e$$

Sendo o vetor y composto seqüencialmente por idades dentro de indivíduo, tem-se a seguinte estrutura de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ d \\ m \\ mp \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad V \begin{bmatrix} d \\ m \\ mp \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \otimes k_d & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & A \otimes k_m & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_{Nm} \otimes k_{mp} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_{Nd} \otimes k_p & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que:

y = vetor de observações;

β = vetor de efeitos fixos que contém os coeficientes β_m da regressão fixa;

d = vetor de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos;

m = vetor de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos maternos;

mp = vetor de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente materno;

p = vetor de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente direto;

e = vetor aleatório residual;

X, Φ_d , Φ_m , Φ_{mp} e Φ_p = matrizes de incidência para os coeficientes polinomiais dos efeitos fixos, genético aditivo direto, genético aditivo materno,

ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, respectivamente;

K_d , K_m , K_{mp} e K_p = matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, respectivamente;

A = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright entre os indivíduos;

I_{Nd} = matriz identidade de dimensão d (número de animais com registro);

I_{Nm} = matriz identidade de dimensão m (número de vacas com filhos com registro);

R = matriz diagonal de variâncias residuais;

\otimes = operador produto de Kronecker.

A covariância entre os efeitos genético aditivo direto e genético aditivo materno tanto para MMC quanto para MRA foi assumida como igual a zero.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com relação à variância genética direta (σ^2_d), esta foi similar em ambos os modelos (MRA1 e MRA2), com valores ligeiramente superiores em MRA1 e apresentando-se crescente ao longo da trajetória de crescimento (Figura 3). Estes resultados corroboram com os encontrados por Albuquerque e Meyer (2001) e Baldi Rey et al. (2010), que observaram comportamento crescente ao longo da curva de crescimento, trabalhando, respectivamente, com bovinos das raças Nelore e Canchim.

O menor número proporcional, de mães, por animais, em MRA2 pode ter ocasionado uma menor variação genética dos animais observada em MRA2. Contudo, em relação ao comportamento da curva, o mesmo foi observado tanto para MRA1 quanto MRA2, o que pode confirmar a viabilidade de inclusão de animais, oriundos de TE, nas avaliações genéticas da raça Simental.

Os componentes de (co)variância de ambiente permanente direto (σ^2_p) mostraram-se semelhantes durante toda a curva de crescimento, com MRA2 demonstrando ligeira superioridade nos valores deste componente. O comportamento de MRA1 e MRA2 foi crescente a partir dos 60 dias, porém, ambos depararam-se com uma queda próxima aos 100 dias de idade, antes de voltarem a apresentar comportamento linear (Figura 3). Boligon et al. (2010) e Menezes (2010), ao trabalharem com bovinos de corte das raças Nelore e Tabapuã, respectivamente, encontraram resultados análogos para a variância de ambiente permanente direto.

As estimativas do componente de variância genética materna (σ^2_m) tiveram, de modo geral, o mesmo comportamento, apresentando uma queda do componente em determinado intervalo da crescente trajetória de crescimento. Entretanto, essas quedas se deram em intervalos diferentes, próximo aos 60 dias em MRA1 e dos 260 dias de idade em MRA2. Os resultados observados em MRA2 são equivalentes aos de Menezes (2010) e Sousa Júnior et al. (2010) que encontraram um crescimento desse componente até os 240 dias de idade, com queda após esta idade e nova ascendência a partir dos 480 dias de idade.

Segundo Menezes (2010), esse comportamento crescente até em torno dos 240 dias é esperado, pelo fato de ser o período em que os animais sofrem

maiores influências de suas mães. Com isso, a queda observada em MRA1, próximo aos 60 dias, não foi esperada e pode ser explicada, provavelmente, pela dificuldade da função polinomial em fazer estimativas acuradas, no início e final da curva de crescimento.

Os resultados observados para o componente de ambiente permanente materno (σ^2_{mp}), para os dois modelos, foram divergentes no início e semelhantes a partir dos 240 dias da trajetória de crescimento dos animais. Enquanto, MRA2 apresentou comportamento linear durante toda a curva, em MRA1 foi observada uma oscilação de σ^2_{mp} , no início da mesma e um crescimento abrupto, a partir dos 480 dias de idade, não condizente com a realidade biológica (Figura 3).

Um ajuste não adequado nesses intervalos pode ter sido causado pelos problemas encontrados por modelos de regressão aleatória, na estimação de componentes de (co)variância, nas extremidades da trajetória de crescimento. Além disso, o baixo número de registros disponíveis no final da curva pode, também, ter sido o motivo do crescimento abrupto observado. Dias et al. (2006) encontraram resultados similares aos observados em MRA2, com crescimento contínuo do nascimento aos 550 dias de idade. Já em MRA1, Menezes (2010) também observou crescimento abrupto, a partir dos 480 dias de idade, porém, no início da curva de crescimento, observou comportamento divergente de MRA1 e similar a MRA2.

A estimativa de variância residual (σ^2_e) em MRA1 foi de magnitude superior em relação à estimativa de MRA2, isto pode indicar que, com inclusão de animais de TE, menores erros podem ser obtidos, com potencial ganho em acurácia.

O comportamento das variâncias fenotípicas (σ^2_f), em ambos os modelos, foi semelhante e crescente ao longo da trajetória, corroborando com os resultados encontrados em bovinos Tabapuã (Dias et al. 2006; Sousa Júnior et al., 2010; Menezes, 2010), Nelore (Boligon et al., 2010) e Canchim (Baldi Rey et al., 2010).

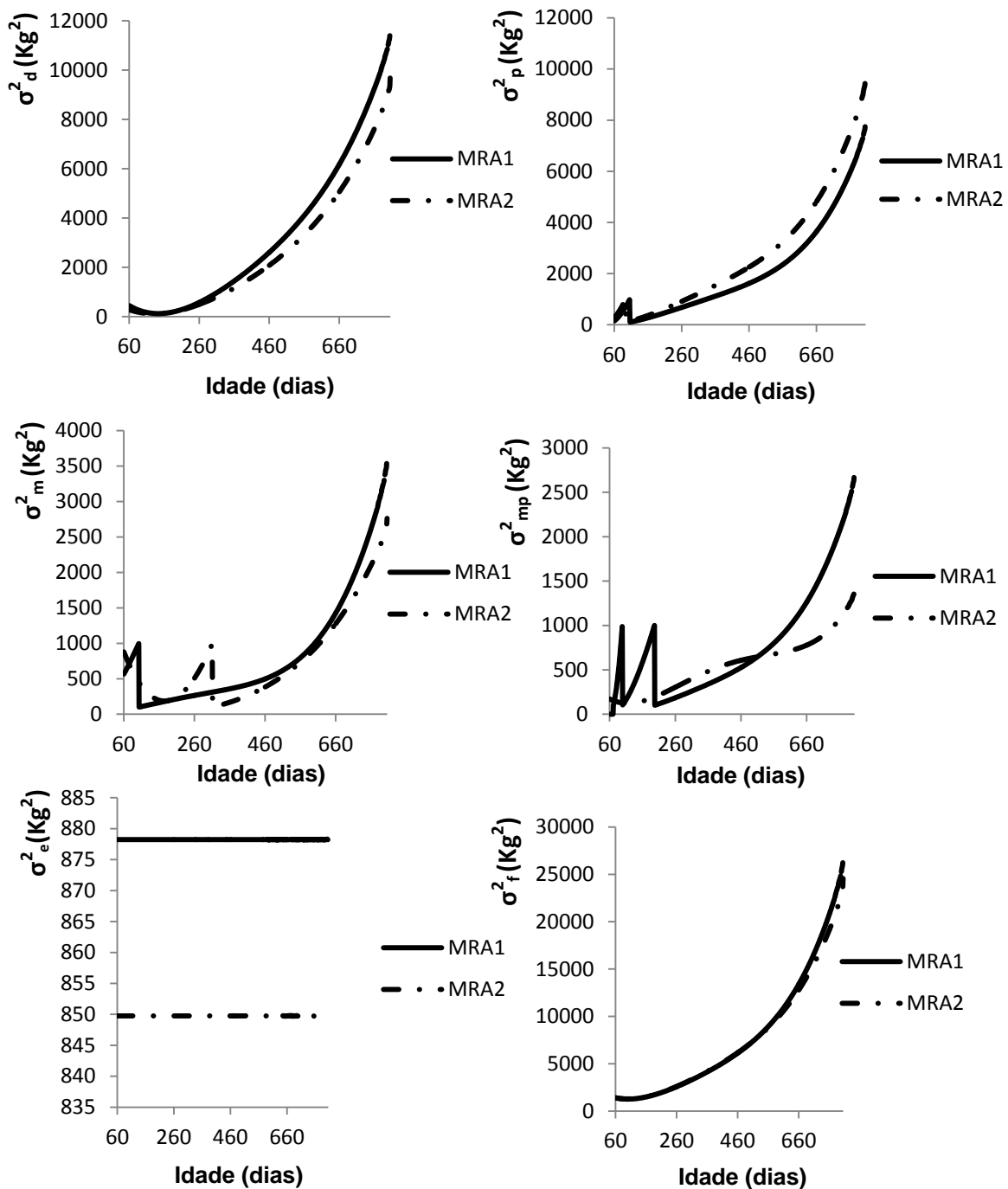


Figura 3 Variâncias genética aditiva direta (σ^2_d), de ambiente permanente direto (σ^2_p), genética aditiva materna (σ^2_m), de ambiente permanente materno (σ^2_{mp}), residual (σ^2_e) e fenotípica (σ^2_f) estimadas para os arquivos MRA1 (linha contínua) e MRA2 (linha segmentada) para peso corporal.

As estimativas de herdabilidades genéticas diretas (h^2_d) foram, de maneira geral, semelhantes nos dois modelos e de média magnitude, sendo que aquelas obtidas por MRA1 foram ligeiramente superiores às obtidas por MRA2. Estas herdabilidades decresceram, a partir dos 60 até próximo dos 200 dias, quando uma ascendência foi observada até mais ou menos os 600 dias de idade, onde um novo declínio se sucedeu (Figura 4). Tais resultados estão de acordo com os 0,071, 0,115, 0,148, 0,162, 0,156, 0,120, 0,073, respectivamente para os intervalos de, 63-113, 114-164, 165-215, 216-266, 267-317, 318-368 e 369-420 dias, apresentados por Krejcovà et al. (2007) que ao trabalharem com bovinos da raça Simental e utilizando polinômios de Legendre de terceira ordem, igualmente a este estudo, obtiveram o mesmo comportamento ao longo da curva de crescimento dos animais.

De acordo com a Figura 4, nas estimativas de herdabilidades genética materna (h^2_m), os comportamentos foram divergentes e em MRA1, h^2_m variou de 0,04 até 0,14, enquanto que em MRA2 esta variação foi de 0,01 à 0,11. Valores de mesma magnitude foram reportados por Menezes (2010) e Sousa Júnior et al. (2010) que encontraram, em bovinos Tabapuã, h^2_m em torno dos 0,10.

Ainda em relação à h^2_m , em ambos os modelos foi observada uma oscilação durante a trajetória, com ascendência, declínio e novo incremento. Todavia, em MRA1 o declínio iniciou-se por volta dos 240 dias até em torno dos 450, onde um novo acréscimo foi constatado. Já em MRA2, o declínio foi a partir dos 60 dias, com nova ascendência por volta dos 240. Os resultados podem indicar que a influência materna permanece, mesmo com o avançar da idade. Esse comportamento é divergente dos relatados por Baldi Rey et al. (2010) e Menezes (2010), que reportaram declínio de h^2_m , respectivamente, a partir de 400 e 240 dias de idade.

Para o componente de ambiente permanente direto, como proporção da variância fenotípica (p^2), MRA1 e MRA2 apresentaram similaridade no comportamento da curva, que foi crescente dos 60 até os 240 dias, com ligeiro decréscimo em torno dos 300 dias, e leve aumento até o final da curva de crescimento (Figura 4), coincidindo com os resultados observados por Boligon et al. (2009) em bovinos da raça Nelore, que encontraram estimativas de variância de ambiente permanente direto, como proporção da variância

fenotípica, variando de 0,40 a 0,60, crescente até os 300 dias, apresentando pequena redução, também em torno dos 300 dias de idade e, posteriormente, leve aumento até o final da trajetória.

As estimativas do componente de ambiente permanente materno (mp^2), como proporção da variância fenotípica, para o arquivo que incluía os animais oriundos da técnica de TE (MRA2), foram divergentes daqueles que os excluía das análises (MRA1). MRA1 apresentou crescimento contínuo ao longo da curva. Contudo, MRA2 apresentou uma oscilação, dos 60 aos 260 dias, idade a partir da qual se iniciou um declínio abrupto até o final da trajetória (Figura 4). Bilhassi et al. (2010) encontraram comportamentos contrastantes entre as estimativas de mp^2 : as que incluía e as que excluía animais de TE, em bovinos Simental.

O comportamento de mp^2 em MRA2 indica que o efeito causado pelo ambiente maternal, na fase pré-desmama, se dilui ao longo da vida do indivíduo, provavelmente, em virtude de outros fatores que o influenciam após esta fase. Esse resultado foi similar aos reportados por Baldi Rey et al. (2010) e Boligon et al. (2009), em diferentes raças de bovinos de corte, respectivamente, Canchim e Nelore. Sem explicação biológica para o comportamento de mp^2 em MRA1, a estrutura dos dados, possivelmente deve ser o motivo para esse crescimento abrupto e contínuo. Em bovinos Tabapuã, Menezes (2010) observou um crescimento íngreme e fora da realidade biológica, no final da curva de crescimento.

Com declínio a partir dos 100 dias de idade, as estimativas do componente residual como proporção da variância fenotípica (e^2) foram semelhantes em MRA1 e MRA2 e levemente inferiores, em MRA2. Valores de magnitude inferior para MRA2 podem indicar potencial ganho em acurácia se estes animais forem incluídos nas análises. Já, desta igualdade de comportamento, pode-se inferir que a utilização de animais de TE, desde que com a utilização de metodologias apropriadas, é viável na avaliação genética de bovinos da raça Simental (Figura 4).

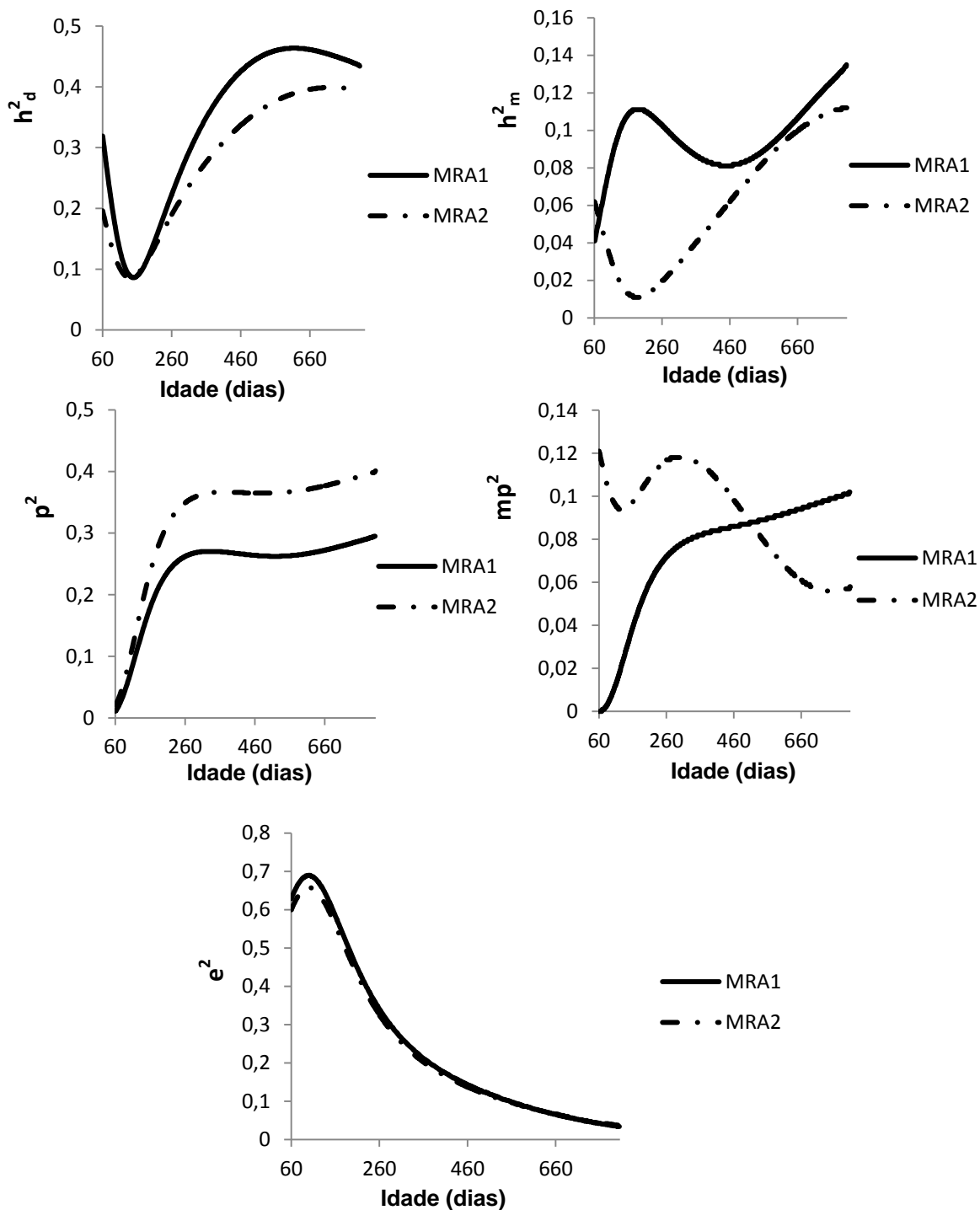


Figura 4 Herdabilidades direta (h^2_d), materna (h^2_m), e proporções das variâncias de ambiente permanente direto (p^2), de ambiente permanente materno (mp^2), residual (e^2) em relação à variância fenotípica total, obtidas para os arquivos MRA1(linha contínua) e MRA2 (linha segmentada), para peso corporal.

As estimativas de correlações genéticas diretas para os modelos MRA1 e MRA2 estão apresentadas na Figura 5. E como pode ser observado, essas correlações foram, de forma geral, de média a alta magnitude, positivas e maiores em idades mais próximas, corroborando com os resultados comumente reportados na literatura (Nephawe, 2004; Boligon et al., 2009; Baldi Rey et al., 2010; Menezes, 2010). Tais resultados, segundo Boligon et al. (2009), sugerem que a seleção para pesos, em qualquer idade, deve alterar o peso adulto na mesma direção, no entanto, quanto mais tarde a seleção for realizada, maior é a correlação com o peso adulto.

Nesses resultados, uma exceção deve ser feita às idades P60 e P100, para todos os componentes de (co)variância onde foram observadas correlações negativas entre essas e as demais idades analisadas. Problemas com a função polinomial em estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, nas extremidades da trajetória, podem ter causado essas correlações, que em tese, não são esperadas, uma vez que existe dependência estrutural da característica, que é soma do ganho de peso ao longo da vida do animal, diferentemente das demais características longitudinais, que não se acumulam ao longo da vida do animal.

As correlações de ambiente permanente direto foram similares em MRA1 e MRA2 e também se distanciaram da unidade, à medida que as idades se distanciavam, sendo menores e até mesmo negativas, nas extremidades da curva de crescimento (Figura 6). Baldi Rey et al. (2010) reportaram correlações de ambiente permanente direto, maiores em idades mais próximas e, em geral, de mesma magnitude às correlações encontradas no presente estudo. Já ARANGO et al. (2004) estimaram correlações de ambiente permanente direto, em idades intermediárias, com valores oscilantes, porém, em geral, próximos a 0,60, e ainda menores correlações entre idades extremas.

Altos valores de correlações de ambiente permanente direto foram obtidos para pesos aos 100 e 240 dias de idade (acima de 0,83 para MRA1 e de 0,70 para MRA2), e de P450 até o final da trajetória estudada, com valores superiores a 0,64 em MRA1 e 0,68 em MRA2. Estes resultados são de maior magnitude em relação aos observados por Boligon et al. (2009), que encontraram valores variando de 0,60 a 0,79 entre as idades do nascimento

aos 540 dias de idade e de 0,56 a 0,84 dos 730 dias, até o final do período estudado.

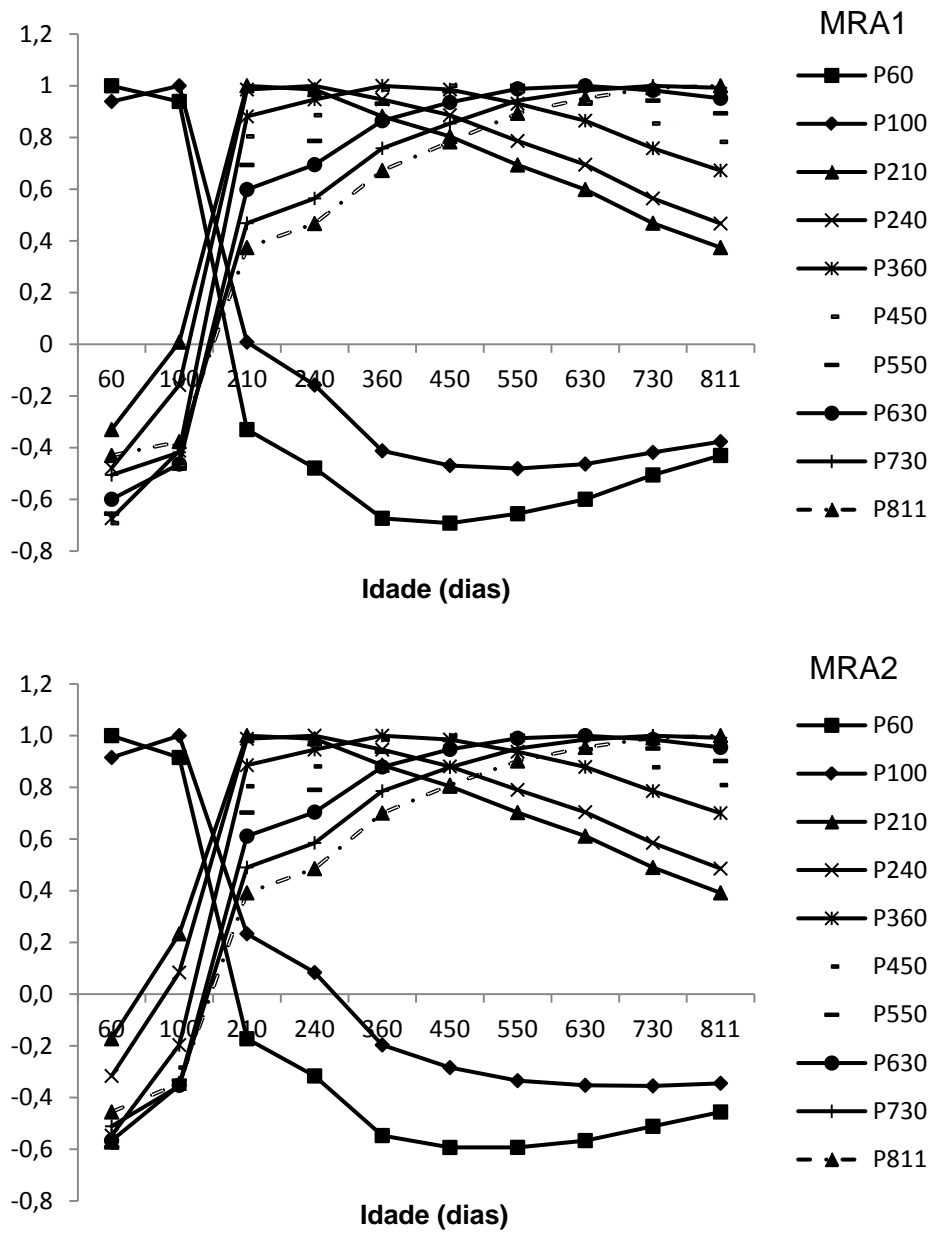


Figura 5 Estimativas de correlações genéticas aditivas diretas para peso corporal, em diferentes idades para os modelos MRA1 e MRA2.

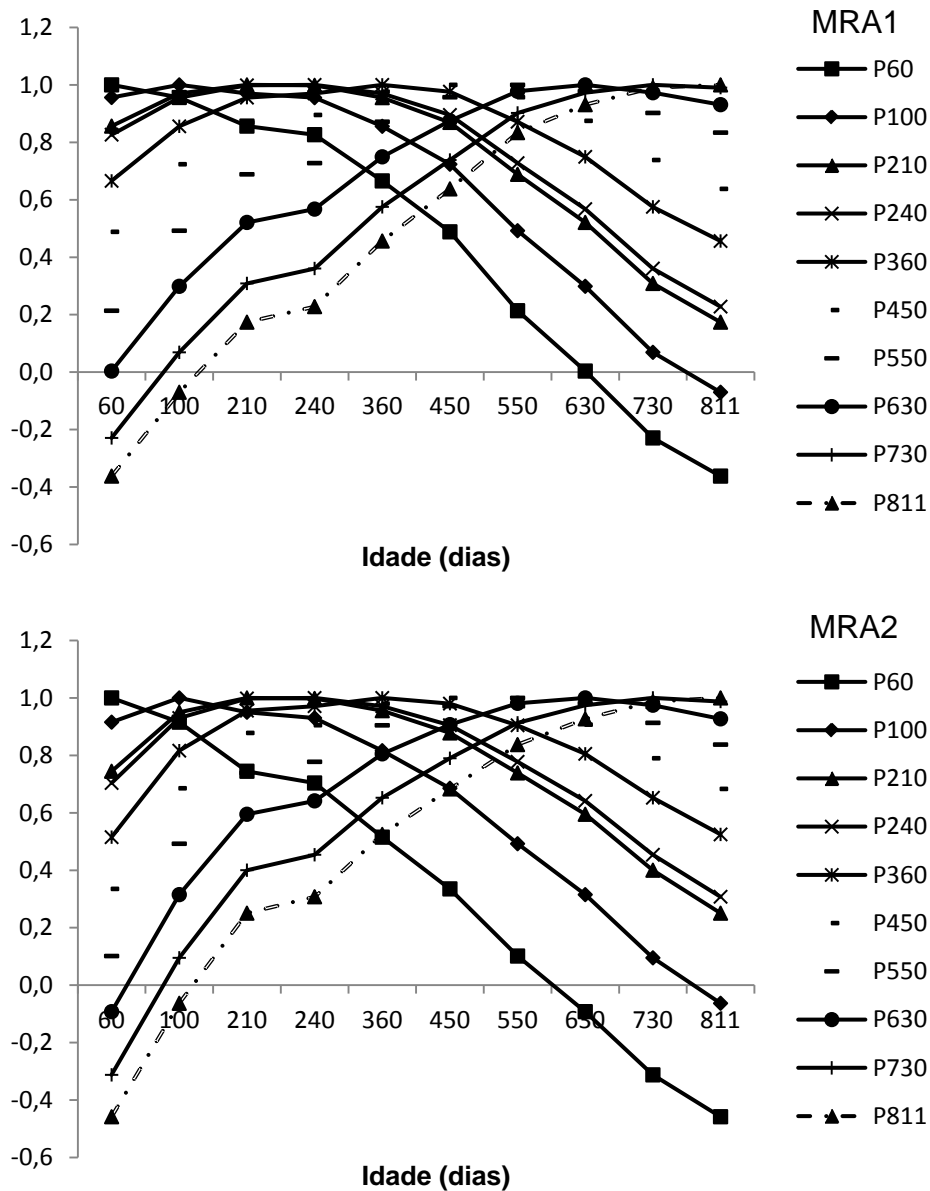


Figura 6 Estimativas de correlações de ambiente permanente direto para peso corporal, em diferentes idades para os modelos MRA1 e MRA2.

Como pode ser observado na Figura 7, as estimativas de correlações genéticas aditivas maternas foram, de modo geral, semelhantes e se distanciaram à medida que as idades também se distanciavam, gerando tanto estimativas altas e positivas, principalmente, em idades adjacentes, quanto estimativas negativas entre idades mais distantes, na trajetória de crescimento dos animais.

Altos valores encontrados entre as idades P100, P240 e P360 podem indicar que os mesmos genes controlam os efeitos maternos, para peso a

estas idades (Boligon et al., 2010) e corroboram com os resultados encontrados por (Dias et al., 2006; Sousa Júnior et al., 2010; Menezes, 2010), em bovinos Tabapuã, por (Nobre et al., 2003; Boligon et al., 2009), na raça Nelore e Baldi Rey et al. (2010), em bovinos da raça Canchim. Contudo, valores negativos, reportados para idades mais distantes no presente trabalho, divergem dos trabalhos da literatura (Nobre et al., 2003; Baldi Rey et al. 2010; Menezes, 2010). A dificuldade da função polinomial, em estimar parâmetros genéticos nas extremidades da trajetória, pode ter ocasionado tais correlações não compatíveis com aspectos biológicos de bovinos de corte.

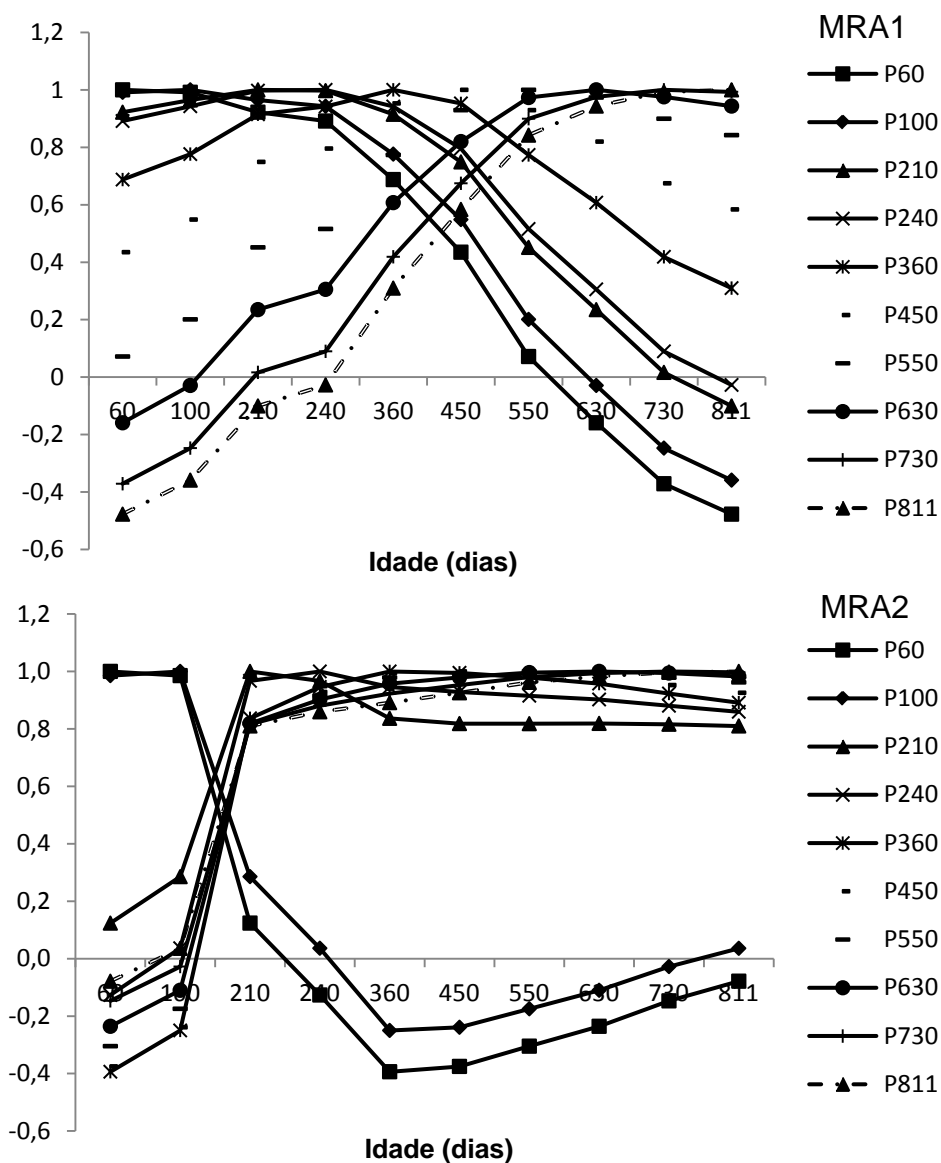


Figura 7 Estimativas de correlações genéticas aditivas materna para peso corporal, em diferentes idades para os modelos MRA1 e MRA2.

Com exceção para os pesos aos 60 e 100 dias, onde correlações negativas foram observadas em MRA2, ambos os modelos (MRA1 e MRA2) geraram correlações de ambiente permanente materno, de magnitudes semelhantes entre si, para as idades avaliadas, com menores valores em idades mais distantes, sendo maiores, principalmente, entre as idades até a desmama (Figura 8).

Tais resultados estão de acordo com os reportados por Menezes (2010) que também encontrou correlações de menor magnitude, à medida que as idades se distanciavam e contrastam com os reportados por Dias et al. (2006) e Baldi Rey et al. (2010), que encontraram, respectivamente, em bovinos da raça Tabapuã e Canchim, estimativas, de maneira geral, próximas à unidade. Valores de média a alta magnitude encontrados até a desmama, podem sugerir a importância de fêmeas com excelente habilidade materna, pelo indicativo de que os efeitos gerados pelo ambiente proporcionado pela mãe, durante a fase pré-desmama, é importante ao longo da vida do animal (Menezes, 2010).

Como pode ser observado na Figura 9, as correlações fenotípicas para ambos os modelos foram similares e menores, à medida que as idades se distanciavam, chegando a gerar correlações negativas para P60 e P100 e as demais idades, talvez devido a problemas com a função polinomial. Marques et al. (2000), ao trabalharem com animais da raça Simental, em análises bicaracterísticas, encontraram valores de maior magnitude em idades mais próximas, como por exemplo, 0,74 entre as idades 205 e 100 dias e 0,64 entre 205 e 550 dias de idade.

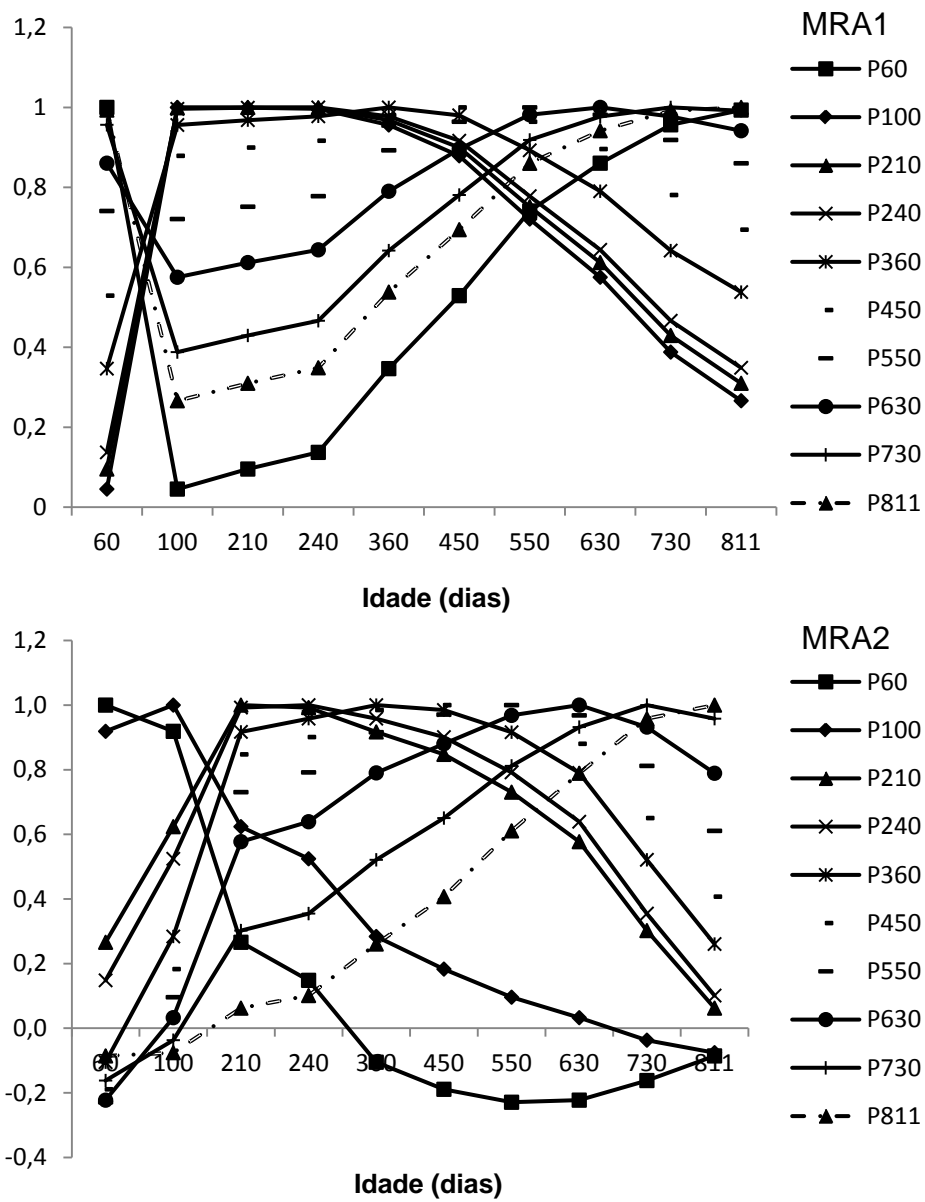


Figura 8 Estimativas de correlações de ambiente permanente materno para peso corporal, em diferentes idades para os modelos MRA1 e MRA2.

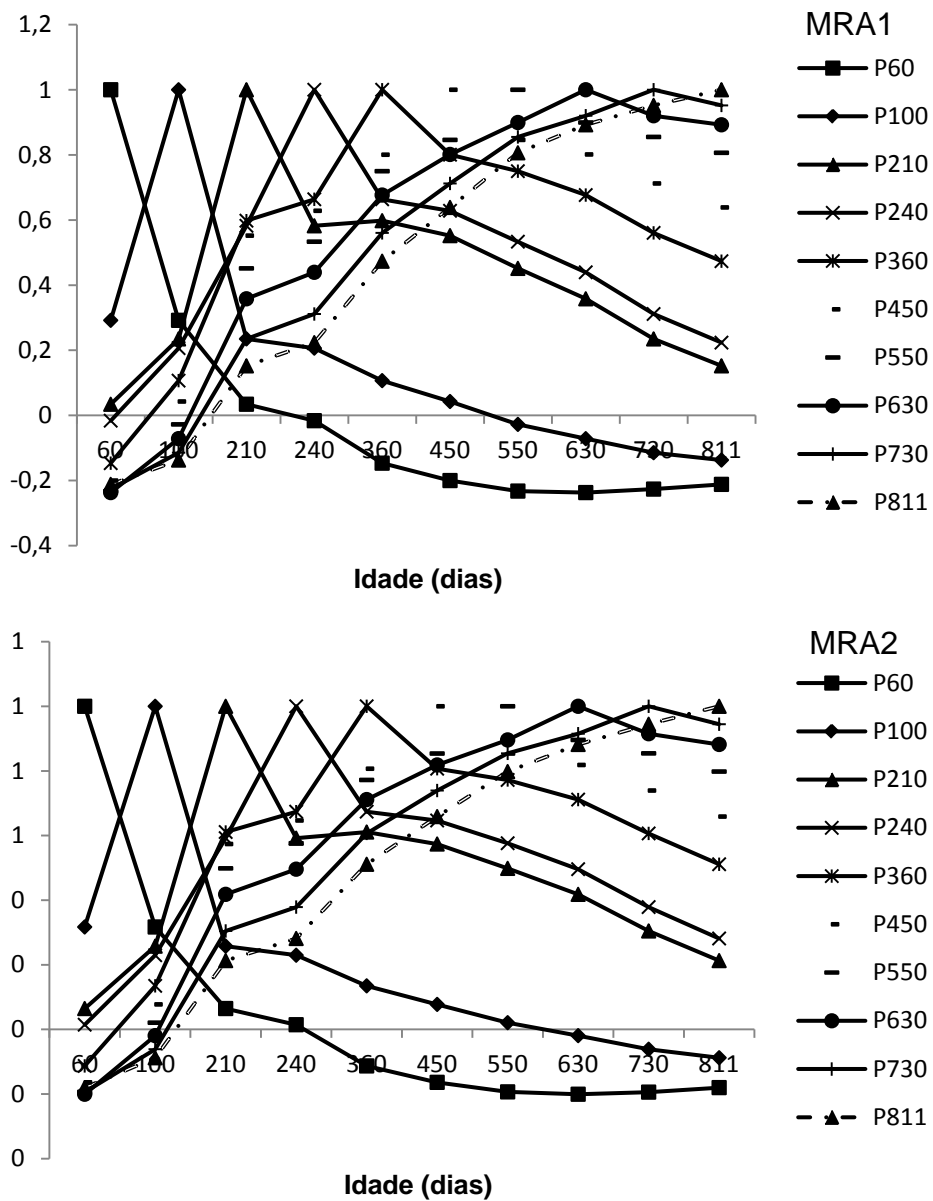


Figura 9 Estimativas de correlações fenotípicas para peso corporal, em diferentes idades para os modelos MRA1 e MRA2.

CONCLUSÕES

A inclusão de animais oriundos da técnica de transferência de embriões, no processo de avaliação genética, pode ser feita utilizando-se modelos de regressão aleatória, visto que a inclusão destes animais proporcionaria um potencial ganho em acurácia e maiores ganhos genéticos, por unidade de tempo, em razão da redução do intervalo de gerações que pode ser obtido pelo uso desta técnica reprodutiva.

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.
- ANDRADE, J.C.O.; OLIVEIRA, M.A.L.; LIMA, P.F. Use steroid hormone treatments prior to superovulation in Nelore donors. **Animal Reproduction Science**, v.69, p.9-14, 2002.
- ARANGO J.A.; CUNDIFF L.V.; VAN VLECK L.D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.
- BALDI REY, F.S.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M. Random regression models on Legendre polynomials to estimate genetic parameters for weights from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.127, p.289-299, 2010.
- BILHASSI T.B.; NETO F.R.A.; DIAZ I.D.P. et al. Efeito da inclusão de animais providos de transferência de embriões na avaliação genética de medidas ponderais na raça Simental. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8., 2010. Maringá - PR. **Anais...** Maringá - PR, 2010.
- BOLIGON, A.A.; MERCADANTE, M.E.Z.; BALDI REY, F.S. et al. Multi-trait and random regression mature weight heritability and breeding value estimates in Nelore cattle. **South African Journal of Animal Science**, v.39, p.145-148, 2009.
- BOLIGON, A.A.; MERCADANTE, M.E.Z.; FORNI, S. et al. Covariance functions for body weight from birth to maturity in Nellore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 2010.
- DE BEM, A.R.; RUMPF, R.; SOUSA, R.V. et al. **Manual sobre transferência e micromanipulação de embriões nas espécies bovina e eqüina**. Brasília (DF): EMBRAPA-CENARGEN, 1995. 123p.
- DEMCZUK, E.; KOZICKI, L.E.; PONTELLI, E.S. et al. Transferência de embrião em vacas da raça Simental na região noroeste do Paraná e Sul do Mato Grosso do Sul. **Brazilian Journal Veterinary Research Animal Science**, v.35, p.174-177, 1998.
- DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H. et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.1915-1925, 2006.

- DOBRINSKY, J.R. Embryo preservation and transfer technology for swine production. **Journal of Animal Science**, v.79, p.31, 2001.
- KREJCOVÁ H.; MIELENZ N.; PRIBYL J. et al. Estimation of Genetic Parameters for Daily Gains of Bulls with Multi-Trait and Random Regression Models. **Archiv Tierzucht**, v.50, p.37-46, 2007.
- MARQUES, L.F.A.; PEREIRA, J.C.C.; OLIVEIRA, H.N. et al. Análise de característica de crescimento da raça Simental. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.52, p. 527-533, 2000.
- MENEZES,G.R.O. **Uso de polinômios segmentados na modelagem de dados longitudinais de ponderal em bovinos da raça tabapuã**. Viçosa, UFV, 2010. 99p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2010.
- MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using random regression model. **Genetics Selection Evolution**, v.30, p.221-240, 1998.
- MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. **Journal Zhejiang University SCIENCE B**, v.8, p. 815–821, 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, p.166-173, 2004.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrics**, v.58. p545-554, 1971.
- SAS Institute Inc. **SAS/STAT® 9.0 User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc, 2004.
- SOUSA JÚNIOR, S.C.S.; OLIVEIRA, S.M.P.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.1037-1045, 2010.

VAN VLECK, L.D. Alternative animal models with maternal effects and foster dams. **Journal of Animal Science**, v.68, p.4026-4038, 1990.